

Construction of a high-density genetic linkage map and mapping of quantitative trait loci for growth-related traits in silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*)

Xinhua Wang^{1,2}, Haiyang Liu², Meixia Pang², Beide Fu², Xiaomu Yu², Shunping He³ & Jingou Tong²

¹College of Animal Science and Technology, Henan University of Animal Husbandry and Economy, Zhengzhou, 450046, China.

²State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Innovation Academy of Seed Design, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, 430072, China.

³Key Laboratory of Aquatic Biodiversity and Conservation of the CAS, Institute of Hydrobiology, the Chinese Academy of Sciences, Wuhan, 430072, China.

Correspondence and requests for materials should be addressed to Tong JG (email: jgtong@ihb.ac.cn).

Supplementary information legends:

Supplementary Fig. A1 A genome scan of LOD profiles for body length (BL), body height (BH), head length (HL) and body weight (BW) measured at 6 months post hatch for silver carp. The red solid line indicated the genome-wide significance thresholds.

Supplementary Fig. A2 A genome scan of LOD profiles for body length (BL), body height (BH), head length (HL) and body weight (BW) measured at 12 months post hatch for silver carp.

Supplementary Fig. A3 A genome scan of LOD profiles for body length (BL), body height (BH), head length (HL) and body weight (BW) measured at 18 months post hatch for silver carp.

Supplementary Table A1 Phenotypic parameters of silver carp at different growth stages.

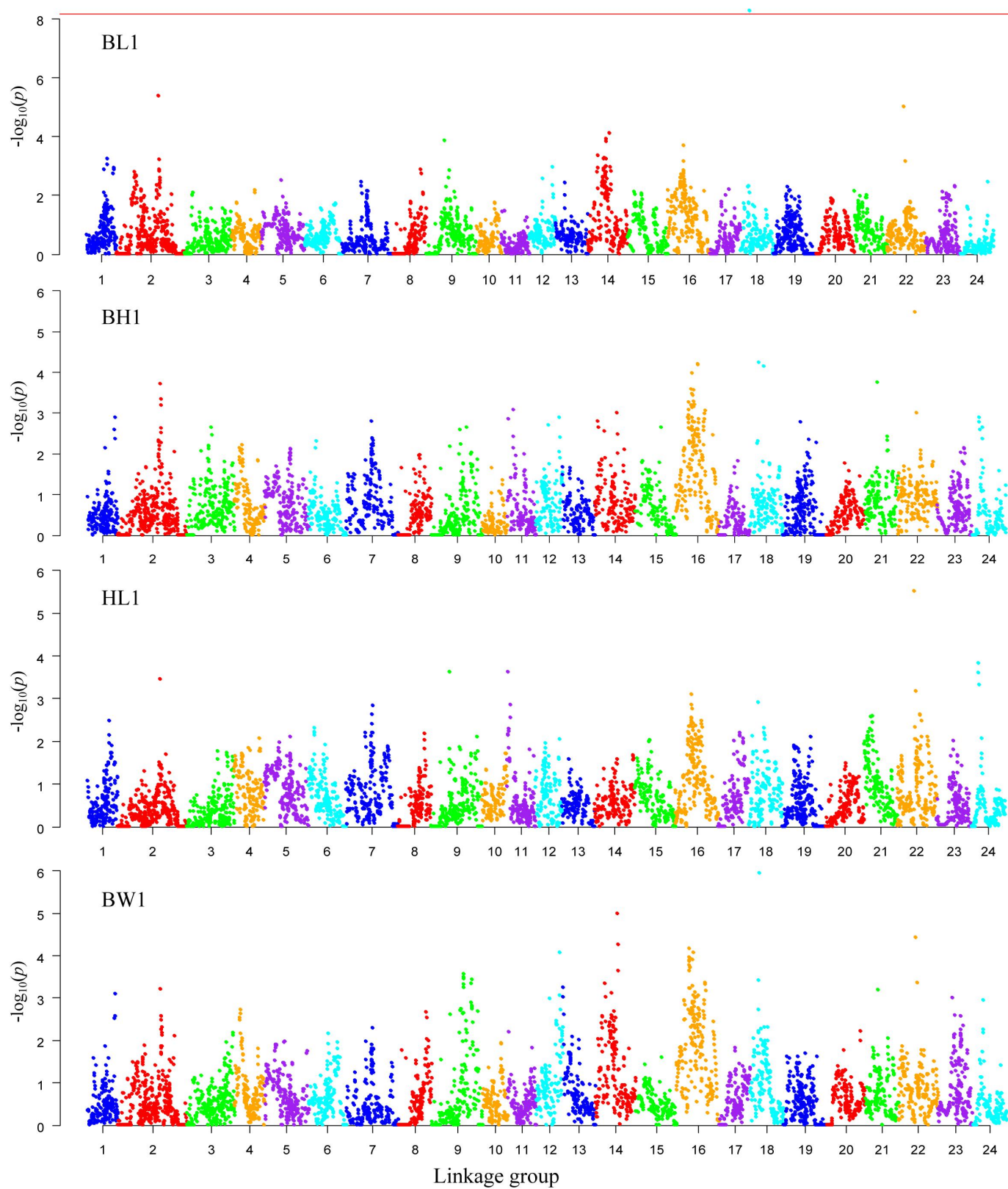
Supplementary Table A2 Detail information of markers located in the high-resolution genetic linkage map of silver carp and the genome of zebrafish.

Supplementary Table A3 The markers within confidence intervals of QTLs for growth traits in silver carp and the potential candidate genes detected from the genome of zebrafish.

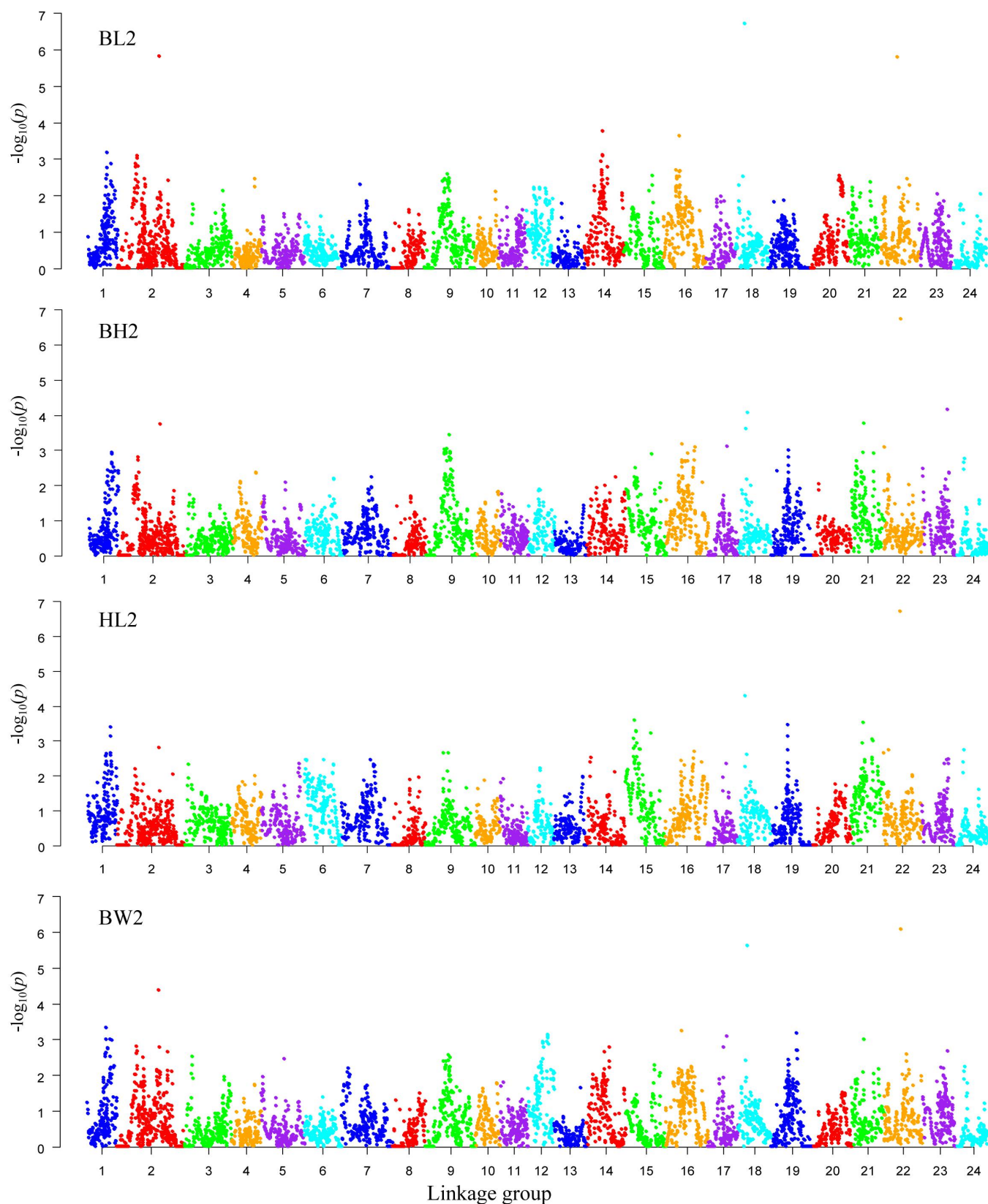
Supplementary Table A4 Primers for polymorphism identification and expression analysis of *hepcidin* in silver carp.

Supplementary Table A5 Association analysis between genotypes of *hepcidin*-g.752C>T and growth traits in two silver carp populations.

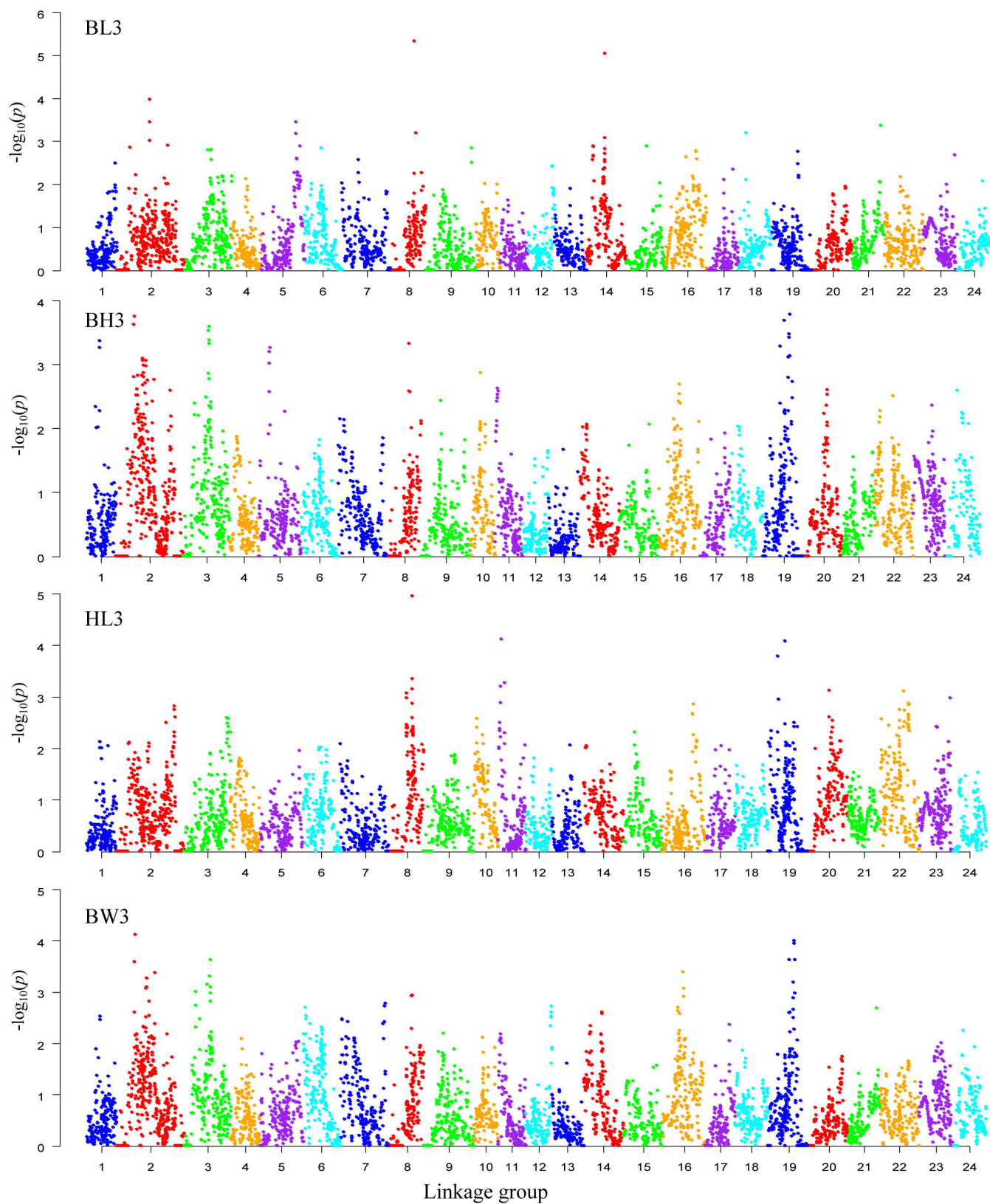
Supplementary Fig. A1 A genome scan of LOD profiles for body length (BL), body height (BH), head length (HL) and body weight (BW) measured at 6 months post hatch for silver carp. The red solid line indicated the genome-wide significance thresholds.



Supplementary Fig. A2 A genome scan of LOD profiles for body length (BL), body height (BH), head length (HL) and body weight (BW) measured at 12 months post hatch for silver carp.



Supplementary Fig. A3 A genome scan of LOD profiles for body length (BL), body height (BH), head length (HL) and body weight (BW) measured at 18 months post hatch for silver carp.



Supplementary Table A1 Phenotypic parameters of silver carp at different growth stages.

Progeny	PIT tags No.	Growth traits at 6 months post hatch				Growth traits at 12 months post hatch				Growth traits at 18 months post hatch			
		BL1, cm	BH1, cm	HL1, cm	BW1, g	BL2, cm	BH2, cm	HL2, cm	BW2, g	BL3, cm	BH3, cm	HL3, cm	BW3, g
1	618000619001962	17.6	5.3	5.3	105	22.4	6.6	7	190.4	--	--	--	--
2	618000619001984	18.3	5.4	5.3	115	23.3	7	7.2	221	--	--	--	--
3	618000619001951	17.5	5	5.2	104	22.3	6.3	6.3	182.5	--	--	--	--
4	618000619001902	18.1	5.2	5.3	100	23.1	6.7	6.8	203.6	--	--	--	--
5	618000619001996	17.8	5.1	5.2	98	22.1	6.5	6.5	193.3	35.3	9.9	10.3	732.7
6	618000619001943	18.4	5.4	5.3	109	23.6	6.7	7	215.7	36	9.9	11.3	760.3
7	618000619001987	18.2	5.3	5	107	22.7	6.6	6.7	211.5	35.1	9.7	9.9	744
8	618000619001944	18.3	5.4	5.4	111	23.5	6.9	6.9	227.5	35	9.9	10.2	736.1
9	618000619001979	17.8	5.4	5.2	109	22.8	7	7.2	231.7	--	--	--	--
10	618000619001233	16.3	4.8	4.7	73	21.4	6.3	6.5	175.2	--	--	--	--
11	618000619001926	16.7	5	5.1	84	21.3	6.4	6.7	179	--	--	--	--
12	618000619001916	17.3	5	5.1	81	21.7	6.5	6.7	183.6	33.4	9.3	10.3	625
13	618000619001977	18.1	5	5.2	99	22.7	6.7	7	204.1	34.3	9.2	10.5	663.4
14	618000619001955	17.9	5.1	5.3	94	22.8	6.6	7.1	194.2	35.3	9.7	10.2	682.1
15	618000619001995	18.1	5.3	5.2	101	23.3	6.8	7.1	212.1	34.1	9.4	10.2	648.9
16	618000619001609	17.2	5.2	5	95	21.8	6.6	6.9	189	--	--	--	--
17	618000619001498	17.5	5	4.9	91	21.3	6.3	6.3	170.9	33.9	9.3	10.1	660.5
18	618000619001494	17.7	5	5.2	92	23.1	6.8	7	216.8	--	--	--	--
19	618000619001696	17.2	4.9	4.8	84	21.6	6.4	6.4	173.7	33	8.8	10	577
20	618000619001658	17.3	5.1	4.9	80	21.7	6.4	6.6	180.2	--	--	--	--
21	618000619001495	16.7	5.1	5.2	93	21.9	6.4	6.5	199.1	34.3	9.7	10.3	685.8
22	618000619001497	17.8	5.3	5.2	93	23.1	6.8	7	204.4	--	--	--	--
23	618000619001453	17.4	5	5.1	88	21.8	6.4	6.5	171.8	--	--	--	--
24	618000619001607	17.9	5	5.2	97	22.8	6.9	6.9	207.5	34.9	9.5	10.4	700.1
25	618000619001481	18	5.1	5.1	99	22.7	6.6	6.8	193.5	--	--	--	--
26	618000619001496	15.3	4.8	4.7	67	19.4	6	6.2	139.4	29.5	8.6	9.6	467.4

27	618000619001470	18.1	5.3	5.4	104	23.4	6.8	7.1	218.7	35.4	9.6	10.3	714.5
28	618000619001458	16.9	4.9	5	85	21.3	6.4	6.6	168.8	--	--	--	--
29	618000619001468	17.3	5	5.1	92	22.3	6.7	6.7	200.1	34.5	10	10.8	722.7
30	618000619001591	17.7	5	5.2	96	23.3	7	7.4	223.7	--	--	--	--
31	618000619001602	17.8	5.1	5.2	97	22.3	6.5	6.5	191.6	32.8	8.9	10.2	594.7
32	618000619001624	17.5	4.9	4.9	90	22.3	6.5	6.7	180.9	33.8	9.1	9.7	611.3
33	618000619001667	17.7	5	5.1	95	22.8	6.6	6.8	217.9	--	--	--	--
34	618000619001518	17.2	5	5.1	90	21.4	6.3	6.5	175.6	34.8	9.8	11.2	679.3
35	618000619001519	17.8	5.1	5.3	95	22.1	6.5	6.8	174.9	34	9.6	10.3	654.2
36	618000619001577	17.6	5.1	5	94	22.7	6.7	6.9	184.6	34.3	9.4	9.9	653
37	618000619001585	18	5.2	5.2	98	21.7	6.5	6.7	179.2	35	9.7	10.3	697.1
38	618000619001588	17.6	5.1	5	93	22.4	6.6	6.6	194.9	34.1	9.7	10.3	660.4
39	618000619001570	17.6	4.9	4.8	89	22.5	6.4	6.7	191.8	--	--	--	--
40	618000619001545	16.2	4.7	4.6	76	21.3	6.4	6.7	172.3	--	--	--	--
41	618000619001640	17.3	4.8	5	87	22.2	6.5	6.7	189.9	--	--	--	--
42	618000619001368	17.3	4.9	4.9	88	22	6.4	6.7	182.1	34.5	9.9	10.3	707.8
43	618000619001655	18	5.2	5.2	105	23.1	6.8	7	214.9	33.6	9.3	10.2	654.1
44	618000619001482	17.5	4.9	5.1	101	22.3	6.6	6.6	187.9	34.2	9.4	10.1	661.5
45	618000619001522	17.3	5	5.1	94	21.7	6.4	6.8	184.2	34.2	9.7	10.1	692.5
46	618000619001618	17.7	5.1	5.2	99	22.6	6.7	6.9	200.2	34	9.5	10.6	656.4
47	618000619001537	17.9	5.1	5.2	96	23.1	6.8	6.9	211.4	35.8	9.9	10.7	782.3
48	618000619001598	17.2	4.8	5	85	21.7	6.3	6.7	173.6	34.5	9.6	10.7	663.3
49	618000619001534	18.4	5.2	5.3	103	23.2	6.8	6.9	203.5	--	--	--	--
50	618000619001574	17.5	5	5.4	92	22.5	6.3	6.7	186.5	--	--	--	--
51	618000619001685	18.3	5.2	5.4	104	23.2	6.7	7.2	206.4	36.2	10	10.9	761.7
52	618000619001590	17.4	5	5.1	82	21.2	6.4	6.4	166.6	32.1	8.9	10	561.9
53	618000619001692	17.3	5	5.2	87	22.1	6.6	6.7	192.2	34.4	9.9	10.1	722.7
54	618000619001507	16.7	4.9	5	82	21.3	6.4	6.6	164.6	--	--	--	--
55	618000619001663	17.9	5.1	5.2	92	22.9	6.8	6.9	199.6	--	--	--	--

56	618000619001516	17.2	5	5.1	83	22	6.3	6.3	173.9	--	--	--	--
57	618000619001565	18.2	5.3	5.4	102	23.2	6.8	6.8	220.1	34.5	9.6	10.1	706.2
58	618000619001517	17.2	5	5	87	22.1	6.5	6.6	177.1	--	--	--	--
59	618000619001596	17.3	4.9	5.1	84	21.7	6.4	6.6	186.1	33.7	9.1	10.2	638
60	618000619001463	17.5	5	5.2	93	22.4	6.7	7	195.4	34.4	9.7	10.1	704.5
61	618000619001600	17.1	5	5.1	83	22.4	6.8	7.1	202.5	33.7	9.8	10.2	662.8
62	618000619001657	17.3	4.9	5.2	92	22.3	6.6	6.9	193.8	33.5	9.3	10.5	651.5
63	618000619001462	18.1	5.3	5.2	103	23.4	7	7.4	229.1	--	--	--	--
64	618000619001459	17.9	5.3	5.3	98	23	6.8	7.2	208.5	32.4	8.9	9.8	572.3
65	618000619001668	18.1	5.2	5.3	99	23.4	6.8	6.9	226	36.3	9.8	10.8	779
66	618000619001611	17.2	4.9	4.9	86	21.8	6.4	6.6	175.3	--	--	--	--
67	618000619001505	17.3	5	5.1	86	22.1	6.7	6.6	179.9	33.7	9.7	10.3	675.9
68	618000619001572	17.4	5.1	5.2	89	21.6	6.5	6.7	167.7	33.7	9.6	10.1	635.4
69	618000619001589	17.3	5	5.1	90	22.3	6.7	6.8	195.2	33.7	9.3	10.3	634.1
70	618000619001671	17.9	5.1	5.4	91	22.9	6.7	6.7	210.7	34.8	9.7	11.1	714.1
71	618000619001622	17.5	5.1	5.2	91	22.7	6.8	6.8	198.8	--	--	--	--
72	618000619001464	17.7	5	5.1	89	22.9	6.5	6.9	194.1	34.3	9.2	10	669
73	618000619001443	17.7	5	5	94	22.7	6.6	6.9	212.5	34.7	9.5	10.1	694
74	618000619001434	16.3	4.7	4.9	74	20.9	6.1	6.4	167.9	--	--	--	--
75	618000619001444	17.6	5.1	5.2	92	22.8	6.9	7	215	--	--	--	--
76	618000619001421	17.7	5.1	5	94	23.2	6.8	7	214.2	--	--	--	--
77	618000619001429	17.6	5.1	5	94	22.3	6.5	6.6	191.9	--	--	--	--
78	618000619001447	17.6	5.1	5.3	85	22.4	6.7	7.1	190.8	33.6	9.5	10.7	651.8
79	618000619001760	12.7	3.8	3.9	32	16.1	4.9	5.3	70.5	--	--	--	--
80	618000619001780	17.8	5.1	5.2	97	23.1	6.8	6.9	209.7	--	--	--	--
81	618000619001436	17.4	5.1	5	93	22	6.6	6.7	192.9	34.5	9.8	10.2	724
82	618000619001412	17.8	5.2	5.1	98	23.2	7	7.4	211	--	--	--	--
83	618000619001753	18.1	5.1	5.3	92	22.3	6.5	6.6	197.6	--	--	--	--
84	618000619001433	17.6	5.2	5.1	91	22.3	6.9	6.9	211.5	34.3	10	10.5	750

85	618000619001415	17.5	4.9	4.8	92	21.4	6.2	6.5	166.2	34.4	9.2	10.2	669.3
86	618000619001437	17.9	5.1	5.2	99	22.7	6.8	6.8	208	35.8	9.8	11.4	736.4
87	618000619001411	17.2	4.8	4.9	84	22.3	6.6	6.8	188	--	--	--	--
88	618000619001449	17.7	5	5.1	93	22.8	6.8	6.9	206	--	--	--	--
89	618000619001414	17.1	4.9	5.1	81	21.7	6.6	6.7	183.9	33.3	9.6	10.2	653.1
90	618000619001423	17.5	5.1	4.9	93	22.5	6.9	6.9	201.1	35	9.8	10.2	712.6
91	618000619001446	17	4.9	4.8	74	21.7	6.5	7	179.5	--	--	--	--
92	618000619001416	17.5	5	5.1	94	22.3	6.5	6.8	185.3	--	--	--	--
93	618000619001417	18.2	5.2	5.1	97	23.4	6.8	6.8	223.8	36.5	10.2	10.8	802
94	618000619001774	17.7	5.1	5.2	94	22.8	6.7	7	215.6	34.8	9.7	10.3	724.7
95	618000619001770	17.8	5	5.1	85	22	6.5	6.7	189.4	33.8	9.7	10.5	673
96	618000619001772	17.8	5.1	5	90	23.3	6.7	6.7	210.4	36.3	10	10.6	787.4
97	618000619001759	17.8	5	5.2	94	22.3	6.5	6.9	196.5	34	9.3	10.2	658.7
98	618000619001768	17.6	5.1	5	95	22.3	6.5	6.7	190.9	31.8	9.6	10.8	699.2
99	618000619001432	18.3	5.4	5.3	102	23.3	7.1	7.1	223.9	35.8	10.1	10.9	780.3
100	618000619001493	17.6	5.1	5.2	89	22.3	6.6	6.7	198.2	--	--	--	--
101	618000619001769	17.4	5.2	5.3	91	22.4	6.9	7.1	197.4	--	--	--	--
102	618000619001788	17.2	5	5.2	87	22.3	6.6	6.6	203	34	9.6	10.5	683.3
103	618000619001792	16.3	5	4.9	80	20.8	6.6	6.6	165.1	--	--	--	--
104	618000619001785	17.6	5.1	5.2	91	23.4	7.1	7.1	220.6	35.4	9.8	10.5	721.3
105	618000619001791	17.8	5.1	5.3	99	22.3	6.5	6.7	188.2	34.9	9.8	10.8	706.9
106	618000619001729	17.5	5	5.1	90	22.5	6.7	6.9	203.2	34.6	9.4	10.7	657.4
107	618000619001786	17.9	5.2	5.3	99	22.8	6.8	7.2	216.3	34.2	9.7	9.9	687.1
108	618000619001723	18.2	5.2	5.3	99	23.3	6.8	7.1	217.3	35.9	10	10.6	765
109	618000619001728	17.3	5	5.1	87	22.3	6.4	6.7	190.1	34.9	9.7	11.1	697.3
110	618000619001708	17.4	5	5.2	90	22	6.6	6.8	196.1	34.1	9.6	10.2	668.5
111	618000619001746	17.1	4.9	4.9	84	22.4	6.6	6.6	197.2	33.8	9.5	10.1	681.8
112	618000619001714	17.2	5	5.2	86	22	6.7	6.8	182	--	--	--	--
113	618000619001797	17.2	5	5	90	21.5	6.4	6.8	194.3	--	--	--	--

114	618000619001418	17.1	4.9	5	85	21.7	6.3	6.5	168	35.2	8.8	9.9	569.9
115	618000619001430	18.3	5.1	5.3	98	22.4	6.5	6.8	201.5	--	--	--	--
116	618000619001727	16.8	5.3	5.4	91	21.4	7.1	7.4	195.6	33.9	10.7	11	758.5
117	618000619001736	18	5.2	5.2	102	22.9	6.9	7	212.4	--	--	--	--
118	618000619001741	16.8	4.9	4.7	81	20.6	6	6.3	142	--	--	--	--
119	618000619001703	17.9	5	5.1	96	23.2	6.8	6.8	212.3	36.9	10.1	10.9	830.5
120	618000619001747	17.9	4.9	5.1	93	23.2	6.7	7	206.2	--	--	--	--
121	618000619001725	17.7	5.1	5.1	91	22.2	6.6	6.7	182.4	35.1	9.7	10.3	696
122	618000619001722	17.8	5.2	5.3	90	22.7	6.8	7	202.9	35.6	9.4	11	693.3
123	618000619001758	17.3	4.9	5	87	22.3	6.5	6.6	182.7	--	--	--	--
124	618000619001773	17.6	4.9	5.1	88	22.3	6.6	6.8	189.8	--	--	--	--
125	618000619001237	17.7	5.3	5.4	105	21.4	6.7	7	191.4	33.5	9.4	10.2	645
126	618000619001976	17.2	5	5.1	102	22	6.7	6.9	207.2	--	--	--	--
127	618000619001998	17.3	5.2	5	104	22	6.5	6.6	206.2	--	--	--	--
128	618000619001929	17.7	5.2	5	111	23	6.8	6.8	211	35.9	10.1	11	783.8
129	618000619001957	17.4	5.1	5.2	108	21.9	6.6	6.7	185.6	--	--	--	--
130	618000619001994	16.9	4.9	4.9	87	21.7	6.3	6.6	171.1	33	9.2	10.3	626.3
131	618000619001974	18.3	5.2	5.3	102	23.3	6.8	7	203.4	35.4	9.8	10.3	756.3
132	618000619001913	18.5	5.2	5.1	104	22.4	6.5	6.5	195.5	35.8	9.8	10.6	740.7
133	618000619001970	17.6	5.2	5.3	107	22.7	6.7	6.9	204.1	--	--	--	--
134	618000619001954	17.6	5.1	5	99	22.3	6.5	6.6	197.4	32.8	9.2	9.8	609.3
135	618000619001912	17.6	5.1	5	91	23.1	6.8	6.9	203.6	33.2	9.1	9.9	627.4
136	618000619001939	17.5	5.1	5.1	90	22.2	6.5	6.7	197.6	33.2	8.9	10.2	622.4
137	618000619001928	17.3	5.4	5.2	93	22.3	7	7	201.7	--	--	--	--
138	618000619001931	16.7	5.1	5	87	22	6.6	6.9	182.2	--	--	--	--
139	618000619001502	17.8	5	5.1	92	22.1	6.4	6.6	193.2	33.9	9.1	10.2	637.9
140	618000619001457	17.4	5	5	90	22.4	6.8	7	193.5	--	--	--	--
141	618000619001616	17.7	5.1	5.3	91	22.4	6.4	6.8	190	33.8	9.4	10	660.3
142	618000619001485	17.5	5.1	5.2	94	22.4	6.7	6.9	194.8	33.3	9.1	9.9	615

143	618000619001686	17.7	5.2	5.1	99	22.4	6.7	6.9	208.2	33.9	9.7	10.2	690.6
144	618000619001490	17.1	4.9	5	85	21.8	6.4	6.6	184.2	--	--	--	--
145	618000619001499	18.1	5.2	5	98	22.4	6.6	6.8	185.9	--	--	--	--
146	618000619001642	18.2	5.1	5.2	98	23.3	6.7	6.7	202.5	33.2	9	10.1	575.8
147	618000619001592	17.2	4.9	5	89	22	6.3	6.6	185.6	33.4	9.1	10	619.4
148	618000619001467	17.7	5	5.1	91	22.7	6.6	6.8	211.2	--	--	--	--
149	618000619001575	17.7	5.1	5	101	22.2	6.5	6.7	190.2	--	--	--	--
150	618000619001557	17.2	4.9	5.1	91	22.2	6.3	6.6	186.5	--	--	--	--
151	618000619001526	17.7	5	5.1	99	22.3	6.7	6.9	197.6	34.3	9.6	10.7	683
152	618000619001501	17.8	5.1	5.1	101	22.4	6.7	6.9	190.4	34.1	9.8	10.2	700.1
153	618000619001531	17.5	5.1	5.3	92	22.6	6.8	7	205.8	--	--	--	--
154	618000619001465	17.5	5.1	5.3	95	22.3	6.5	6.8	193.3	--	--	--	--
155	618000619001695	17.6	5.1	5.3	96	22.3	6.7	6.7	197.4	34.9	9.7	10.2	708.7
156	618000619001599	17.6	5.1	5.2	98	22.8	6.8	7.1	205.5	34.5	9.9	10.5	710.8
157	618000619001561	17.1	4.9	4.9	88	21.7	6.6	6.8	190.4	--	--	--	--
158	618000619001550	18	5.2	5.2	96	23	6.5	7	200.6	34.8	9.8	10.5	708.2
159	618000619001455	17.1	5.2	5.3	93	21.7	6.6	6.7	196.7	34.5	10.4	10.9	778.7
160	618000619001650	17.9	5.1	5.3	92	22.6	6.8	6.9	203.7	35.9	10.2	10.9	761
161	618000619001699	17.7	5.2	5.1	94	22.3	6.8	6.9	205.5	34.9	10.2	10.8	744.5
162	618000619001492	17.3	5.2	5.1	89	21.7	6.7	6.8	193.3	33.8	9.7	10.3	675
163	618000619001514	17.7	5	5.2	91	22.4	6.7	6.7	192	35.3	10	10.6	752.7
164	618000619001511	17.5	5.1	5.3	85	22.7	6.7	7	205.3	31.9	8.7	9.9	544.1
165	618000619001610	17.7	5.2	5.1	94	22.7	6.7	6.9	200.6	34.1	9.4	10.2	671
166	618000619001552	16.8	4.9	5	85	22.4	6.5	6.7	182.4	--	--	--	--
167	618000619001403	17.6	5.1	5.1	92	22.6	6.9	7	201.2	35.6	9.8	10.6	752.2
168	618000619001408	16.4	5.1	5.1	81	21.3	7	7.1	188.2	33.2	9.9	10.4	652.5
169	618000619001407	17.7	5	5.1	87	23.1	6.8	7.2	203.7	34.8	9.4	10.3	680
170	618000619001450	17.4	4.9	5.1	82	22.1	6.4	6.6	184.3	35.2	9.7	10.6	691.1
171	618000619001528	17.4	5.1	5.2	98	22.3	6.5	6.5	184.8	30.7	9.7	10.2	693

172	618000619001420	17.6	5.1	5.2	88	22.9	6.7	6.7	205.8	35.3	9.4	10.1	721.4
173	618000619001428	16.8	5	4.9	85	21.7	6.7	6.9	186.6	--	--	--	--
174	618000619001427	16.8	5	5.1	84	21.6	6.5	6.8	180.2	33.9	9.7	10.3	691.5
175	618000619001401	17.4	5	5.1	87	22.2	6.5	7	199.1	34.1	9	9.9	610.7
176	618000619001424	18	5.2	5.3	94	22.4	6.7	6.9	196.4	--	--	--	--
177	618000619001435	17.7	5	5.2	93	21.7	6.4	6.7	184.5	34.4	9.5	10.2	679.6
178	618000619001402	17.8	5.1	5.3	98	22.7	6.7	7.2	209.1	--	--	--	--
179	618000619001799	17	5	4.9	91	21.8	6.5	6.7	193.1	--	--	--	--
180	618000619001777	17.3	5	5	90	21.3	6.3	6.6	154.3	--	--	--	--
181	618000619001660	17.7	5.1	5.2	94	22.3	6.5	6.7	180.7	--	--	--	--
182	618000619001697	17.5	5	5.2	92	22.4	6.7	6.9	201.5	34.8	9.6	10.1	700
183	618000619001779	17.5	5	5.1	93	22.7	6.6	7	201.4	34.9	9.6	10.5	721.6
184	618000619001787	17.3	5	5	91	21.9	6.6	6.8	185.4	--	--	--	--
185	618000619001776	17.9	5.1	5.2	94	22.7	6.7	6.8	206	34.5	9.6	10.2	708
186	618000619001625	17.4	5	5	85	22.5	6.8	6.9	190	--	--	--	--
187	618000619001440	17.6	5.1	5.2	92	22.3	6.7	6.9	184.1	--	--	--	--
188	618000619001790	17.4	5.1	5.1	91	21.7	6.5	6.7	180.2	--	--	--	--
189	618000619001794	17.3	5	5.1	89	22.4	6.7	6.7	198.1	35	9.9	10.7	732.7
190	618000619001796	17.8	5.1	5.3	90	22.7	6.8	7.1	199.5	34	9.6	10.5	643.1
191	618000619001764	17.6	5	5.2	93	22.4	6.6	6.9	196.7	35	9.9	10.3	724
192	618000619001733	16.9	4.9	5	84	22	6.8	6.9	191.5	34.3	9.9	10.2	709.8
193	618000619001711	17.4	5.1	5.2	92	22.5	6.8	6.9	189.3	--	--	--	--
194	618000619001734	17.2	5	5.2	87	21.9	6.6	6.7	184.7	--	--	--	--
195	618000619001439	17.7	4.9	5	85	22.5	6.6	6.8	195.5	34.9	9.5	9.9	682.2
196	618000619001755	18.1	5.2	5.2	92	23	6.6	6.9	200.6	35.9	9.8	11.4	736.4
197	618000619001748	17.9	5	5.1	89	22.3	6.7	6.9	194.1	34.7	9.7	10.6	687.5
198	618000619001795	17.4	5.3	5.1	96	22	6.7	6.9	189.9	--	--	--	--

Supplementary Table A2 Detail information of markers located in the high-resolution genetic linkage map of silver carp and the genome of zebrafish.

Linkage group	Marker	Map position (cM)	Genome of zebrafish		Marker sequence
			Chromosome	Start position	
LG1	ref-4252	0			CTCCAGCGCAGCGAGCGAGTCACTGAATCTCTGGGCCGGACGCATCAGTCTACTGTCCAACACGAATGCCGGGCTGCTCTTCTGACTGGGATTGTTGGCGAACTTGA CTGTGATTGGCTCGGTGGAGCCCGGCGGTTTCTGTGCGTTTCAGCCCTTAATGGCCCTCCGCGCGCCGGTCGAAGCGGATGAAGCCCCAGCCCTCTGGACACGC CTGAACAACACAAACACAATCCAGTCAGAACAGTTTGGTACACAGTTTGTAGACACCAAAACACAAAAACACTTCACACACACACACAATAAATAAATATACACACA CAATGGTTGTGTTGGCAGATATTTCAGTGTAGGGCTG
LG1	ref-57997	1.587	Chr7	73945846	GCCATTCGTCAAAGATGGCGTCAGTGAAGGTGTGCAGCAGCACGAATATGGGGTCGTTGGGGGAGAGATGCGTCTGTCCGCCCGTCCCGTTTCAGAAACAGATGAGCCAGG TTATGCAGACTGCGCACCGCGGGGTTCGTAGTTCCCTGAGGGGCGCTGTAACTGACAAAACAACACCACACCTGAACACACGGCACACAAAACACTGACGCTGAAGCT GCGACTCACCTCAACGCTGTTCTGAAGTCTCAGATGAGGTGGAGTAGAAGGGCGCGTGTGCAACGCGTTGATCTCCAAACACGCCGCCACGCTCTGCGCTCCGGCA GCCGCTGCACCATCGGACGCGCAACATTACCGGCAGGGTTTCTGCGGATGGGACTGCTCTCCGAACCTCACCCAACAATAACAACCATATTAATAACAAA
LG1	ref-46353	4.372			GTGACCGAGACGATCTCCGTGCAAAATGAAAA
LG1	ref-56617	5.066			ACTCGCTACTGCTAATAGATACACAGACACACTGCTGTGAGACTGTAAGATCTGCTGCTGCTGCATGAATAGACATACATCAATCCTGTAGCAGATCTAGGCAGGTGGAGC TGGGGAGGTGGAGGGGTTTCAGAGGAACTGCAGGACTAGATTACAGCAAAAACCTGAACCAAGTTGATCAAGCAATCTCATTGGCTGTAGGATCAACAGAGGCCAATCAGCTT GTGATGTGATGGCTTGCTTGCTGACTGCATGTAAGGACTGATTAGCCTAACCGTCACGTATGTCCAAACAGGGTAGAAATCCCCACAATTCATTGAAACATTGGAAA TTCACAAGAGTGAACTACGCCTGACTAAAAACCAAAA
LG1	ref-6188	6.63			ATTTACTTCACGATTGAGCTGCATGACGTTT
LG1	ref-4612	7.87			GTTCACTACTGTTTTGGACACCACTACAAATCAGGGGTGTTTCTCTGAGGAGGCAAGGGAGGCAGTGCCTCCTCAAGAACTGGATGAGAAAATAACCCATACTATTTGT ATTTGAAGTAGATTCATTTACATTTACCTGGCACTGGAAGTCCTTTCACAAACTTGCTATTTCTTAGTGCAAGCCATGGTGTACAGAATGAATGAAGCACACGAAGAAG GATAATTCAGGAAATAGTCTTTTAATCCAAACACGTGGAATAACAAAGAAACACATGGGAAAGCTGGGTCAACTGAAGGTGAGCAAAACAGAAGGTGAATGCAATGCAA ACAAAGAACAAAACCTGACACATGCATCATTCATATA
LG1	ref-44550	8.528			TAGTGTTGGACGACAGCTCTGCACCATCATT
LG1	ref-47616	9.908	Chr7	66950545	ACTGCAATTTCTCCAGAGCATCCATTTGTCCCATTCCAAGCATTCTGGAGGGATTCCCTCTTCCGCTGCTTCCCTCTCTATTCTCCACACTGGGAGGCATCTATATTTGGA GAGAATTATGAGACAGCCCCAGTCCAGATGTTTTGCCAGGCCGACACCTGCTCTTAATACAAGTCAGCGGGGAGCAACTAGCCCATGCACGTCCCCGAAGCTCTTGCA AAGCTCAGTCCCATCAGCTTTTTTTTCTCGGAGCTGAGAGGCGCTGCAGTGTCTCGCCTCAAAGGCGCCTGTGGCCTCAATTACTTACATATTACTGCAAGTGAGACCACT TGGCTGTGATTGTTAGATGCAACCCCCAACAGGATCTGTAGACGTTTCCTCTTACCGTTCATTAAGTGAGATGTCTGTTCGGAAGAAAGGCGAG
LG1	ref-57066_6	10.886			TTCACAATTTGTGTTTTTACTGCAGGTTTTTGTGTAATTCTTACTTTGGCGTTCAGCACCACTTAACTTCGTCAAGTGGGCGAGGGAAGAGTATTGACAGACCCTCGACCC CTTGATTTTGACCAAGGGAGTGAGTCTACTCATAAGCACACTTCAGGCAGATCCATAGGCCA[C/T]AATGCAACACGTTCTGTACGTACAGCAACAACCTCGCACTCAGTTT ACCCACACGTGATCAATGGCTCATGTTCCATTTAAACACACCGCAAGGGCTCCGCCAGCAGTGGGCGCTCGTGAGCAATGACGTACATCAAGTGAACGAGACGGAGGGAA GTTAGTGAGGGAAGAGCATAAGCGGACCTAAACACAGG
LG1	ref-72183_3	12.003			TG[C/T]GGGGGTACGAATGTGCTGCTGAACTAGTC
LG1	ref-72183_10	12.564			TGTGGGGGT[A/G]CGAATGTGCTGCTGAACTAGTC
LG1	ref-22224_31	13.689			CAATTTGAGGCGACACAAGTGACTCAACTTATGCAATGGCCAGTGACGCGATATGTGCGGTGCTAATGGGAGTCCGCGCAAATATGATGTGATCGGTACATGATCTGT CGCAGAAATCAGCAGTTGAGTAGGAATGCCTGCTAGTAACCCACAGTACAGCAAGCGGTTGATCTCCTGCAATGTAATCGCTTTCAGT[A/G]TGAACACTTCTTCTCTAGA GCAGTGGTTCTCAAGCAGGGGCCGGGGCCACTAGGGGGCATCAGGATGAGTGGGGGGAGGAGCTTCAAATATTGTTGTGGACAATGGGGGGATTTTAAGTCAAAAAGGT TGAGATCCACTGCTCTAGAGACCAGTGTGGGGTAACGCAT
LG1	ref-24364	14.036	Chr7	710900	ATGCAGGTATGACATCATATATGCACATATTTGTAAATTTGATCTCACACACAAGTTGAAGTGTATTAATAATTGTTGCATTATTTTCTTCAGTTTCAGATCTCTATTG ACCGTGAGCATTTACATCCAGATCTGAGGGTTTCTAAGAAGTGTAAACTGTGAGAGACGCTCCAGATTATAATCACACTGGAGAGGGATTTCATATGAATTATGTGCGT TTGGAGCTCAAAGATTTACATCTGGTCGTCATTTGGGAGGTTTTATTGGCACGGGAAAAATACCTCCTAAAAAGTACTGGTTAATTGGTGTGTCAAAAGATGAAAATT

						TTAAAGCAAGAGACAAAGCTGCTTTAACTCCATCAGATGGTTTCTGGTTTCTGTGTTTCAGACGGTCCTAATGGCTTTTACACCAACTCTGATCGAT
LG1	ref-41299	14.604				ACTCCCTCTACGAAGACCTTGCCTACAGGT
LG1	ref-35626	14.966				AGATTGTCATGTGCTTTTATTAAATTACAAACACATGAAAAACAATCGTGTGCATCTTGATATCATTTTTGATTGTTTTCTTGAGTCCCTCTGATAAACTAGATGGAG CCACAGCGGTGTGCATCTTGATGTCATGAGTCTTGAGTTCCTCTGATAAACTAGATGGAGCCACAGCATTATTTCCCTTGAGTTGAGTCAGTGTATACTATAGTATGTA TACTCTGCTCAGAAATTTGCTTTATGTGTGGAATACCTACATTTTAACATGCAGTGTGATGAATGAAATTATTTGATCAGACCTAAAATTGGATTAAGCAGTTGAATTA CCCTCAGTTCAATGAGTTCAGTGACAGCAGTGT
LG1	ref-69433	15.244				TCTTTCTCACCGATGGCTCTGCTAATTCAAC
LG1	ref-58923	15.389				ACAGGTATGACGAACGTGTTGCAACACTGAC
LG1	ref-61049_16	15.643	Chr7	65926333		GAAATTATGAATATGCAACCCACATGCATTTCAGCTATTCTTTTAAAGACATAAATAATGAATGGCTGGAGATGAAACATATTACTCTGTAAACGTCTTACAGCCGAAAG TGATTTTACGACCTCGTGCTCTGTCAGTTCAGTACAAAATCCTGGGCCCCCTACATTTGGGTTTGGTTGGGATATTTATATTTTCATGAACCTCCCGCGATC[A/G]TATTG CCGTTCTCTTGTCCCTTTTTTATTTGAGAGCTGTTTGCTTCACATTTGTCCCACCACAAGAACAGATGTACAGTATGTAGAAATGTAGTGTACAGTATGTGTCACACTTAAG TCAAAGTAAATTAATGTGCAGCTCACTGATGATATTTGACCTTTTGTGAAAATGTGCCATATAGCAGTGCATGTTGATGCACTACAGGATGTGTTGT
LG1	ref-42284	15.721				TCACCAGACCCGACAGCAGTGCAGTAACGTC
LG1	ref-62193_1	16.209				GTAGATGAAGTAAGTCATGCTCGCATCAGCTGACTCTTAGCTGATCCACGTCTACTTATAGGAATACAATGCCTATCACAGCATCCCTATATATAAGGTCCATTCTGTATTA TCGGCAGGTGTATCGTGTGTTCTGAAGCTGATTAGACAGTGAATTCGGCAGGCTAAACCACATCATATCAATAGGAATTGTGCAATC[A/G]GGAATTTTGGCATGCTTTTG CTCCCCACACGAATTTACATCAGATTCAAGTTTGTGAACCTGAACTTGCAAAATCTCTGCATTGATCAATAAGCTGCTTGATTTGGAGGTGACCCAAGTAAGCATTGCTT CTCGCATCACTACATTATTAACATGGACTCTTTGCCCGTAAATCTCGCTGAAGTTATACTAAGGTGACTGCCTCAAGAACAAAGTTAGACAAGATCTG
LG1	ref-395	16.778				GGTCTGAAAACGAGGGGTGTGCTGGTCTGAA
LG1	ref-17331_31	17.133				ATATGGAGACCGAACTGCATGCTTTGATGA[C/T]T
LG1	ref-55780	17.774				TGCTGTCTAACGAGGAACATGCAGAACAAAGA
LG1	ref-28255	17.982				CTGAGCAACACGATACACCTGCCGATAATAC
LG1	ref-68407	18.451				TCGCAGGAGACGAGGGAAGTGCGGAGGGGTT
LG1	ref-55848	18.643				AGTGAAACCTCAATGAGACAAAAAAAAGTGTAGGGCAGGACTTGACTGGATTGTTAAAAGTGTCCATACTAGAGTTTGCAGTCAATTTTAGGACTTCTTCCCTTCCTG AAACACTTAATTGGTTGAAACATATGCAGCTTTGGCCAAAAAGGAACTCATTTTCAGAGTCTTTTGTATGAAAGATTACAAAGACAAACACTTTTCTTTCGAAGAGCGTGC ACTGATGAAGTGTATATCAAGATGATGTGTTAAGATACCTGAAGAAGTCTTTCCACTATCAAGAAGCTTTTGTGCATTGGAAAGGTACCATAAATGTAAAGGGTTCTTCA TGGAACCATAAATGCTAATAAAGATACTTTATTTTAAAGAGTGTTAGACTCTTTCCACCATCAGGCCGAACGGATCCAAGAAGTGTAAAGGAATA
LG1	ref-47642	19.083				GATAGTCTCTCGAGCCGCTGCTTCCAGCTT
LG1	ref-20485	20.443				TAATGCGATCCGAGACAGATGCTTGATGATC
LG1	ref-48101	21.194				ATAAACTGACTCTTTCTAATTTTAAATGATTCAAAGTTAAACAGGCCTAAGTGTTAAATTTCTAAGCCTATAAGCTTTGGGTAAAAACTGTTGGATGGGTATAATTCGC ACAATGCTTTCAGTTGACATTTCTGATAGTAGGGCTTGACTGTGAAGGTTGACTGGACTGTTCAAAGTGCATGTGAGTCGGGGAGTGGGCACTTTTGGAAATGAATCTAGGC AGGGAATTGTCGCACAGCAGGAAAGGGCGCTTGAAGCAGGGAGAGAGACCACTCTGGTGTTTTTCCATATCAAAGCAGTCACTGCAAGAAAAAATATCTGGAGCCACA GCAGTGGTTCTGAAGACAGCTCGGCGAAGCTGTCTG
LG1	ref-43710	21.298				AGAAGATGGCCGACACTGGTGCGGGTAGCGT
LG1	ref-56650	22.21				ACGCTTAATGCAGGCAGCATCTGAGGAGGGAAATTCCAACTTTTGGGAAATTCGAAGTTCATATTACTCATCAAATAATCAATGCCTATGATACAATCCTCCTGCTGTAG GCGTATCCAGCTCTGTATCTCTTGACGGATGTCCTTCCTCTGTCACCTATGCTGTCGTCGCTTCTAGCACTCTTCGCTTTTTACCGTAGTCTTCGCTCTGGCTCACCTCTGC TTGA
LG1	ref-49544	22.646	Chr11	24012135		TATAATATAAGTATCCGGTGTTCAGGATGTGTCTGTGAAGTTTCAGTCAAAAATACCCACAGATTATTTATTATAAATTGTCAAATTTGCTTCTATTTGGGTGTGAACA ACTATTTGCTGTGAGTTGATTCAACTCATCGACTAGCATGTGCCGTCAATGTTAATCTTTTGTGCAAATCAGCGTTGAATTGAACCTCGTTTGTAAAGCGAAAGCACTGCAA CAACACTCTACAACAACAACCTCTTCCTTCTCTAAAGCAGCCCAACATGGCCTCACCCCTCTGTTGTGTGTTCTCGGGGGCAGGGTTTATGTCAAATTTGGGGTTTGTGA

					TGTCACCAACCCAGGAAGAAATCATTGTAGTCCCTACCAGGCGTTTGTGTAGCCCGTAAAAAGCAATTTCTGTAAAAGAAAATATCTCCCTTT
LG1	ref-22500	23.359			CTTACCAGAACGACTCCTCTGCCAAACAACA
LG1	ref-27610	24.273			CCAACTCCAACGAGCCCTATGCAGGCGCAGA
LG1	ref-13500	24.955			GTCCGCTCCCCGATTGAGGTGCCCAGTGATG
LG1	ref-73551	25.134			GTCACAAATTAGAAGTCTAAAATGCTAATGTTGGAGGATTTTGATATAAGAGAAGAAGAGCTTGAGTTGTTGCACAGCCCTATTGTTTGAACCGTGAGAGGCGTCTAATCTTACGCTACTCCTACATCCTGCGTCATACGTTGCTTCAGGGGTTACTCGTTTGGCGCAAGCCGATTTGCGCAAAAATTCGTACAGTCGTCCGCCGGAAGCTAGTTATTTGAACTCTGTAAAATTTTAAATATGGATATTTTTTCTTACAAAAACACACTTCAAAAGGCCTTTATTAACCCCTGGAGCTGTATGGATTATTTTTTTTGTAAATGGATGGATGAATTTTTGGGCTTCAAAATCTGGCCCCCCTTCACA
LG1	ref-2708	25.289			TCCTGTTCTCTCGACCTCCATGCTCCGATCCA
LG1	ref-20571	26.594			TGGAAGGCTTCGACTGTGCTGCCCGCACCGG
LG1	ref-37503	27.136			GCGCCTACTTCGACATCATTGCTTCTTTAGC
LG1	ref-28496_3	27.614			AAAGTCTTGATTTTGTCTTTGGGGTCTACAAGAATAGGCTTTTCATGCTTGAATGTTCAAAAAACAAATTTTTCACATATTTGTGGTGTGTTTCCCATACAACGATGTAATCTGCTAATTAACCTACCATATGTATAATGCATCATTGGAGAAACTAACCCAAAACCATAGTG[A/G]CATAGTCGCACCCCTGTCGTTTGAAGTACATTGGTTTCAGCAATATCGTTAATGACGTCGCGCAGGTGGAGGAGTGATAACGAGATCTCTGAGATGCTGCTGTAAACGATCATGGCACCTAATGATGACCTCACTGTTCTTTGTTCCATGTTATTTTGCTTTATTTGATGTTTGACTTTGTAGTTTCTTGCGCATTTTA
LG1	ref-41152	27.774			ATTCAATGTACGAAGAACTGCCGTCGCGTC
LG1	ref-17162_17	28.259	Chr7	69466221	TTTATTTGTTGTAACATATATATGATTATGGATTACTCACTACACAATACATTCAAACCATAAATCTTAAAAACATTATAGCCTATTTTCCAAAACGAATAAGTAACATTAAATGGTAATTTTCTGTGCAAAAGAAAAACACACCATAAGTTATTTGCATTGTTTCTCAGGAACACTGGCATTG[C/T]GATCGAGGCTGGGGAGTCCAGACTGATCTCCAGTGCTGTGCTTAGCGCTCACGACAAAGACACTTCTTCTTCGGACATCATCTATGTGTTTGAGAGCATACCCGAGTCATGGTGTCAATCAGATGAAGGTCAGTTTGCTTAATATGCAGGGAGAAATATATCTAATCTCTCACTGCCAAAAANNN
LG1	ref-1601_5	28.844	Chr20	4547766	CTGTTTTATTGATGTCTTTCCGCAGTTGAAACACTGGTTGAGAGATCACAAGTAAACATCTATGCATAGGCTTCTTCTGCGCTTTTTAGCAAACAGAGTTGCATTACTGCGCGCATCCCCCTCTGGATTGGAGTGTGGATCATCTGGGACTGGCTGTATTATCATGCTGACTGTATGCACTGAACCGTGACGTCCGTAATGTGA[A/T]GATTGCAAAGGAATGCAATGTACCATTACACCCCCAGTAAATATGTACTGTGTGCTTTCCTCTCAATAACAAAATAAACACACAACAAAAATGACAGTTAAGAAAGCATCTGATCATAGGGATGTGGACTTGTTTACACAAGCTTTGCAATTTGGCACTCCAGTCAAGTCACATTTATTATATAGCATTTTATACAATAGATTGCTTAAATCAAGCAGCTTTAC
LG1	ref-21951	29.472			CCTGTAAGTCCGATTGAAATGCCATCCATTC
LG1	ref-50307_27	30.325	Chr7	71116896	CCATCTGGACAGGGGCGGGAGCTGCGCCACATGTTCGGGAAGCTGTCAATTGCCAGCTGTGTCTCTCTCCATGGCGATGGCCCTCCTCTTCTGTCTGTCTATCTGACCAAACAGGGGGACAAAGAAGATTAATGGACATCGTGTTAGTGCCATGATAATGGAATGGAGCCCTTTGAGGCAAAATGTGTCGTTTA[A/C]CACAGTAGTGAAGCTCAGTTAAGAAATTCATACCATGGTGAGTGCCTTGGCCAAATGGAGATCACATTAGGGGTTTTAGTGTTATTAGTTTCTGTGGCACTAGCGTAATTACAAAAATAAGCAACTTTGCAAATGCCACTTTCATGTGTCTATCCTCGCCAACTCAAACATCA
LG1	ref-5482	30.976	Chr7	11471411	AACAGTCAAGGATCTACCTGGACATTTTCAAGCAGTTTGTCTACTGTATCCCGCCCCCAACTCCTTATCTGCACATTTTATGATCCTTGTGATTTGATCTGACTGCGAAACGTTCTCTGCACTCGGATGCATATGCTCAAACGCAGCAGAACTGTGCAAGGTAGCTTGCTGGATAAGATGCATTTACATTGTCAAGAGTCTGACAGTAATAATTTGGTCTGTCTGAAAAGTGATGTTCACTCGCAGGTGTTAGACTCAGTCCCAGCAGTGAGGGGTGCCAAGAAACAGGCTTTCCTAACTGAGCCCAGACATGGAGAGGAATTCACCAGAGAGAGGAATTTTAAGAAAGCAAAGGCAATGCAAAATTAAT
LG1	ref-17331_25	31.77			AACTAATGAAGAACTATCAAACCTTGCCAAGCATCTGTCACTTGACATCCTGTCTGTACAAGACATTAATTGATCTAAATTGATCGTAGAGATCGTTGGTGGCTATGATAAATTACAATGCTTTTGCGAAAAGCAGCCCAGAGCCATCTCTCTCAACGGCTCTATACATACCAACCTCGACGACTGTGTAAACAATAATATGGAGACCGAACTGCATGCTTC[C/T]ATGACTCTGTGTCCTTTTTAGCAGCCATTGTGAAGTTAACTCTGCATTTTATAATACTGATACAGCTGTAATAACCTACAATCAGAGGCAGCTCTATAGCTTTCA TTCCGAGTAAATTAATTGAGCAATTACATTTAACTTTTTATTTTTGTCATTTTAGTTAAAATTGGAATCTGGCAAATATTGGATTAATGACTAAAAC
LG1	ref-53350	32.807	Chr16	15682888	CATTTGTAGGGGTGTCCGAAACGATAGTGGACAATATCGAGTGCACACATTCATCCCGCAATGCACTGCAATAACGAGTGTACAACCTGATGTACGCTCAACGGCTAGAGAATACCCATATTTCACTGTGATAGTCGCGCGCTGAATGAATCCCGCTTCCCACCAGAAAATGCCACCTGCAGCTGAATCGTTTTCCAAACCACTCTGGTCCAATGTGACTACAGTGTAATATCATACAGGTGTAAATTCATTTCCAGGTGATTATTGTTTAATTAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCACTTTATTTATATAGCGCTTTTACAATGCAGATTGTGT

					CAAAGCAGCTTAACATTGATAACTGGTATATAAT
LG1	ref-56348	34.706			TCCACTATATGGAGAAAAATCCTGGAATGTTTTCTCTAAAAGCCTTAACTGCTCATTGATGGAATGTTTTTTTTTTGTTTGTGTTTTTACCTATTTTTCTTTCAACTGGTTCATTCCCTGTTTATAATTTTGATCAAATAATTTGTTTCACAAATTGAATTGAATTATTTATTAACAAATCAGACAGATTTATTCATGAATTGGAGTCCGACACACTTGCATTTAATCAGTGTGGTGACAACATTCAACATATATGAGGTTATGTGACAAAAATAGCATATAATATATATAAGCATAGAATAGCATACTACTGTTGTATTGTTTAGTACTTAACATACACTATCATTCAAAAGTTTGGGGTTATTTATTTATTTATTAATAATACTTTTTATTCAACAAGAATGCATTAAATTGATCAAAAGCGA
LG1	ref-44508	36.503	Chr7	66905921	CAC TTC AAGATCTAAACAATCAGTCACAATGGGCGTCTGACTGTGGCTAAGTGCTGTCATGGCTCGCGTCTTGGATTTATGAAACACTCTGTGTACTTTGGAGGATTGTG GTAACAAATATCTGCAAGTTCAGCAGAACCATCACCACAAAAAATTAAAGAGCGTGCCAAAGTCAAAGCAGCATGATCATGTGCATGTGTGTGGGAAGAGTTGTGGTCTGTGACAGAACACAGATAATGAGATATCAAGACAGAAGACAGTCAACTAAAGATATCAGATGAAGGATGGGGAATTTGTTTCACGCTAAATATCTCCTTGGAGTCAACGGAAATGAAGAATAGAGGCTCACTCACCTCCTCTGGTGAAG
LG1	ref-15030	37.216			TGGGTCCATTGTGAAAAAGAAGTACACATTAGCATATTTTTAGTAACTTATTAAGAAAGAATATACTTAAAGTGTGAACTGAATGTAACGTGTAACACAGTTTGTAGTTTGGGGAAGAAGGAAGTGTGAACCAAGCTAATCTTTAACATGAATTTTAAATGACAAAAATCAAATTCAAAACATAAAAGCAAAAGGTGCTGCAGCCACTTTTCAGCCGACTGCCGCGCATGAACACAAAAAGAAACAACATAAATACCACACATCTGTGACATGCACCTTCATGCACCTGTTCTTTCCTTAATCATTAAATTCATTCTTTGTTTTGTCTTCCTCAGACCTTCACGAGGCTAGTGGAGTGGATGCCTAGCGACAAGAGAAAGGTGTCTCTGGAACCTTAACCCCGCGTTATGCCACCGCTGTACCAGCCAGAGATC
LG1	ref-15296	37.533	Chr7	12475736	TCCCCGGACGCATCACACCAAGTTCTGAGAAAAACCAAAAGTTCATTTGAAATATATTTACATTTTCATAAAACATGTATATATAAAATATATATATAAAATTATACACGTATATTAGGTAAAATAATAAATTTGATTTAACATTTTATCAAGGTAGCTCACTAGGTGAGCCTATTAGCTAGTATTAATTAAGAAAGCTAATGAACCACGAGCATTTCCGAGAGCAGCGGTTTACAGCGCGCAATTTAACCACCACAATATGAAGTGGAAGTATGACTTTAATTAGAAATCATTTCAGTTGAATAGACACAATCCAGATGAATATTCTGAGTGTGATTCTGTGATTCTGACCTGGTCATCATAGCGATAGGTGAGATACTGCTCTCCTGTTGTGCTCTCCAGAAAGCTTCCTTGTGGAGAAAGTG
LG1	ref-45007	37.905			ATGTTGCTGCCGATGTTATTGCTGCTGTTAT
LG1	ref-22727	37.929			AAGGTGAGCTCTGAAGACAGTGCTATCATTGAAGGACTTTACAAGGGCCATCGTCTGCTTGGCTGCATGAGGCTTTGATAACAATCCTGAATGTTAGTCCAGCTAGCTTTTGTGTCCCCCTGACCTCTCGGGCACCTTCAGACAGCTGAAGAAAGGATGAAGAGTAAAGCTGCAGCTGAATCGCTGGATTGCTGTGGGTTGATTACCTACAAAAGAGAGTGCTTGTGAACTTTTCTTGCCATACTTCTTTGGACAGCAAAGTCAAATCTTTGTGAGTAAATAAAAGAAACAGCTGTGAGATGTAACGTGTTGTTGAACATTACAGTATGAATATTCACCTACGCATGATGATCAAAC
LG1	ref-19919	40.885			CCTGTCTACACTGAACACGACAAACCGCAATTGGACTACGTGAGAAACAGAACGGGGAATCCATTTACTGTCGGGAATTTGTTGTGTGCGGTCACGTACGCCGCATCCAGTGTAGACTAGGGGGCCCTATCATACCCAGTGCAATGCAACAAACGCAGACGCAACGCAAAAACACATGCATTTGATTTCGTTGAACAACGAGGGCGTAATCAGCTGGCAAATCCTAAGGGGAAGGCTTGGCTCATTAATATTAATTAGGTTATAAGACAGAACTTCAGGCGATGGAATGTTTATAAGTTTGTGGACTCGCGCACGTGTTTTGAAAGCAATCTCTTAATATTCGGACGATAGACGGCAGTGCGTTC
LG1	ref-47123	43.607			TTTTTTATTAACCTCCTCAGTAATTGTTTTTTGTTGATTTTAACCAATAAAATAAAATAAATCTGTACTCCAGCTTTAAACCATTTAATAAAATAAAGGGATAATCTTTAACAGTCAATCCTGCTACCATAACCTTACTGAAAACCTCAATATTTGCAGAAATATTAATAAATTCATATAAAAAATTAGCTTGAGATTGCACCATGTAATTGCAACTTCTATGCATTCCGTTGGAATGAAAGAATCCTGATAGAATGCTTAAATCGTGAAGACATTATCTCAAAACAGAGTAAATGAATGAATTGGTTAATACAATTTAAAGTAACCATTATTATTTATACATTTCTGAAACTGGAAACTCAGCATCGATGAGAAGTTAAACCACAACATAAAAGTAAGTAATTAACACTTTAAATCTCAAAACATTAT
LG1	ref-57775_14	43.901			GAGTATGGTGAGTAGACAGTTATGTGTAATATTCAAAAAGTAGCTTACAGAGATCGCTGGAGAATCGCTAGGAGATTCAAAAGGTAAGTAGAGTGGGTAAGTAGTCTGTGTCTGTAGTTGAGACCAGACAAAAGCTGCATCCCAATTCAGAGGCCACATCCTTCGTAGGCCGATTTCGCAG[C/T]CCAATCGCATCACTGTAGTGTGATGAAGGCTGTCCAGTTCAAAGGCTCCTTCAAATGTGGCCTCAAAATGCATCCTTCGGGCAATGAAGGATACAACAGATGGATCCTTCGCAGCCTAGCCTATCCCAGAATTCATTGTGCGCTGTGACGACAGGATTTTTTAAGAGAAGAATGGTATATATA
LG1	ref-24994	43.92	Chr5	13287113	AGCCAGAGGAGAGGGAGCTGCTGGCGGCTGTGACCGAGCAGGGCTACTCTCTCCGTACGGCCATCATCGCCCTCCAGAAAACCTGGCCAGCAAAGTCCCAGCAGGTCAGTGGGCTTCACTGTGAAATATGAGCTGGGATTGCTTTGGGTGTCGAGATGCAATGCTGAGATTCTCTCCACCATCATTGGTGTATCACAGGGGAAGGTCAACGAAGTGCATGCTGGGTTGCCAGTACAGAACATGCACCAGTTGGTCACACTGACCACATTTATTTTTCGCACAATCACAATAAATTTTGTGCTAGTAACACTTCACAATAAGGTTTCATTAGTTAACTACATTAGTTAACATGAATTAAGAATGAACAATAATTCTACAGCATTTATTAATATTAGTTAATGTTCAATTCAACATTTACTAATACATTA
LG1	ref-5457	44.422			GGAATCAGAACGAAGGCAATGCAAAGACTGT
LG1	ref-9798_17	44.509			AATGGTGATACGAGTG[C/T]GATGCAACCCTGATG

LG1	ref-9798_10	44.607			TACGAACCCCCTGCAGTTCCTACAAAAACGTACAAAAAGTAATCAGATTACATTACATAAAATGTGTAATGTAATGGATTACGTTACTAACTACACTTTTCTTCATGTAATTTGTAATCAGTATGGACTACAGTTTGTAAGTAATCTACCCAGCACTGCTTATCAATATCATTTAATGTGTCTGAAAATATTAATATAAATGGTGAT[A/G]CGAGTGCGATGCAACCCCTGATGCATAAATATTTGAGATTAAAAACCCCTTATCAAGTCAAAATAAAGACCCTGTTATTGTTGTTAAAGGGTTAGTTACCCCCAAAATTTAAATTTCTGTCATTATTACTACCCCTCATGTCAATCCACACCCGTAAGACCTTCGTTTCATCTTCACAACACAAATTAAGATATTTTTGATGAAATCCGATGGCTCAGTGAGGCC
LG1	ref-41386_25	45.174			GTTTACCATGCGACTTTGCTGCCA[A/T]CGAGTCA
LG1	ref-41386_17	45.346			GTTTACCATGCGACTT[C/T]GCTGCCATCGAGTCA
LG1	ref-58640	45.395			AGCATGCTTACGATGTTGTCGTGCGTGACGCG
LG1	ref-21759	45.821			ACAGCCTTCAGAAATAAGGAAACAGCCCCCTTAGTCCCCCTGAGTCGGCTCAATGTGTCTTTTGCCGCTTGCAGTGCTTCGTGTTATTCCTGATTGCGTATTTAATCTCTTAAGCTATCACAGATCTGTCATGGTTACCATCTGAGACACTCCCTGCTAATACTCCATCACTGAAAAGGCATTAGTGTGCTGATTTGGATGTTTCTTATGAGCTGGTACATTAGGAGACGGCAATACATATAGCAGTGGAAGTGATGACAAGTGCTTTCCAAATCTGACTGTGCAAGCGAATTTAAATGACTCAGACTGGGTGGTGTATTTCTGTCTCTGTCTAATCAGGATATACTAGATTTTCTATAGGGAGTC
LG1	ref-49576	46.472			AACTTGGGTACGACATGCATGCATTATGACA
LG1	ref-40568	46.943	Chr7	53012369	TAAAGCTAATGAGACTAAGAGGGTGTGGGAACGTGGCGGTGGCAGTCACATATGTTTGCCTGTCAATTCGTCCTTCAAATAAAACCGCAAGACAAAAGAGGGACACTCTTGCTCATGCTCGGAGATTAATGCTGTGCATACAATCCATTAGATCTACAAACAATGAAACAGTAACCATGCACCACTATCGAATGTTGGATGAATTTATCCAACAAACTCGCTAGCCTTGAGTAGCTGGACTATCAGCATACAGTCTAGTCCCTCTTTGTAGTCTGTTCCACCCGCCACTTGGACAAGAAGGGGCGTCTGATAAGCGAAGTGACCAGAGTTTGCTATAGGGGTGGGCAGTGATAATCTTGTGACAAAA
LG1	ref-61350	47.458			AAACTCAAGTCGAGTGCAGTGCAAAGTTACT
LG1	ref-41758	48.123			AACCTTCTACCGATGAAAAGTGCACTGGAACG
LG1	ref-39509_10	48.2			TGCGATAGG[C/T]CGAGGGATCTGCCAATGCTCT
LG1	ref-42265_8	48.218			TTTTTAA[A/T]GACGACTCTTATGCTCACCAAGGC
LG1	ref-42265_19	48.229			TTTTTAATGACGACTCTT[A/C]TGCTCACCAAGGC
LG1	ref-23888	48.373	Chr7	11461035	CGCAATCACAAATAAACTGTTTATCTTTACAATATTTTATCGGAATGTAATAAACTTGATACACCTATCCTTTTTGCCTGTGAATCTTTCACCTACAAACCGTCTGGCGTGTACACCCATCTTACACATTCCAATCAATTCTCAATGGATAAAATCATTAATGAACTGTTGCATACTCAGCGATTTATTTGTTGAGTATGCAAAAACGACCAAAATGCACATCCCTAATGGATATTCCAGATACTGAGGATGACTCTGTGGACCGTTATTACCCATCCTGGTATGTTCCCAAGACCACTGAACCAGATTTCTGGCTGTTGTATAGTGAGTGTACCTTCTGACTCCTGACCTACATGTAAAGTAGTATGTAACACATTTAGAGTCAACAACAGGTGCATGCTTCCTCAGACACAATGATATATTGA
LG1	ref-34656	48.758			AAACAGGAAACGAGTTGAATGCCCACCTTTAG
LG1	ref-10481_10	49.099	Chr7	70265960	GCTGGAAGTGAATTAACGCTGAACAAAACCCCAATTACGAGAGAAGCCAAAGAAAGAAAGTTTTAAACAAAAATTGGAGAGAAAGAACGAAAAAAGAAGCGCCGACATTCACAGATAAAGCTGAATCCAGAGCCCTTTTCACTCTCTTCTCTCCCTCTCATTCTCCCTATCATATAGCCGGTCTTTACTGTGCTATAGCTGGAATTA[A/G]GAGTGTGTGCTTCCAATACCTTTTTGTAGCGAGGTTAATTACTGGCGAGGCTTGAGAAAATTACATTCTCAAAATAAAGTATTATGATTGGCTCTCCACTGGCTATTTAAGTCGTGCATGCTTTTTCATGCAAGATTGCTAGGAAACCAGATTTGCGGACTTGCCAATATCAAGTAACCTCATTTACAGTCCCTATTAACAGCATCATTCTGACATG
LG1	ref-7283_8	49.568			TTCAACT[C/G]ATCGACTGATGTGCCGTCATGTTA
LG1	ref-7283_16	49.812			TCAAAATCCCCACAGATCATTTATTATTGCTTGTCAAATTTGCCCTATTGGATTGTCAGTAATGGTGTTTACGCCTTACATTGTTCAAACCGGAGTCGACACTGATGGAGAGACTCAGGAAGAAGTTACAACCTTTTAGAATGAACTGGATGTTAATGAATGGCTAGTGGATAAATTTATGTAGTTGCTGTGGAGTTGATTCAACTGATCGACT[A/G]ATGTGCCGTCATGTTAATCTTTTGTGCAAAATCCAGCGTTGAATTGACCCTCGTTTGTAAGCAGTCTGACGTAAAAATGATGCCATGTTAACAACACTCTACTACAACAACTCTTCCTCTTCTTTAAACAGCCCAACATGGCCTCACCCCTTTGTTGCATGTTCCCGGGGGCAGGGTTTATGTAATTTTGATGTCATCAACTCAGGAAGAAGCT
LG1	ref-28244	49.954			CTACGCACTACGAGACATATGCAAGACATGG
LG1	ref-17765_19	50.137			CTTTACAGAGAATGATCTATTTAATAGATAAGACTTGAACCACTAGAACCACCAGCACTTGCAGGTTCAACCCTGATCTCGAAAGGGAGTGGTAGGAACCTTGGGCACATATCCAGGCCGGGTCTCAGGATAACGTGAGAGTCACCGGGCCCGAATTCCAGGCACGATTCGTCAACGAAAATGCGTGCAGGTCCCTACCCAATGCAGCGAGGCCA[A/G]TGCAACCAGGAGGACGGTCTTAGGGACAGTACTTTAACTCGCTGATTGCAAAGGCTCGAAGGGACGACCCCGGAGAGATGTAAGAACCAGGGTCAGATCCCAAGAGGTACAGAGGGGGGCGGGGAGGATTCAGTCTCCTCGCCCCCTCAAGAACCTGACGATCAGATCGTGCTTCCTAGTTTGAAAATGGTTTTAGCTGATAGAAAAG

LG1	ref-48026	50.312	AACCGTTCGACGAACAATCTGCAAGCGGTTT		
LG1	ref-17006_19	50.439	CAAACAAAGGAGACATATTTCTGTGCAAATCATCTCTGTCTGCCATACAGCTGAAAGTAAATGTAATAACGCCATAAAGGTTCCAGGTTTGGCAGACCCGTATAGTACA TTAACATCATCTCCAAAACAAACATCAGACATCCTGTACATATCAAGTCCATGCTGCAGCTGTCAGGTAACTTCTGCACATGCAGATCACCATCTTCTCGAGCCTC[A/C]T GCATCTTCTCAGGGTGAAGCCGATCACTTTCTCCAGCCTGATGGACCATAGTGTACAGCTGACTGCATTGTTTTCTTACTTACTGTCTGTGTGCATCTCAATCAGCTCTG AGCTCTTGAATCAGTATGTTGTGTACAGAAATTTGCGCCTGAGACGGTCTGATCAGTGCCTAACTACTGAACTAGGGAGCTGATTGAGACGCACCC		
LG1	ref-33076_7	50.534	CGTACGCCTATGTGTCTATGAGACTGTAGTCGACAAAGTTTTATTAAACCATTGTTGAAAGAGCTGATAATAAAGGTGTTAAGCAAGGTAAAAATGTTTAAAGGTAAAAATGGAA AATGTAAAAATGCAATAAAATGCAGGGTATTGAAGTTATTAAGTTACTGATGTACATTTTTTTTTTTC[A/G]TAGCACCCCTTTGAACCCCTTCACCCCTGTGCTCTTTCTGATG GAATGTAAATTAGTGAAGATTGGCCACTGTGCATATAGGTGTGAAACCTCCAAAACATATATTGGCCATTGTTTCAGTTTCATTGTCTAACCCCTGTAGTTTTCAAGTTTTAG CACGTTTACAGGACAAGCATGTATAAAATCATTTTAA		
LG1	ref-33775	50.534	CCTTCTTCGGCGATTTCCTTGTCTGCTGCAGT		
LG1	ref-716	50.659	CCAAAGGGTATGCGGGGATACCCACAGTGGAGCGCTCTGTTGAGATGCAACACTCCACCTGGCGTGGCGATCCCAAGCACCCATCCAAAGCCTGCAAGTTCTAATCCACG CTTTGGGCAAGGCTTACAGAGCTGCAGATCAGGCCGCTTCCGCTTTGCATGCCATGGCCATTCTGCAAGTTCATCAGGCCAAAGTGCTTAAACAACCTGCACGAGGGCAGTG CTGACCCAGGGCTTATGCAGGAAGTGCGCACTGCTACTGCAAGTTAGGTTACTGCGTGGTCCCTGGGCCAGGTGATGTCCACTCTAGTGGTCCAGGAACGCCACCTATGGC TTAACCTGGCAGATATGAGAGAGTCTGAGCAGACCCGTTTCCTCAACTCCCCGATCTCCAGGCTGGCCTCTTCGGCGACACGGTCGAGAATTTTGCCC		
LG1	ref-60720	50.876	TATATGGTGCCCAAGTTCCTTTGCGTGCCCTCAGGAGGCTGTTCTGTCAACCCTGCCACCTTGTGTGCTTCGGGGCACAGTGTTCTCTGGTGAGCTCTTATCTCAGGGTCCGC CCGGAACGTAGCAGCACTGGGATGCTTATCCCCCTTGAGGAGGGTCCCATAGCAATCAGTTTGTCTGTTCCTGCCGGTTTGCCACTTCAGGGCACCGAATTGGTCGCTTG AGTAATACTGGAGACCAGTCTTGAAAGGCTGGTTCTCTGGGCCTCCAGGGAGTAAGTGGTTCACATATCATCATACAGTGCCCACTTCTCCTTGGTGCCCTCAGGAGACTG GTTTGCTAACC CGCCACCTCTGGTGCTTCAGGACACAGTGGTCTCTCTGCGAGTTCAGGTCTCAGTGTCTGCCCACTGACGTTGCGGCACTGGGA		
LG1	ref-9369_14	51.012	TGATGGTCTCGCGCCATTTCCGGAACCATGTTTCCCTGAGACGGCAGTTGCCGAAGCAACAGAGACTGCTGCCCGTTCGCTTTAGCTTCACTTTTTTGCGCTTCGAAAGC AAACTCGGACTTTGTGGTGTCTGGCCTGGGGAGGATGACGAAGAGGACGAGGAATCACTACAGTTGGTGGTGTCTGTAGACGAAGGGGCACCTACTACCGA[C/T]GTCCCT GCACCTGTACTGAGTGGCAGAGTCACTTCAGCGACTGCCAGGCACACCTCCATCAGGGCATGGAAGTATGTCGAGAAGCGGCTCCGCTCGCCAGACAGCGCAAGCGCTCC ACCACTACCCGTTGCGGAAGTGCAGGAACCGCCGCTAACAAACCCCCAACTTTGGGTCTCGTGGTCATAAAGCTTTCGTAGTTCAGTTTGAAGAACCATGAG		
LG1	ref-2454_27	51.043	TGAATGAGTATAAATTCTATGAATGAACTGAACACAAATCAAGGAGCTGCGTTCCTGTTGCCTTTTCCATACTTTCCACTATTTAAATATATTTAAATAGCCTATTTATTAT CGGATCACGAAAGTTCCCCAAGCTGGGATTGCAACTTGTGTATCCGAAGCACAACCTGCACAAGATGCACTTCCATCGAGACT[C/T]TTGGCTCAGAAAGTTAGAAGATAT TTAAATAAATGTTATAATCATAAAAAATAAAATAAAATCAGTTC AAGGCATATTTTAGTGATATCTACAAAGAAAACAGATATATCTGTAATAGACCATAGACAAAAC GGTCTTCTCAAGTAATTCTCAAGTAAACTTCCGGGTAA		
LG1	ref-18055	51.302	CGGCCGATACCGATACTAGTGCATCCCTAAA		
LG1	ref-60496_10	51.586	ACACAGCTATTGACCAATCAGAATCAAGGACTGGAACTAACTGTTTTATAAAAAACATTCTGAACACCAAACCTGAACCAAAGTCTTAGCATTATTTGAAAAAGACCAGCGG GTGTGTTTGATTAGTGATGGAGCTGAAACTTCCAGAACTGCTATTGAAGACATCAACTGGATAATCACGAACATTGAATGCACAACCTGGAACTCAAGCG[G/T]GATGGTA GTGCTCAGATTCCAGAAGGTTCCAGAGTTTCTCTAAACTCCAATCCCTCTCATTTTTCTTCAGCGCAATTGCTTGATTTCTTCTTCCTAGGGACAAACTGCTTTTATTATTT CTGGGGTGGTGATAAAATATCCATGCTGCTACCGCGGGCCTGGTGGCCGGCAGTGGAGCTGAAATTAGATATCTATAATTCAAGTTCACACTTCAGACGG		
LG1	ref-57267_2	51.913	C[A/G]GACGTATTGCAATGGATTGCTTTCGTAGTG		
LG1	ref-30392_5	51.951	ATGAGAGGTGGCTTTATGTGCACACTTTGGATGTGAGCGCGGGAATGAAAATTATGCGCAATCCTGCACCGAAATTCAGACCAGCCTTCTTATGATTGCATTTTTACTAC CCATTTGTGTGTGCTCTTTTGTGTATTAAAGACATCAGAGATTGGTGGTACACTCAAAAAAATGATACGTTGAAAATGTTTGAAGGAATT[C/T]TTACACGACACCCCTG CTCTCACTAGACGGCTCCCCAGTTAGGAATTTGGTCTAGGGTTTTGGCTATGAGATGAAGGTCTGGCTTTGACGAGTAAATATAACAATTCAGTGGTACTTTATTAGGAAG ATCCCCAACGAAAATATGAAAAACAGCTAAATAATTCCAACATAAAAAACCCATTGTCAAAAGGATAAAATATATAAACTACCAATCAAACGTTTGGG		
LG1	ref-33497_25	51.955	Chr7	7372142	CTGTCAACATGAGGAGGTAAACAACAAAGTTGTGTTTGTAATTTATTAGATTTTTTAAATGTATTTTATAATTTATAAGATATTCAGTTTAAATAAACGAAACAAATTCTA ATCATATAAAAAATAAATACATTTTATTTTACAATAACAACACAAATGTTTTGTAACCTTTGCAAAAGGCTTCGCTTCAAAAAAATGCACAACCTTTGAAGCGACTGCTCTGCC C[C/T]TGTGCTTAGGATGCTTCATTGCTTATGTGAATGATAAACAAAAAATAAATATTTAATACTTCAAACCTGCCCCACTAATCGATCTTCAAAACGTTTTTATAAT CATAACCTGATGTCTTCTCCCTCTTAGATTAAAAACCATCCTGAGTGGCTTTATTATCCGAGGGTATCTGGGAAAGTGGACCTGATGATAAAGACCA

LG1	ref-51675	52.297			GAATGGGCAGGCGAACTCGTGAAATGTCTCATCTGTCAACATGATGCTGGTGAATCACAGAGATGGTTCCACATCGCTATGATCAGTTGCTTTCTGAACTGCCGCTGTCAATTTTGTGTATGTTAAAGCACAGCACATACTATTTATATATTCATCTAATTAACGTAACCTCTCAGCAGGATGGACGTCGGGATGTTTCGACGAAAGCGATTTCACAACTTTTACTTCTAAGCGAAGAACGGAAAAGAACTTCAACTTGAGTTGTATTGGGGACAGTTACTTTTAAAAAGTAATGCTTTACAATACTGTGTTACTACCTTAAAAAGTTATTAAACTGCGGAACTTTTTATGGAAGTAATGCGTTACAT
LG1	ref-69537	52.321			CCTTGACCGCCGACAGCCCTGCATATTGTGG
LG1	ref-50108	52.811			AATTTCCCTCGAATCAGTTGCCGTGTGACA
LG1	ref-19190_32	52.998	Chr7	15758300	CTTAACCTTTATCATACCTCTGTCTCTTTCACAAAGCACCAGTAAATCTAGTAAGGGATTGTCATCCTAAACATGGAGCGCCCCCTCATTTACATTCTCAATGGAGACCCAGATCAAAGTTCAGTCAGTCAAAACCCATCCCGTAACGTTAAAGGGGTCGGCACGACCTGCCCACTAAACGAGGATGAGTGCCAAGCTGTCAATCTCCGAAGGTGGTGTGTGGAACACA[C/T]AAGAGTCGCTGATCCAGATCAGGAGAAGATTAGGGGTTACCTCACTGCTCATTAGAAACTCTGGAGCGAAAGCCAGACCTCAGGAAAACATCTTCCTGTGTGCAAGTGTGTTTTCTAAGCTCAGTCTTGTCAGAAAGTCATTATGTCTCAATGGCTTAACGAATCATCTGGGTTTCTTACAGTTCAACAAATGGTTAA
LG1	ref-19472	53.345			CCGGCGTTGCCGACGCTGTGCTCAATCACC
LG1	ref-13703_6	53.806	Chr7	20534720	GACAGTCAGACATGGCTGTTGAGTCACAAACCAGTATTGGCACTGGCGACAGTAGGAGTTTTGTCCTTGATAAGGAACCTATTTTATCCGAGGAGAAGGAACCTTCGCAAGTTCTGCCGTAATGAGTGAGAACTCGATCTCCAGCAGTTCCATGTCAGATGGAGACGAGACACAGCTGGCCAGGAGCTGGCTGGACTATGAGCA[A/G]GATTCGACTCTCTTGCAGACATGGTATAAGCTGGATGAAAACACAATTCCTGCTTACTTCTGTCAAGTAAGTGATGCCTTAGTGACGTAATCCTGCATATCACATAAGTATCTTTTCACTCTGACTCACTATTTTATATTACTTGATGATCCTTCAGTGAATCGTACCAAAGCACTGTTGCCAGAGGAGAAGTGGCCCTGACTAAGCCTGGTTTCTCCCAA
LG1	ref-63537	53.962			CCAAAATAAACGATGAACTGCAACCGAAAC
LG1	ref-33465	54.687			AAATAAAAGAAAATCTGCCATCATTCACTCACCTTTATATAGAGATGCACCGTTGACCGGTTTGTTTTATTTGACTGATCTCTGTCTTGGACTTGCACACAACTGCCTTGCAATAACTTCCCAAAATGTTGTTGTGTGGAAATAGTCTGTAAACAGGACATTAACACAGGCCAGAGACGGGGCGCGTGAATACAGATGCAAAAGACGAGAGGAGAGCACAAATACTGTACCAGGTACAGCAAGCTCACTGTTGCGATGCTCAAAATATTGGAAGAAAGAAAAATATAAATTTGAATTGCGGGTGGGGGATTATATGAATGTATCTCTAAAGGGAAGTACTGTCTTCAGAAAAGTTCCATGGCATTTCCTTTCTCTACCTTCATATAATGCCTATTAAAGTAGTGTTATAAGCACAGTT
LG1	ref-53975	54.9	Chr7	9613479	ACAGCATCTGAGCACACAGCACATCGTCTCTGAGGGCCGACAGGTGCAGCGCGCTGTGCCGTCTCCAGCCGGCCAGGTTAGTGTCCGCTCCCCGCTGCAGGAACATGCAGAGTACGAGTGGTTGCCCTTAATGACGGCGTAACGCAACAAGAAGCCGTTCTGAATGTCTATGTTGGCGTTGTGATCGAGCAGAATGCGAACGCAGCTGGAACGCTCGCGGATAATCGCCAGCTGAAGCGGCGTTGTGCCCTTTGTCGCTGAGCGGGTCCACCTCGGCTTTGAACTCTAAGAGGAGACGCACGAAGGAGTCACGGCCGTAGTGGGCGCGACGTGCAAAGGGGTCCAGCCATCGTTGCTCTTGCGGT
LG1	ref-28129_28	55.021			CGGCGCAATCAAAATGCAGTCTTTGCAAGGGAAGTGTCTCAACGGTCCGTGGCCAGGTCAGATTACGTGAGAGTTTGTGTGCTTTGTTGAAAAATCATACCACACTGCTCAGACATTCGCCGACCCAACAAACGCAGATTAACATGTTTCAGTCAGGTGAAAACAACTCCGAACAACGGCAACAGACTCGACACG[G/T]GTATCACGCTAGCTGTGTCTCATTTTCGGAGGCTGCGTCTGATCCAACAACTCCAACAGACGTTAATTAATAATCCACTACATCTTCAGTGGCTAATTGTGCGAGAGTACAGGACGACTGCTATGTTTCATCTTATATCCAAATACAAAACGCCTCAGTTGCTTTGGAG
LG1	ref-49163	55.44	Chr7	46735315	GAAATTACTTATTCATAAGTACCTTACTCAGAAAAAAGGCTATTTTCAGACACAGCCAAAGTTCTTCTGTCTATTCCAATTCAACTTCATGTAGGTGTGGCCAATTCAGTTCAATTTCACACTCATAAATTGAAAGGGAGCAATTTCTTCAGTTCTGAATTTTGACAACCATTTGTGTTAGACTGTCAAATGGTCAAGGGCCCTGTAAATGCGATTCTATGCCA TCATACCTCTCTCTCTCCACAGGTCTAATTTCACTGTTGAATGAGACAGAGCTTAATGAACAGGCACTGCTAAAAACATTTTCATCCCCCACCACATCTTTTTTTTTTTTTTTCTCCCCAATAACCTCTCTAACCTGAGGGAAAGCACACCTTGAGCTTATTCAGCAAAAGTCAAATGCCAGCACCTCAGTCTCTTTTGACAGACT
LG1	ref-44344	55.517			CGGAACAAGACGACAAATGTGCTGTAGTCA
LG1	ref-6038_26	56.018	Chr7	63473983	GCCTAAAAGCAAAGTAGTTATGCCTCCACTACTTTTGAAATGTAAAACAGAAACAGCCACAAAATAACACCTTAAATCATGGATTTTCAAAAGTGTTACAGTGTACAGTGTTTTTTAAAAGTAAAAATCCATTAATTTTATTATTTGGCTTTCACAGTCTGTCCATTGCTCTAACAGCAAGCCCTTCGGAA[A/T]GGACACATTAATGCAACTCGACCTGACTTGTGTTTTGATTTAAAACATCTAACCAGACATTTGTCTCGAGTCTTTACTAGAAACATAAAGTGAAGGTTAGGATTTGAAGCACGACTCTGACCTGAAAACCAATGACTCTGACCATGTCTGAGGACTATCAATAAGGAAGTAGCTTA
LG1	ref-50178	56.031			AAGAAGACTGAGATATGTGAAAGACACATACTATTTAGACTTAATCATCACTGACAAAGCATGTGATATTTCCAGTCTGGTTTCAGACTGCTTCTGTAATATAATACTCATGACAAAAGTCAAGCTCACAATCATCTGGAACGTTTATTTACTGTATAATACCATTTATCAACCAACATGCAGCCCACTCATTCAATTGAGGTTGTTGAGGAGGTGTTATTGGTGTATGTGACTTCAGCTCCTGTTGCCATTTTGATCGGAAAGCTCTTGTCTCATATTTTATTTACTTTCTACTGTGTGGGAGATTCTGGGAGTAACATTATATAATTATGACAGAGCTTGCTTGATCTTGTAATGAAAGCATT

LG1	ref-55265_27	56.156			GCCCGAGACTCGAGCTTGATGCTCGA[C/T]TGCCT
LG1	ref-32953	56.238	Chr7	46267964	ACACATACACGCACACAGGCTGATTTTAAAGAATCAAAATTGTTTTGTCTTACACATTGAAGTGCAGTTCATAATTTTCATTCTGCTTGGATGAAATATAGTGGACTAT ATGTATCTGGAAAAACACACCACACAAATTCCTCTTCGTCATACATTCAAACCTCCACCCTGAACTGTTGCAAATGCACTCTTCAAACATTACTGCACGGCTGGAGTGCT GCTCTCCCTGGCAGTTTGGCTTGGCGGTGCTGGTGGGTGGGATAATGGCCCGGGAGGACCGTGATTATGAGAGGGGAGGGGCCAAGAGAACAACCTTCTCTTGGCCGACAT CATTTTATTATCCGCTGCCCATCAGAGGTCCTTGAGAAACATGTACTTTCAGCCAGGCAATCATTCATCTGGGGTCTGCTCCAAGAGACATGGAG
LG1	ref-31235	56.409	Chr7	47825645	CTTCTATCGCAGCTAAATGCAAAATGCCACCGTCATCCCAGGCCCCCAAAAATCCCTAATTGACAGCTTTCAAAACTCAACCTGGATATTCATTGACCTGAAAGATGA ACAAAACCAACAAGACTCCTCAATTGCTCAGTTGGGTATTGTGAAATTAATCAGTAACGTTGATGTGCACATTGTTCTGTTTAACTCCATGGCGAACTTGCATTAAC ACATTAACCTTCCAGTCACGTCTTATCAACACTCTTCAGCGTCAGAAAGAAGTTTCAACTCTAAACTATCGTAAGGCTGTTCCAGATGGAACTCAATACAAAGAACAAAG CATCCATGAACAAAGTTAGCGAGAGTTTAAAGTCAT
LG1	ref-1263_17	56.918			ATGCTCTGCACTCATTGTGTATGTCTTCCGGTTTGAATTTCCACAGCATGAAGGTAAGATTTTATGGATGTATGAATGAGCCATTCAATTTGAAATCTTCCCGGTCTACTGA CATTTGTATGACATATTTCTTCAAACATATTCTTCAAACATTACAATTCCTATGATAACTTAAATGAAAATCCACCTCTCTAGCTCTCAGCACTCTTCGACAG[C/T]GATGCC ATAGGAGCTACCACAAAAACGGAAGTTCAAACACAATATTCTAAAAATGGCTGAGGGCTGGTTTCTCTGGCACAAAAGGTCTGTAGAGGTTATTTTTCATTTAATTCAATA ATTAAAAAGGCTTGCTTAAAATGTTTGTCTTTATTTTTCAGTGTATTTAATATACACATATTGGTGTGGATGCTTGAAGTTTGTTAATGGCTACCA
LG1	ref-43579	57.104			AAAACATTATTTTCTATTTATCAGCAAATAACTCACCAATACTTTGGAGTTAATCGAATTTACATGCATTGTAAGGTTGAGACTCTAAGCTTTCAAACAACACCTACTTTTT GTTGATCAAGGTAGTAGTTTTGAAAAATATGATTATTCATTTTTTTCATTGCTAGGTGATGCCCGCGGGCGGTATACTCGGGTTTATAGAGATTACTCAGCGCTCCTTAAGCT GAGTAACCTAAGCTTTAAAATGATACCTATTTTGTGTTATTCTATGTTGGAAACTCAATTTGTGCAGACTCATTAAAGGGTGAACAAGGGAGGGATGATCTGAATGTGT AAAGTCTTTGATTTTGATGCAAAAAGAATTATT
LG1	ref-30056	57.226			AACTGGCAGGAAATAACCAATTTGACTGCTTTTCAACCTCCTCAGAGGTTGCGAGCCTGACGCAATGTTTTGTGGTGGACCTTGAGTCAAAAGCTCGCTGGAGACCGCTG CGCCCTGAGGCACAGAAGATGGCAGGATTGGCAGAATGGCCCCCTGAGGGCACCGAAGTGGCGTGGGCACCGTATAATGAGGTGTACACCACTCCACCCTGAAGGGGCT GCCCTCGCAAGTCTGACACTGGTGGCATCAGGACTTCTTCTTAGCTGAAGCCTTCTTTGCGAGAAGAACGGTTCTCAGATCCGCCTTCTGCTTAGGAGGCTTCGGCGAGGA AGATACTGCTTAAACGCTTCTGCCTGGAACCTTCTCGATGACATTATTCATGGCGTCGCCAAAGAGACCAGGCAGTGAAAGCGGAGCATC
LG1	ref-63127	57.324			CTTTAAGCAACGAGAGGGTTGCATTGGCCCC
LG1	ref-10621	57.363			CAGTCTCTACGAAGTTGATGCAATAAACGC
LG1	ref-69758	57.662			TGATTGTGACCGAATCAGTTGCATATGGGGC
LG1	ref-71191	57.909			CCAAGCAGTACGACTCCACTGCTCACCAGAG
LG1	ref-57834_15	58.387			TTCACTGCTTCGAA[A/G]CATTTGCAACACCACAT
LG1	ref-57834_16	58.487			TTCACTGCTTCGAAG[C/G]ATTTGCAACACCACAT
LG1	ref-35702_32	58.857	Chr16	12000005	GACAAGGCAGCCACTGGATTAACCCCGTTTCAATGCATACTTGATTTCACCACCTCTCTTCCCCTGGTCTGGAGAACCCACTGACGTACCCGCACTCAACGACTGGCTG AACAGGAGTGAAAGCCACCTGGAATCGAGCTCATACTCACCTCCAGCATGCTGTACGCCGTCTCAAAGTGCAAGCTGATCGTCATCGTCGTC[C/T]TGGTCCAGAATACCGTC CTGGTCAGTGGGTGTGGCTCTCGACTAGAGACTTATGTCTCAAATCCCTTGCAAGAACTTAGTCCAAGGTACGTGGGTCCATTCCAAATAACACGTCAAATTACACCGG TCTCATTCGGCTTGCATTACCTAACCATTTCGGTATCTC
LG1	ref-24121_28	59.341			TTCAGCCTCCTAGAACCTCTCAAAAATCACACAATAAGTTGTTTCTCCCCACCGACTGGCCAGCAATAGGGGCATGAAACGCTGCTATGTGGAGGGTGTGAGACCTTTGT CCAGACGCTCCTGGAGAAATGACAAATATCGAAGATATGTCACACTCAATGGGGTCTCTGTTACGAGTGGCACACCAGTCGACGAA[A/G]ACCGACCATTTTGGGCATAGA GGCATCTAGTAGCACGTCTCGGGGAGGTTGACAGGCTCTCATCGAGAGACCAGAGGTGCTGGGCCCACAGATCTGGTGGGGGTGCCAAATCGTCTGTTCACCTGAGA GAGGAGGTCCTGTCTCAGGGGATCGGCCACAGGGCTTTTG
LG1	ref-4484	59.825			CTGTGTCCGTCGAAAAAAGTGCCCCCCCCTC
LG1	ref-67331	60.264			CAAGACAAGGCGATGTAGCTGCTGTGAAAA
LG1	ref-6297	60.363	Chr7	31559990	AATTACTTTAATTATTTATATTGTTATACATTTTAAAAAGTAGCCTAATTATTTTCGACATGAGACTTGGAAGAACTTTTATTTTGAACGAAAGGAGCTTTAATATTTGCC GGAAGTATTATCTGCAATCGCATAATCGCCGTAGAAGAATCATCGGATCTGTATATGATAAGACACGCACGAGAGTCGTGTAAATACTCTAGAGATCAGTAAACCAGCAT TGACTTCGTGCATGTCCTGTGTTTCATTGTGATTTCTATCAGGTTTTCCGGACACGTTATTGTTGCATCAGATAGAGGAAAAATGGCAAAACAGGGAGATATAGGTAATATT

					TCTCTATTCAAGTTTCTTGCGATGTAACAGTCAT
LG1	ref-46424	61.437	Chr7	19313621	TTTAGACAGTCTTATTGTATCATACAATCTATTAACAGATGGCATCCTACAGTCCTGACCCACAGAAGAGCCTTCTCCGAGGTATCGAATGGAGACCTGAAGGCAAG CAACTCGCAGGAGTCCATGAAACTGAAAAAGAAATATCTTTGCTCAATGGCGTGTGTCTCATCGTGGGAAACATGATCGGCTCCGGGATCTTCGTCTACCCAAAGGCGT ACTGATGTATAGCGGCTCCTACGGGTATCTCTGGTAGTGTGGACAATCGGTGGGATCTTCTCTGTGTTTGGTGCGCTCTGCTATGCCGAGCTCGGAACCACCATCACCAAG TCGGGCGCCAGCTACGCCTACATCCTGGAGGCCTT
LG1	ref-27945_7	61.638			CCTTAAAAATCCTTACTATTGGAGTGTCAATTAAACAGTCCAGTTCCTTTCATATAATTAATTCCTGCTTGTATTTTGTCTTGTGTTTCCAGTACAAATATCTAAACATT CTTAAAAATAAGATACATTTTTTAAAAATAAGATAAGAATGCTTTCGCGTTTCGCTCACAAAAGTTTGCATTCCCCGAGTAAGTTTGCATTCCC[C/T]CGCGAAACCTTTGCAT TCCCCAGAGAACTTTGCATTGTCTCGCAAAAACTCAAAAGTTTCAACATTTCTCAGGGGAACGCAAAAGCGTTGACTTATATTTTCTCCACCATGTCCCTTTAGATGC TCCATACTTATCTGTTCAACTTTTTACTAAAAACATGTTAATTGCTCATCTGTAGAGTATCAGAGTCCGTTTGTGTTAGAGCAGTGCACCTTATAGC
LG1	ref-71881	61.84			CTACATTATATGCCACACTAGACAGTGCATTTCTTCTCCTTCTCGGTATTATCTGAGAAGGTCAAAACAAATACTTATATTCACTACTACATTATATGCCACACTTGACA GTGCATTTCTCTTCTCTCTCTCTGTAATATTGCTCATTTTGTGTTTGTGTTATCAAGCCAACCTTGAGCATTTAGATCACATAAGATTTAGAATAAAATAAAGTTCATAACATA CACCTCAGCCCATTTGTCTAGAGGATGCTCTGCTGCTGCTTTGGTTTTGTGCACAAGATGCAGCATCAGAGCAGCCTTGAACCTTGTCTATTGTCTATCACAGAATATATGAAA GGAAAGAAAAGAGTAAATCTTGAAAAAGAA
LG1	ref-15874	61.899			TGGACTCCCACGATACACGTGCTTGTGACAG
LG1	ref-25546_4	62.039			ACG[C/T]ACCTATCGACTGAGGTGCCTAACGTAAT
LG1	ref-1136_31	62.845			CTGATTGTCTCGATGGAAGTGCTTCTGTAC[A/G]T
LG1	ref-16037_16	63.718			AACATAGCATAATCAGATGCAACTTTATTTTGTAGTAACGGTAATACAGAATTTTCTCTATCATACAATACGTTTTAAAAATTAAGCATGCCATTTATCAACAAGCCATCCA GCATTTAATGTGGTATTCTAAAAATCGTTTTATCTTACTGCAGTGTGTCTCAAACAAGTGTCTCGCAGCACTC[C/T]TATCGTATCCATGGCATTTTAGCTTGTGTTTTTAACT CTTGCTTTGAGCTCTTTTACCGTGATTGCTCTTTCACGTGATCCGTACCTAAGCTCTTCGCACCACAAGTACAATTCGTACCAGCTAAGCTACCGAGCAACCTTAAAAAG CAAAACTAAAACTTAGTAAAACTGAACAAATGGAG
LG1	ref-44268_25	63.999	Chr4	14695866	CAGTGCAGTGCCTCCGGATTCTACATCAGAACGCCAGCTCAGTATTGGCCGATGCTATTTCATGTGAGCAAAAAGTATTCTTGATGCTTCATAACATTAAGGTTGAACCACT GTAGTCACATTGACTATTTTAAACGATGTCTTTACTACATTTTTTGGCCCTTGAAAGTGGTAATAAGGTTGCAGTCTTATCGGA[A/C]GCCAAAAAGCTCACGGATTTATCAA AAATATCTTAATTTGTGTTCCAAATATGAACATAAGGATTGAACGACATGAGAGTAATTAATGACAGAATTTTCATTTTTGGGTGAAATAACCTTTAATATTTTGTGAACA CCTTGTTGAAGAATAGAAGGAAAAATCATTATTTTGAA
LG1	ref-10254_30	64.338	Chr7	35416648	GTAAATCTATTCACTCGGGACCTCACTACACCCTCATTTGCTTTACTCAAGCAACTAGAATGAGAATAGCAATAAAAAGCACTTGCAAAAAAGGGAGAGACACCACACA CCAAAGCAATATTGTTTAAAGATTAACGCCCCAAATATCTTCGGGAAATAGGAGTGTGTTGTCATGGATGCAGCCTAATCGCTTAAGT[A/G]ATGGTGGTTTGAGAGGGAA TGTTTTCATGTTTTAAGAGGCTTGGTTCCACTTTCCTCCACCACAGAAATCATTCTACACAGGAGCTTCTTCCCTCTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCCAT GGATGTATGGATGAGTATATGACTCAAATGTAGAGCT
LG1	ref-37914_26	64.537	Chr7	30441360	ACCACAGTAAACCATCCTGCTGAGTCTCATGGCTCATTCCACCCTGTCTGTACAATTACATTAGATGTTAGAACTGTACTGATATTAGATCAGTTTGAAAGGATGATGTCAA CAACCACTAGTGCCATAGACCTGTCCGACTGGCCCTTCCATTCCCTGTATAGGGTAGTGCATTTAAGCGCATTCTCCTCATATTTATGTAGGTGTGCTCGAGGGTGTGCTC A[G/T]TCAGGCCTCTTGATTCTTAAAGATCAGCTTAAAAATAGACAGCAGTGAATAGCTTGAGGTTACTTGGGCTTCGCTGTTGTTTAAATCAAGTTCCCACTTGCCCTGACTTT GATTAATGACCTCATTACAAGCTTCTCATGTGGGCTGGTAATGTGGCCCTATGTTGTGTTGTATCTCTGTGAATCTGTGGAAAAATTTGTTTAGACGG
LG1	ref-61914	65.004			GGCCTTCAGACGATACTCCTGCCGAATGTGG
LG1	ref-33517	65.273			AGGTATGGTACGACACTCATGCCAAAGAAAG
LG1	ref-10722	65.5	Chr7	60724347	AGGCACAAAAATGGAACAGTTGTTTATTGAATTCACCTGTTTGTCTTTCTCTCTCTCTGAGAACAGAGGTTATTTTTGGCCGACTTTGTGACTCTCATATTTCTTTTT CAATTCACCTCAATCACAAAAGGGGACAATAGCTGAGCGAAAATAATGAGACATAGGAGCATGAAAACACATGCACACACAGCTAATCAGTGGAAACAGTGAAGACTGTGCT TGCTAATGAGTTTCCACTGGACAAACCTGGTAGTTTGACAAAGAGTGTACAGAAACACACACTTACACACACACACACATTACTGCCAAGGTGTTATCAGTTTAATTAGCCTTATAC AACTTATTTTGGCCGACTCTCTTTATCTTTGCGTGCACACACACACACACACACACATTACTGCCAAGGTGTTATCAGTTTAATTAGCCTTATAC
LG1	ref-62472	66.321			GCATGATCTTACATTATTTCTGTATGGCTTCTGGCTTGTGTTTGGTTGTGAAACGTAATCTGTAGACCAGACAGAGTTGTTGGCGATTCTTCTTATTGAAATGTTGTGTAAG GTGGGACCCCGTCACTGATCCGTTGTGCACACAGCAGCAACTAAATAGTATACGCAGACAGTCATGCAGTGTGAGAAGAACAGTGATTGATTACTTGAAAAATCGTGCA GTGTGTACCAGCATTATTAACAAACAGATTTTGGGTGAAGTGTCCTTAAGCAAATCTTTGTACATTCTTCACTGTAATCACTTGGCATTTACTCTAGGCACGGGCC

					TACATGCTTGTGCTTGTTATAAAAGACTAGTATTGCAGCATTTTTGCAGGTGAAAGAGGGACATTTTTTCACATAAAATAAATCCTGTTTATGGCTA
LG1	ref-67362_15	66.396	Chr7	52639416	AAATCCCAACCTTGAGCTGTGGAAATGGGTCATGCTCTGTTGTACGCCTCTATACAGCCCTGACCAAGCAGGAGAGGCACTATCAAACCTACTTTAAGATTCTAAAGATATCCAACACCAAGGGAACCTCTATTTATAACCTCAAGAAAAAAGAATTCAAGGTCAGTTGTGCCAAAGACTATTCTTATGCAGAGTCTAGTGACTTGAGAACAAAGC[A/C]TTATGCTTACACTGTTTAGGAGCACTCATACCCCTCCAACAGCAGCACTGATCACCTTATGAACATCTGAGCAACAAATATATACTGATTACACTTTCACTACTGATAATTTTCATTAGTCAGATACAAATATTATATTGAATTAATATTAAGTGCATCACAATGTAACAGTAGGCCTAATATTTTGGCGGATAAAGGGTTGCAAACTCATCAATG
LG1	ref-29806_10	67.475			AAATTTTGTTCGGTTATTATGCTTGTGTGCATCGGTTGACGTTGTACAAGCAGAATGTGGTGGTTGGTCGGTGTGTATTGTGCCGCCCTCCTCCACTGTGATTGGACGGCTGGGTACAAAGTGACAGTGATGAGCGCTCCATTTTACTCAAAAGTTCTTCAACTCTTGCCGACCCGGTAAAAAACCCAGAGCGTTCAGCGCTTCAGC[A/G]CGAAATAGATGCTAAGCACCTCGTTACGCTCCTGCCTTTTTACAACAATTGGAAAAATTGGAAAAAACACTTTGGTTGGCACATGGCCTTTAAGTGGGACCTGAAGTAGCCTGAAAAAGTTTGACAAATATTTTATCGAGACATCCAAATCTTTAGCTTTACAGTCTCTGAGGGGCCGATTCCAGCTGTAGTCTAAATGAAGGGCAAGCAGCAAAATCTCTA
LG1	ref-61849	68.336			GTCATTTTCTATAAAACATAGTAACGGTTGATCTTTTTAAGGTGACTTCTGTTTTTGTCTCGGTTTAAACAATTTTTTCTAGGTGAAAATATTTCTCATGACAAAACCTTTAAAGCTATAAAACACTGATGTTATCAAATGTATCAAATGTTAAACTTTATTGTAGCATTGTAGTAGTTTTTCTATTATACAAAAAAATGTTTGTCTCGACCCACATGCCCTAAAGGTTTTTCCATTTGGCCCTTTTGTGTATATATAGCCCTGCTGTACAGTATAATACAGTTTAAAAAAAATAGTATATGAAACAACCTATTATACTGAGTTATTGTCCAGTTATCCTTTCATACTTCATTTTGAAAACTTAATCCTTTGAAAATGTCCACATACAGGCCTACTAAATATTATTTATAATTCCATATGCATTA
LG1	ref-68673_17	68.644			ACAAAACTCGATTTTTTTTTTACGTGACACGCGAGTAAGCAGTCTGCAGAGGAAGCATCAACTTGACACACTACGCATATGCCTAGCCTACAGGAAAGCACAGTTTATGTTTAATCTATCTAATGTTGTGTGTTTCATACTATACAATAGAGATGGGAGAAAAGATTCTCTCTCTAACGATTCTGAGCTTAGTTTTTAACCACAGGTGCTCGATGG[C/T]GCTGCATGTGCTTTAGAAACTTATTCTGTTTGCTTCCAGTTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCACTCACACACACACACCACTCGAACCATCTACACAATAATCTTTAATAAAGTTCAGAAAAGTTTGAAAGCGAATTGCAAGGACATTCGCGCGCTTCATTGCACAGGATGTGAGAAACGTGTGCTTTGCTGATGCTTGCAATTGTGTCTGCTCGCC
LG1	ref-63353	69.039			CGATACACATCGACCTGAGTGCTGTACACGA
LG1	ref-34781_2	69.323			G[A/T]TTTGAAGTCGAGTCCGGTGCCAAGAGAGAA
LG1	ref-33329_30	69.622			AATCACAAAGCGAGGTCAGTGATGCTGA[A/G]GC
LG1	ref-28698	69.859			CGATGCATTGCGATACAAATGCCACTTGTAT
LG1	ref-34781_1	70.073			[G/T]TTTTGAAGTCGAGTCCGGTGCCAAGAGAGAA
LG1	ref-39246_26	70.482			ACTTCCACCTCACCTCAGAATCTCACTTTCATTTACGTGTGCTACTGAAACCCCACTGAACTTTTGTCTTCTCCCCTCACAGGATTTGGTGGTGATGAGATGCCTCCTCTCCCCGAAGTGGCTGACGAGGAGGTCATCTACCGGGTCCGCTCCATCATTGACTTGCGGCGATAGTGCAATCATATCGAATA[A/G]CTCATTGACTGGTAAGGTTACGGCCCTGAAGAACAATCCTGGGTGTGTCGTGATGATGTGCTCGATCCATCTATTTACCCAATTCCATCCTGATCATTCAAATCGTCCAGCACCAAGATGTGATGGCAGGCCCATCATCGCACCATCTGGATGTCAGGAGCCAATTGAGGAG
LG1	ref-66535	71.129			TGAGCATAGACGACAAAACCTGCAGCGTGTGC
LG1	ref-48985	71.771			AAGCTGTCTGCGAATTGCTTGCCCAGGAGGA
LG1	ref-54338	71.977			CAGCTGCTGAATTCGGAACCTCATAGATTCTAGTATACTACACTTACTACTTTTACAATATCTTTCTATGACAGAACTGTAGTACGCTAGTGTGCAGTTCCATATGCTGCTCCAGTCAGGATAAGCCAGTACCAGGGAGGTGCTCCTCTAGTGGCTGAGCAGTTCAAGAACATAAAGCAGCAAGGTCATACGTATTAGGTCTACGCCTAGTTACTAGAGTTAGTTGCATACTAAGCTCTCTTCTGTCCATTACAATTGTATTAAAAAGGATAGGAAAGGTAGAAAAATAATCTGATATCAACAGTTTAATTAATAAATATTACAGAAGTCTTGTTGTGGCTTTAATTTAAATTGTATATTTAGTG
LG1	ref-68306_24	72.581	Chr7	35560350	GGTACATGATTAAAGAGACAGGATTTTTGTGCTTTCAAACCTTTTTAAGAAGCTCGATGACGTCGTGTTCTTTGTGCTTGATCACTTTCCCATCGATGGGTTGGTCGTGAGTGTACCGTTGGATTAGAAGCAGACAGCAGGACACATGTTTGTGCGCTCGGTAACGAACTGTGACCAAGGCACATCTCTCGCT[G/T]TTTCTCGTGAGGTTGGCCCTGCCCTCTCACAGGGCCGTTACAGGGCCAGGCAGAGGGAGGCGCTGTGATAATTTGATGTGAACTGGTTGGATAAATCACCCCTCCATTACTCTGTCTTTAGTATCTGTTTATGCCTCTACAAATTGAAACCCCACTGGCACAGGCCTGCATGGC
LG1	ref-68970_27	74.542			CAGAAAGCAAGAGAAGAGCCCTCCCCGCTCCACTAACGCTGTCAATCTATAAAGCGCAAGCTCTCTGAATTCTGCACTCAAACCTCTAATTAATAAATAATGCTGTCTTAATTGTACAATAAATCTCTTATTTACATCATGTTTTTTCACACTTTATTGGTTACAGTGAAAGGATTTGTGTGCACGTGGCTCGCATTT[A/G]ACAAAACGGAACCTTGTCTTTTTCTGTGGTGTAAAGCAGATTCTGACTAACTGGACTGACTAGCACCTCTGATAGGCCATTACGTTACGCGCTCAACAGATTTGATTGTGATTAGCTACAGTCCTCAACACTTGTAAAAACACGCTGTAAATAGAAAACTTTGACTCTCAG

LG1	ref-29956_17	76.246	Chr7	49787319	CCATTGATGTTTTAGCTCGAACACATTTTAGATTCTTTATCTTCTCTTTTATTATGCAATGAATCAGTTGCTGATGTAGACCTATCAGTCTGATTATAATTTGTCTGCCTGT GGCCATTGCAAGGAGCAGATCGCCTAATGTGAATGCAAAAGATGTAGGTCCTGGGGAACAGGATGCAGCCCAAATGGCTACAGATAAATGATGGAGCGAACAC[C/T]CTG CACTGGTTTTAGTTCTGCAGCAGATGTCTAATTCATACACGGACACAAAAACCCTTTCTGAGAGACATTTGGCGCACTGGAGAGGAGCCAGGGTGTGCACAGATGTATA GGCACAGAGAGGTTAACGTTTCATGCATTTTAAATCTATAGAAATAGGTCCTTTGAGCAGCTTATTAAGCAAACCTCTCATTTTCAGTGAGAATGAGAATTG
LG1	ref-32274_5	76.522			ATAATTGGATTAGAGAGGCTAGAGCACGGTTTGAAAATACTGATCAAAAAGAATGTCTTGTGGAACGCATTGAAGTCTATCAATAATAGGTTGTCTTGTATTATCCAAT ATTCCGCTTCAAGTAAAGAGTTTGCACATATAGTATGAAAACATTGGCATATTTTAAGTTCGG[C/T]TCCTGCAAATGAGTCGTGTGTATAAAGATCCTCCACGATTGTAC ATAAACAAGCTCTTAATAGGCTATACATCAAATGGTGGTGAAAGCTGACCAAGGATTGGAATGTTCCAGTACGCCTAATCCCAGTCCCTGACGGTAATTATAGGTGTGGAC AATGTGCACAATGTAACCTTACAACATAAATGTTATGTTT
LG1	ref-52247	77.287	Chr7	46860973	CCCGCCCCATTGTTCTGGCTCATACCCCATCGCACTCCAGTTCATATTAATAAAAACGAGATCACTCACCCTAATTAACAAGCATGCACTGCTAATTACTGCTCTGTACA ACAAGCTGGTTGATGAACCTCCTTTAGAAAAGAAGGAGAGGAGAAAAAGAGGACGAAAGAGACAGGAAGGCAAGCACACCCGTAAGTAGACTGTGCGAAAGGAAAGAGCAA AATGGACAGGGAAAGACAGGGAAAGAAAGATCAAGATGATAAAGTCACAGACAGGGAAAGAAAGATCAAGATGATAAATAGATAATCATGATGGATTGATAAAATGTG CTGTTGATGTAATTCAGTGGTAACACTTTGATTCTTTTAAT
LG1	ref-32594	79.119			CCGCAATATGCGATCTCATTGCATATGAGGA
LG1	ref-1624	80.925	Chr7	44463211	ATAATGACAGCGGTAACAGGTGAATGAAGCACGCTGTGATTGATTGACAGATGAGCTGATCCGCTCAGGCCCGCCTCCTCAAAGAAGATATCACCATACCGACTTCTGT TCTGCTCTGTACTTTTTAGTTGCATTTAATTGAATTGTATAGGCTAAATGAACCTGTAAGGGAGCATGGCATTAAACGTCATCATGTGGCTGTAGATATTTAGCTCTGATACTT CATTTTGAGTTGCTGACAGGATTCATTGTTGCAATTAATTAACATAACCTATGCCGCAAATAACCGACTGTATTATACAATTTATTTCAAAAACAACTAAATATATGTAAG GAATATTTCTGTAGGTCTGAATAACTGCAGT
LG1	ref-57741	81.964			GTTGTCATACCGATTACCATGCCAAACACTC
LG1	ref-41374	83.364			ACTGATACACGATGTGCTGCTGCTGCTGCTGC
LG1	ref-21617	83.899			TGACGAGCTCCGACGCCGATGCCTTAAGACA
LG1	ref-37423	84.477	Chr7	42752243	GACTTACTTAAACACTGTCATGTCAATTTAACCTTAAGAAATGTACAGCGGCAGGGCCCGGGAGCAGAAAGTGACCCTCATTACTGTTTAGCTTCAGAGTTAAAGTCAGGCTT CCATTGTTGCTTTGGAAGAGGATGTTGTGTAGAATTATGCTGCCATCTGTACACACCATTTTCATCTTTCTGCTCTCTAGATTGGTAGGTTATGATGACGAACAAGGCGCC GCTAATTATGATGCATAAAACACGAGAATGTCCCTTTCTCTATCTTTGCTCTTTGCTCACACACAAGCACAGAAAAACCGAGACCCACATCTGCTTGGAGCGGAAACAAA ATGGATGCATGCCCTTTGGGAGCCCAGGCAATGAATACTGTTGGCAGAACAAATAGCATTTAAAGGGAGAGTAACCTTTGCTCAATACATCATT
LG1	ref-51980	84.685			TCATTCATTTTTTATTTATTTTTTAAAAAGTTCATTTAAAGTCTAATTTTATTAAAAAACAACTAACTAGACTGTTGCCTGGAGGCAACAATGTACCATAGAGGATTAAAC AATATATTTTATTTGTGTATTGATTTTCAGCTGTCTTTTAAATAGTCAACTTATTTTCGGATCATCAGTCATGCTCGGTAAACACTCTGTGCACAGACACGAAGATGTTGCCTA TCTTTAATTTACCAAGCTGATTGCTCACTAAAACCCCTGCAGTCAGCATGTTTCAAGTCTTCTGACGTTTGAATTTGACGTGACAAAGCTGTGATATTTATTTAATTAGT CCTACTGATGCCATAATTTGTTCATTACAGACTGACGCGCGGAACGCGCATGTAAACAAGAGGCGGCATTTATCGCACAAAAAAATCGTATCCA
LG1	ref-32208_29	86.209			CGAACATGCCCACCGCCTCCATTAACCTTGTCTAATAGGTGCTCAAACCTTCATTGGCTGATGGGAGGCATTGTTTTCTCATAGACTATCATGCCCCCTTGGACCAAGACAC TGCATACCAAAATTTCAAGTCAATCGGACTAACGGTTGCATAGTTACAGCTGTTTTTTCATGTTATAGCGCCACCTAGTGTTCCATCGACACGGTATACCGAGTTTGGTGCAA ATAT[C/G]TCATTTCTGTTCTTGAGTTATAGCCATTTTAGTAAAAGTGGCTCCTCCACACCCCTACGTTTTAGCGCCCCTTAGCGACCATGAATCAAAATTTCAACTTTTTTTTG ATAATTATTGATATTACAGACTCCAGAGAACATTTCTGCCTAGGAAGTACTAGTTCGCAAAAGTAGGTTTTTGACAAAATTCAAAATGGAGATAT
LG1	ref-22633_32	86.543	Chr7	36907982	GGGGAAGGCTCTGCGCTAATCCAATTGTGCAATTAGAGGAGGAATAGGGGGAGAGGAGAGACAAGGGGAGAGGATCTTGGTCTGTACCATTGACCTTTGACCCCAACAT GAGCTGAGCTAATGCCGTGTAGGAGATGAGCAACTTCATCGACTTTCCTACATTGTGACCGTAATGTGTAAAGAACTATGTAGACTGGTCAAGGACAGACCGAAGCTGA TGCCACCATTTT[A/G]ACACAATTACATTTAAGCAAAGAATTGTTATGTGTGATCTATTTTTGATACCCAATGCGTTATAATAATTAACTTTATCTGATTTTTAACATCTGTG GAACTCTATTTTTCATTGAAAAAAATTAATAGTATTTTGTGCATTTAAATACAACATTTAAAAAAGTCAAAAGTCAAAATTTAAAGTCA
LG1	ref-34822_25	87.492			AATAACATTTTCGAGACTTGTGCTG[C/T]AAACTCG
LG1	ref-47905_29	87.622	Chr7	15629599	TTGATCAGGCAAAACCGAGTCGGATTAGAGAGGGGAAAAAAGGCTGAGTTTTTGCAATTGCGCTGTCAGTGTAAGTACAATAAAGTGTGCACATCAAATATTTAAATGCACA ACAGCAAAGGAAACTTTATACCTATTTTTTGAATGCTCACTACCCAACAAATCAACACAGGAATGTATGCACTAGACTCGAATCAA[A/T]CAACACACAGAATCGACTGA TGAACCGACCTCTCCGTTCAAGTGAAGTGAATTTGTCATAATCAAACGTGCTCAAGAGAACCGTGCGTCAGTGTGTTGAAAAGTCTCATTACACCAGACCAACAACAAAT CCCTAATAAATAAGCACACGTCGCCATTGAGGAACAACAGA

LG1	ref-3951	88.765	CCATTAAACGCGAGATGTGTGCATGTGTAAA
LG2	ref-8043_18	0	AAATGAAAAACGAAAA[A/G]GTGCCGTTTTTCG
LG2	ref-8043_29	0	AAATGAAAAACGAAAAAGGTGCCGTTT[C/T]TCG
LG2	ref-16713_4	0.065	GAG[A/G]TGTTTACGAATCCACTGCTCAGCGCTCA
LG2	ref-48628	0.362	ATCTCTGGTTCGACCACGTTGCTGAATCATC
LG2	ref-11281_24	0.436	CTCCCCGGGGCGAGACTGTTGCC[A/G]AGAAAGCT
LG2	ref-43069	0.446	TTCAGATAAACGATCCAGATGCTGCTTTGTG
LG2	ref-16713_15	1.089	TCAATGGCGCTCTTTACCGAGCGTTACACCGATACACACAGGAGCGTTTGAAAGCAGGAATCTATCGTGGACCAGTCTGCTGATAGACTCCTGCTTTCAAATTCAAGCAC ATCCGTGTGCTTTCAATCGCTCCTGCGCGTTGATCATTGTAGCCAATCACAGACATATCTGATGAGCATGTCAAAACAAAGGCCAATCAGAGATGTTACGAA[C/T]CCACT GCTCAGCGCTCAAAGCATCATATTTTTAAAAATTTGGTATCACAGTCGATACTTCTGACAACACTATAAAATTGCCTTTTTTTTTTTTACTTTGTTTTCTTTGCAATTAATTT TGAGTAATGGACAGAAATAATCTGCAAGCATTCAAGCAAAAGCAAGGAAATACTGAACATATGTTCCATATAACAAAAAACAGGGGAACATAAAACC
LG2	ref-49966_18	1.298	GTTGCCTTCTCGAACCA[C/T]GTGCTGCTGCCCCG
LG2	ref-15673	2.021	CAACGTATCCGATTTCACTGCAAAATGACA
LG2	ref-40795_15	2.192	AAAAACCTGTCGAT[A/G]TCGCTGCGGTTTTTGCG
LG2	ref-40795_24	2.426	AAAAACCTGTCGATATCGCTGCG[G/T]TTTTTGCG
LG2	ref-54663	2.73	TTCCCTCGATCGAAACCTATGCATTTTGCC
LG2	ref-48122	3.206	CCTTTGACCTGAGCTAGTAAGCAATCATCTAGCAACCACATAGAAATTCATATATCCTCTCACAATCTCTATAGCAACCATATAGCAACACCCTAGCCTAGCTTCATGAC ATCAAGTTTTGCATGAACCCACAGAGCAACATGCTAAACACCACTAAGAACATCTTAACAACCATATGCAATCCTATCGGTCTGGAAACGACATGTTTCACTCACAATTC CAAAAAGTAAACATGTAGGCCTTCTTATTTTGCATTAAAGGGATATTTACCCAAAAATGAACGCAAAACATACACAAAGTATTGACCTATTATTTTCTCATATTTTTTT CCCACCACCATGTCCCTTTAGGGGTTCCATAAGA
LG2	ref-73208_14	3.346	TTTATGAAGCGACTTGTGTGCTTTGTTTGCGCAAAAAAACATAATTTACCACTTCACTTACAAAAATATTGATCTGCAACATGCGTTCACAAGAGCTTCTTGACCCATTTT TGCTTGAACACGCTTTGGATAATATTATTTTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTGGTAAATTATTTTTTATTGCTCAAAACAAAACTCAATTTTATGAAGCGAT[C/T]TGAGTG CTGAGTCACTGGAGTCACATGGAGTACTTTAATGATGTCTTTTTCCTAGTTGTAGTTGCATTGGATCTCTATGGAGAGACAGAAACCGCTCAGACTTCATCAAAAAATATCTT AATTTGTGTCTGAAGATGAACGAAGGGATTACGGATGTGGAACGACATGAGTGATTAATGACAGAATTTACATTTTTTTGGGTGAACTAACCCTTTA
LG2	ref-44884	3.561	GTAGTGCACTCGACTTGCATGCCAACAGCGA
LG2	ref-23241_31	4.902	CACTGGGAGACGAGGAGAATGCTGGAGACG[A/G]G
LG2	ref-30933	5.141	ACTGAAGAAGTGAATATCGCTAGAGAGCCCTTCGCCTTCGAGTGTAACATAACGAGCCAATGGACATTGGCATGCGAGCTTTGCGTCACATGCACCGCCCCCTTAGCGC GGGTATAAATGCGGAAGTGAGAGCATTACACTTTGTCTTTGCTTCGGAGCCAAGCATTGTGTTCTGCAAAAAGATCGCCTTTTGTGCAAACTCTATGAGTTTGAAAA GCTTCCTTTTAGGATCTGTGCTGGTGTTAAAGCACTATACAACGGTGGCCATGAGCTTTACAGAGCTCTCATCTTGCTGTTTTGTCTGGTTGGTTTGCGATTGGGCTGGT TCCTCTCTGTGTGTGTTGACTGTAGGCGATCAG
LG2	ref-23241_30	5.18	CACTGGGAGACGAGGAGAATGCTGGAGAC[A/G]AG
LG2	ref-11970	6.171	TAATAAAAGAAATCTTACTCATTCTCTCATTTTCAGATCTGTGCCAATCTGGATTGCGTAATTGTGTCCACCAAGAATTATGAACCAGTGCTGAAGGAAACCGTCCCTAA ACCCAGAAAGCAATATGACATTGTTGAAAAAGAGCTCTGGTACTGTCTCCGTTTCGCTTTTCAGACTGCACCTCAGTCATAATGTCATTCTCTGCACCAACTGCTTGAACA TTCAATACCAAAATGTGTGTATGTTTGTGTGTGCAACAGGATCCATTTGGCGACCACTTGAAGTTAATGATGTCATTGATTCATGAGTTCATGCCATCATCGGTGAGCCG TAGCCTGCGGGAGGTGGGCACCCAGGAATATGA
LG2	ref-10666	7.091	GATGGCGACGCACCATCTGTCAAACTATTACTAATTACTTTATGCCAAGCCAGTGGAGAAACCGTTCTCACCTCCTCGGTCTAACAACATCATGGACTACTTTAAGAGA ACCTCGCCACGCGCAAGAAATAAAAAAGCTGCTTTCAGGTAGCTAAAGAGAACTCCCCGAACTTCAGAGCAAAACAGTCAAGAAGTCCCTGGAAAACCTATAAGAGGAC AGGGGCAGAAGCGAACTAGGAAGGTCAAGGACAACAAGAAGTCCAAGAGGAGGATGCACAGATGGTCACAGATGATGTTGTCTTGATAGAGAGTCCCAGTGAATCAGC TGTAAGGAAAGTGACACTGCTGCTGTTCCAGCTCAAACC

LG2	ref-2772	7.884			GGCATTATATACACACATGTAGTTAATGATACAGTGTITCCACAGCACTTCATTCTGAAACAAATTATGCCATATTTTTATTGGCCGGCAACCTGTAAATAAAAAGCATGATGATTTACTATTTGTAAAATGAAATAATAGGATTACAGGGCTATGTTTCGATACAATGATACAACAATGTATCGTCACATACTACTTGTGATATGAGTATCTATACAGCTGCTTCTGACGTTTAAAAAGGAAAAAGTGCTGAAATTAATGAATAAAACATAATATATAGGCTACAACAAGGCTTAATCTGGCCACAGAGGAACATAACTGGGATTGCCTGATTTC AAGAGACCCCAATCAGAGCTTCACACTTGCATATCTGCTAAAGTGTITTACTTATTCTTCTCAACCTGGCAACCATGCGCATGGGCTCTGTCTCCGC
LG2	ref-68735	8.101			GTITCTGCTGCGATCTCGATGCTGAATAGAA
LG2	ref-13369_8	8.222			TTTTCCCTTTAACTTCATTTCACTTTACTATATTTCTGTATGATTAAGAGCTTGCTTAGCTAGCTTATCAGCCACTTCATTAGCCTCCACTCCCACATGAGCAGGAACCCACA AAAATGTTACTAAGCTTACTTTACTTATTCTTAACAAACTTGCAAGAATCTCATATATAATGTCTTGCCTTGATGATTTTAGTCCACTTGCAAGG[A/G]TTGATAATGCTGCG TAAGAATCAGAACAAATTACAACCTAAGCTTGNNNGGCATAGGAAAAATCC ACGGTGGAATTCCTGGATACTATCACAGTTGGGCTGACATCACAGTCTGCAATACCAACTACTCGTGCTTCCCTTTAGCAATCCATCCAAAGCTTTTGATGT
LG2	ref-43873	8.377			AGAGTCAAGTCTGACTGGGAAAAATTGAGATCCACACAACTACATATGTCCAACCATGTTAACAATATTGTCAGGCAAGTTTATTATAGTAATAATATATATATTTTCAAT GTATTAATGTATCAAGTCAAAACATAAAAAATACTAACCTGAAATCCGAAACGCTGTAGCCAACCCCTTGCAATTGAGGTTGGTATACACCGATTTTTTTTTTTTTTTTGTATG CGACCCATAGGCCTATACAACCATGCAAAGCTAAACAAGCCCAAACGAATTCATTTAAACTAAACTGAAGGTAAACCTGTATTGATCTCATGCTTATACTTCTCTCTTCG GCACAAATCCAAATACTTCCATTCGCGATGTATT
LG2	ref-8362	8.901			TCAGTATGTGATTAAGTGTGGCCAGGTTTGACATTAAACTGAATATTTGTGGAATGGCACTAGCAACTCCAAGGTCATGGATTGTCTCCAGAGAACAAACGTTGATAAA AAAATGTATACTTTGAATGCACTGTAAATTGCTTTTGATAAAAAGCATCTGCCAAAAGCATAAAATATAAATATATAAGCAGTACTTTAAAAAAACGAGTCTCGAGATCCCTGT GTTCTGTTCCTACTCCATTGCACTCCATCCAGAATCCTGTGTGTGCGGCCTCTGGCACTAAACTCAAAAAATGCATGTCAATGTTAAGTATGAGCCGCAAGCATATCAACATA AACAAAGTTCAGGCCGAGTACCCCAAGCTATTTGGAATACATGTACTATCATACAAACAATGCTAAATACATAACCCCATAAAAAATGTTCCACTTG
LG2	ref-4383	9.843	Chr3	30262306	TTGTGAATTTTCACTAGTATCTAAAATTGGTGTCACTAACTGCCTGTTTTTGTTCATGGTTGGTAAAAAAATAGTTTGGCCAGTAAATTTTATTAAGTCACCGGCCATTGGC AGGTGTGGCAAAAAGTTTGTTTTAGGCCCTGGGTCCAGGGCTCCTGAAAACACATTTGCGGCTATAGCTCAATAGTCGGGACTGGTTGCCACCTGGTTACCAGCAGATGC AGTAGGGAACAACAGAGGCAGGTATTGCTGCAGGTAGCTGTGACTATTAGTGATGCTTGAGTTGCAGTGTTTATAGAAGAGGGCCTGGGGCATGGCTTCCTGTTACATGAC AGCTCTACAAATGGCTTTTGCCCATACGGCATG
LG2	ref-38664_25	9.995	Chr3	29120223	AGCTTTCTACATCTTCCAAAGATAATTAAGTGCCTTTCATGGCAAGAAAAAATCCAACAAGACTCCAAAGGCCGTTCCACACATTCTCATTACTTTGAATGGCAGGCCCT GTGAAGACTCTATCAGCACTGCAGAAAGAGCCGGCTATTACAGTAATATGTGACATGATGAGGTTGAACACTTCTTCAGAGTGGGTTTATTATGTGAACCGACTGCACTGC GG[A/G]TGAAATTACCTGGTTATGGTGCTCGATGCCCATGCTGATTGTATTGATGAGGATGGCGATCATAATCCCTCTGTTGAAGTACTTGTCTTCAACGATACCCCAAGC TTCCTCTCATTTTCATCCAGACGCTTTTACATTTCCCAAAACAGGTACGTTTCTTCTCGGCGTGCTCTCGGAGTCTTCGTCCCCCTCTCGTCCAAGTG
LG2	ref-22048_32	11.111			ACAAATTTCTCCTTTCTAGAGATGAGTGAAAGGGTTTATACAATCAGAGCCCTCTGTTGAGTGCAGGTCAACTTACAAGAAAAAGCAAAGCTTTTGATTTCATTTCAGAGA CTGACACAAACACATCTACACTCTAAGAAAAGTAAAATAGGGCCCACTGTACTGTTAATATGAAGGATTCCCTTTCGAAGTGGAACCTTTAACTGCGTCGACAGTGATGC TATGGGAAA[C/T]GCCCTCAGCATGACCAGTGCCTGAATATGTGTAAACAAACACAGCAAATTTATTGGCTGATGGCAGTCCATGACGTCACAAGCGGAGCACCCGTGAATA TGAGAGGGCACCTGCAAGACACATCATTGAGCTTTTTTGTCTACAGAAGCCACTTTTATTGTTATGCATGTGTAAGCCGAGAATCTGTTGGAGTGCGTTTCG
LG2	ref-16713_24	11.476			GAGATGTTTACGAATCCACTGCT[C/G]AGCGCTCA
LG2	ref-3421	11.706			TAAGGTTTTGCGAGCGTTTTGCACATAGATA
LG2	ref-24880_5	12.07	Chr11	19059526	TACATCAACCATCAGGGGGTCTGCGGTCTCGCCGACTTTGCAACTTGCCCCGTCGGATCCTCCTTTGGGCCAGGGAAAGCTCCTCTATTAAAAGCAGCTTATATCCCG GGGCATCAAAATGTGAGACAGGGGCCGAGGCCCGGGGAGTGGAGACTCCACACCGAGGTGGTGGAGCTTATCTGGAACCTTTGGTTCGAGC[A/G]GAAGTCGACATTT TTGCCTCAAAGGAGTCAACCCAGTGCTCTGTGGTACTCCCTAACGCACCCAGCACCTCTGGGACTGGATGCCATGCTGCAGACATGGCCGAGGCTATGTCTGTATGCTTT TCTGGAAGGATACGCCAGGAAGGGGTCAGTCTAATACTGGTGGCCCCATACTGGCTGACCAGGATTTGGTTTGACAGACCTAATGTCATTGTTAGACGGCTC
LG2	ref-73208_15	13.133			TTTTATGAAGCGAC[A/G]TGAGTGCTGAGTCACTG
LG2	ref-14084	13.797			AGTGATTGAGCGAGACGCTGCCAGCCGAAG
LG2	ref-16301	13.799			ACGAGGAGTTTCTTAGAGCTATTCTGTAGTTTTTCCGTCCCATTTACCAGAGACGTTAACATGATCAGAGTTGCAGTTCCCAAAAGCATCGCATGGTGGCAGCGGTTTCCAC AATCAGCGCACGAAGCGTGTTCGCCACGAAGCACGGAGCACCAGAGCAAGGCCCAAGAGGGTAAGGAGGGGGGTCGAGGAGGATTTAATCGTCTCGCCCCCTAAG GAACCTGACGACCAAGTCGCGCTTACCAACAGACTTGCCATCGATGTGGTCGTGGTATGCGGAAATTGCGGCAGCATGAACCTTGAGGGTAGAGGGGACAGCCTATGCT CCAACCTTGTCTGCAAGAATGAAAGCACGACTCTGATC

LG2	ref-70780	14.157			TATTAATTTTCATGCCATAACACTTCTTTATTGAAAATCCTAAAAAAAATGTTATTTCCAGGTTAAATTAGTGAAGCACTAAAAATTAATGTTTTATAGAAAGATCCAAACT GACATTACAGTTTAACTTTAGTTGAACTGAAAATAAAGTTTGATTAATTTAATTTGGGCATCTGAAATTAACCAAGTTATTTGCAATGAGCTGCCTCTCGATATTTCTGCTA AACAAATTGTACATATTGCTATGTTAACCTGCTTTTTGGTCTGTGCCTGTTGTAGCTTATTCAAAATAGTTGAGCACAAAACAGGCGTTGGCATAGTCAAAATGCATCATT GGAGAAGTGCTAATTAACATTTTCAGGTCAGTGTTTACAACCTCCAAACTACTTTGGCTGAAACCAAACCCATGTTTTTGCGGTTTCGGCCAA
LG2	ref-39917_24	15.031	Chr3	30172525	CTCCTGCATCCTCAGGCTTCACATCCTCTATCACCAGCTTGTGAGTCCTGAGACATCAGGATCAGAAATGTTACCACAACATAAGAAGTGTATGCCAATGATGGACATTT GATGACTAATCTGACTTAGTGTCTGACATAAAACAATATTAGTGAGGTCAAGGTGAGCTTGCTTATGCATGAATCGATAAGGGTGGCTGTAAGTGGACCGACATACCTGC CG[A/G]TGTGTGTCATTTTGATGCGGTTACTGGGAATGACCTCCACACCATCCTTGTAACCACTTGCCAGTCACTTTCTCATCAGACACTTCACACTTGAAGACAGCCTGCTCT GCTGCCTTCACTGTCAGATCAGCTATACTCTGCAAAACCTCCAGTTCCTTCTCTATAATAGAGAAAAAGAGGAGAAAAATGGGGCCATGAGGCAATTAATA
LG2	ref-40123_29	15.48			GCGCGAGGAGAACTGATTGCGCGCTGTCTGAGAGATTTGGGATCGCGCGAAAGAAGGAGAGGGAGCACGCAAGAGGGAGCGCGTGAGAGAGAGCGCTTCTGGTCTGAAA GAAGGAGAGGGAGCGCGCAAGAGGGAGCGCGCAAGAGAGAGCGCTTCTGGTCTGTCAATTAACACTATTTGCATGCAGTTCGCAACGT[C/T]TTGGTAGTCATCATTCAAT TTTCAAGTATTTCCACACCCCTGAGACTGACATAGTTTCTGCTGCTGTCTGCGGTGTCTCTGTGCACGGAAAAATCTGTCAAGTTACGTACAGTGAGGTATCAGTCTTTGGTAT CGGGGGTATTTTTACGAGTATGAGGACAAGTACATGAGCT
LG2	ref-11152	15.749			AAATGTTGTGCGAAAAAGTTGCTATAGGAAG
LG2	ref-71802_25	15.967			CATTTGTGAACGAATGGGTTGCTC[A/T]CAGAAAGC
LG2	ref-68620	15.994			CTAAGAAATGCGATGGATCTGCGTGTCTTGA
LG2	ref-46910	16.188			GGAAAGGGCTCGAGTGGATTGCACATATTTT
LG2	ref-59673_24	16.829			GCATACAAGCCGGCCGCTACGCACTCAAGTTCGCAGATTGCAACGCACTCAAGTTCGCGGGTTGCAACGCACTCAAGTTCGCCGTTGCAATGCACTCTGGATGCTATGGA CGAGATGGCCGCTTCGCCAGTGCCTACGGGCAAGATGGCCGCCCTCCTGTGTCTGTGACCACAGGGGTGCTTCCTGCTATTGAGTCCGCTCCAGAGCCCGAGCTCCTTGC C[C/T]TGCCGGCGCCGCCCAAGAACAACAACTGTCATATTAGTAAGACAGCATATTAGAATAAATAAAAAATAATTATTCCAGGGATACGCATTTACAGATGTCAAGTAAAAA TATATTGTCAGAACATGGTTAAAGAAATTTAATGGTTATACATTCAAAAGTATGGAAACGGATAAGCTTAAAAATAAGGAAAATAAGCTTAAAAATATTCCTT
LG2	ref-11116	17.088			GAGATTAAAGCGAAGGTATTGCCGCAAAATT
LG2	ref-225	17.448			AGTAATACATCGATAAGGATGCATGCTCGAA
LG2	ref-25354	17.541			GCAGTGCATCCTTATTATTATGAGCTTGTGTTATGGGTGTTTATTTAGGGGGATGAAACTGTGTGCAGTGACAGCAGACCATAAAACTGTGAACCCTACTGAAATCACACC ATGTCTTAAACAAAGAAGGATTAATCCAGATTTACATATTTCTCCGAGTTGTAGAAATCATATTAGTAAGCAATGGCCTCGAAATAAAGCCTAACATTTATATAACATTCTC ATAAATGTTTCAACATTCTGTAATGAGCCGGAATAAAAAAAAAAATGCAATGGTGCAACTTGAGCGCAATGATAAAGGGAAGTACTGTTAGTCTGTGGTAAAAGTGAAGC AGAGCTCGTTACATCCAAGGTTTCTGTTATTGATCG
LG2	ref-45116_31	17.942	Chr21	13125323	AACTTATTTCACCATTCAAATTATTATATACCATTAAGTCTGGGGTAGTGAAGGGATACTTTTCTGTCCCTACAGAACTGTTTCGAGAGTGGAGGCTGAAATCCCTGCTGC GGCAGTGAGAAATAATTTTAGAGAGCAGTGGGGGAGATATCATTGCTGTGATAGATAGAAATTAATTTAGTCTGAAAGGTGTTGCGAGATCAGTGGTCGAAATTTCTGC TGCAGCAG[C/T]GGGGAATAAAGTTTTAGTCTGAAGGCTGTTGAGAGAGCTGTGGCTGGAATCACTGCTGCGACAGTGGGGAATAAAGCGGTTGCAAGAGCACAGGCCAA AATACCTGCTGTGGTAGTAAATTCATTCACATTTATTGTATAGCGCTTTTCACAATACGTATTGTTTCAAAGCAGCTTTACAGAAATTCATGTATCTACA
LG2	ref-28808_17	18.374			TGTCTAATTATTTGAATGATGCTTTGCTGCACCTGACCTAACATTAGTTCGTCCGTTGCATCACCTTTTGCATGCTTTTTCGACGG[A/C]GGTGTCTTTGGATGTAGTATTTGG AGTCGAATCACATTCTCTCCCTTTTCTGTTGACAAGTGTAAGAGTGAGTTGGCTAATAAGTCTTTTTCCTTCATTCTTTGAAGTTCGATATCCATCTCTTCGTGGGCTGA CAAGTCCATGATAACTTCTAGACTCT
LG2	ref-58282	18.625	Chr3	39659032	TTCTTTTACCTCTAATAAAGAAAAAAGCATCTGATCCCTGCCAAGAGGCATGCCTGTCTCTATTTATTCTGGAAGCGCTCACGCTCAGATGAAATATGCATACATTTCTCA AGTGCTGTTTTGTTTAAGCTCTGAAAGGGACAAGCTTTGGTCCAGGAGGCCCTTGTTGTGTTCCCTCACTGCATCCGCCTCAATCTGCCTGTGTCTTACTTGGAGGACAACGTG AGCACAGGAAGTGAGAAAATATCACTTTCTCAGAAACACGGGGCAGTTCTGAAATGCTTCACTGGCAAGTTAAATCTGGTTGACAGAGGAAGATATATTGCAGCACCT CTGTGAATGGATCTGGCAGCAAACATTAACACCC
LG2	ref-37413	18.67			GATACTTTGCAAAATTAGGAAAGTGACCCGACTGCGTGTTTTCCCAACTACTTTTATAGAATAAAACATAACACATATTAATAACATGTGTCTGTATTAACAATCACATG GCTCTCTCATATGCCACAAACAACCCAGAGTACACATTCAATTATTCTGTTCCCTGTGGCAAAATTATAGCGTTTCCACTCCTTTATTAATTTTGCATTCAATATAGGTGCAA ATCACGCCCTTAAATACTGCTGCCCCAGAAGTGGGGCATGAAAAATACTACTAATAATCCTGAAACAAAAATATCTTAGCATGGATATTATGACAGATATTTGCAGCTCA AATCTGATTGGACAAGGGTGCCCTGTGGGTCACATGTGAAAGCCTAGGCTTATTAATCTGATTAAATACCTTTTATTTATTCATATGCAGATTCT

LG2	ref-42126	18.685			GACAGACGGCATTAGTGGTTGCTGTCCCTTTAAGAGCTGCGGCTGTTGCACATGACGCGTGCCAACCTTCTCAGCTCTTTACTTTTCGTTTTAAGACTTTAACTCATTCAA GGCTGCTCTTATTTCGACAAAACGGATATTTTGGCATTATTTGTGCGTGTTACTGTTCAAGCATGAAAGAAACAGAGAACTCGTCCATGCGCGAGATGCGATGGTCTTGCA TTGTGTGTGTGACAGGACATTCACACATTCACAGACAGCACATTCTCTTTTTCTCTTTTGGCGCGTTT
LG2	ref-55044	18.75			CGTGTTTCCACTGAAAAAACCTGAAACAATTTGTCCCAGGAAATGGATTTTCGTCATCCGCATATAAGCTTAATAATGCCTGAACCTCGTCGTCTGTCCATTGGTCGTATTTT TTAAACTCAATTGTTGATTTCGAATAGCAAATAACTCTTACTGCACGCACCCGCAACAGACTCTTAAAAATCGTGGTTGAAATAAAATGCTGCGTGGAGACAATCAAAATGCT GCGTGAACTCACCAATCAGCATGTTTCAGCACCCAAGTCCCATCCCCAAAAGTTCCTGAACTTTGAAAAAGTACTACCTTGCAGAGCAGGGACTTTCTGAGGTGGAAATTTT TTCTTCATTTAGACCCCTGGTTCCTGCGGTCGAAACACACCAAGTACCACCCCAAAGTCCCTAGTTCATGTGGTGCAAACGCGGCCTCCGATGACGTG
LG2	ref-6959	19.192			CATGCTTTTTTCGACAGAGGTGCTTTGGATGT
LG2	ref-43119	19.372	Chr5	39344539	ATTCAAAGGGCTGATGAAAAAGAGCACAGGAGATTCCATTGAAGCCAGGCTGGCAAAGAGCATTGTTACAGTATCGGATTACACCGCAGTCGACTACGGGAAAAATCACCCA CAGAACTGTGTGGACAGAAACTGAGGTCTACCCTAGATCTCATTACCCCTGACTTCAAAAGTCAAGTGCAAAACAAGCAAGTGAAGCAGAAGTGGGACCACGACCAGCAT GCTAAAGAGAGACATGTGAGTGTAGGTGATCATGTGTATACCAGGAACTTCAGTTTCAGGCCCTACCTGGATTCCAGGAACAGTTCAGAAAAGGACTGGTCTCTGTCTGAT ACAGTCGCACCTTGGAAATGACCAGGTAGCGCGTCGGCACATCGATCAGGTGAGGAACAGACATGTGGTGTCTTCTGCTGGAACAGTTGTGTTGTTGGAGC
LG2	ref-35558	19.385			CGTAAAGCAAACTTCACGACTGAAGTGTATCTCCTGCAGAGACAAAAGTTGTAAAGCCGTGTTGTACCAACAATGTCTCAGCATAGCTCAGTGGATGACTAACATATTT GCACTTTAAAGTTTCTAGGTGCATTTTTAGGCATATTTTAAAGCAAAGGGAAACTGCACGACACACCTTTAATGACTAGAAAATGCTGTTGTGTATTTAACAAAACAGGTGC TGACACTCCTGCCATTGAGCCTTAAATAATCACACCCGGAACCAACGACACTCCTCTTTCATTAGACATCAGAAGATTGATTAATGTGATTTCTACATATATTTTAGAAAT ATATGGATCAATATAGTATAAGTCACTTGCTTTTTTGCTGTTTTCCAATCAAATGTTATACTGTATTGGTTTGCTATTAGTGGAGGATTTTAAAAA
LG2	ref-65145_7	19.568	Chr3	38624620	GCGAGAAAGCCGTAATCATGCACGAGTACTCGCGTTTTCTTCTACAAGCACTAGAGCGGACCAGTCACAACGCAAGCTTCCCATTTGGGTCTGGTTCTGCCGTGACTACCA CGGGACCATTTCGGGCATAGCCCGCATGTGTATACTTCTCACCTCTTGAGTACTCGTTCTC[A/G]CAAGCAGTCTCGTCGTCGCGCTCCCTTTCATCTGTGCCTAAGTCT CACTTTGGTCTCCTAGAGGGCTCGTCGCTCCACGGGCTTCCACATGAGCAGCCTGGAGCAGTCTGCGCACACGCAGCAGCTCACACCTTCCAGGAGCTCACCGAACAG CTGGACAAGCAGCACACCTCCCTCCGCCACCTCCACA
LG2	ref-53438	20.286	Chr3	41314726	GCAGTCAGTCTCTTAGGTGCCCTGTTTCTGATGCGATATGCTGTGAGCACCCGCACACCAAAGCTGCATGAATGTTGTTGATGCAGCTCTGACGGAGACTGATAGTTTCTTT TGAGGTGCAGTCATTAGAATTTAATAAGAACAGCTCAGGTGAAGCGCTTTTCATGTAGCTTACCATCGCACGGATCTCGTGTTCGAATCTCAGTTATATATCTGGTTACGGT CAAACCTTCTAAAGAAACACTGAAGCATTTACAGTGAACGAACCAATCATAAGTGACCTGCTTCGCTAGCGTCTCAGCAGTTTCCACAGTGATGGGATGCATTTCGGGTATTA GGTACAATGCCAGTCAAAAGTTTGGACACAATA
LG2	ref-33156	20.736			ATTACTTAAACAATTAGTCAATAGTCAATAATACAGCTGTTTATGGCACAATCTTCTGACTATTTCTTTGATGAATTAATCAGATACAAGTTTAATTTAATTTACTGTATTTCA TTTAAACAAAATGTCATTCCACATCCTGTCCGAAGTTGCCCTCCAAACAATGTGTTTGGTTTCTGCAGTAGAATCACTGTTTGTACCTCAAACATTTCGAGGATGATGCAGT CGTTTGGCCCTTAGACCCGTGAATCACATCTACATCGGTATGTTGATAAAACACTATGATTCTCAATGCTGATTGGTTTTCTCACCTCTGTGCCCTTTACCTCCTCACTGTC TGATTGGTCTGTGTTGTGTTGCATTTCTATGACGATTAGCTGATGAGGGTCAGGGTGAATGAGGTTTTTGCTTGTTCAATTACGGACATGCAAC
LG2	ref-57077_26	20.761	Chr3	35086217	CTCTAGATTGGCCTTAGTCAATGGCGTATCAGCTCGTATCAGGCTTGTTGTCCCAAGCCTCTCTCAGTGGTGTGCTGGGCTGTGTTCCATATCAAAGAACCACAGCATCCCCT TTAATCCTATGATATCAGAGCTGTACACTCCATCAACACTGATAATACTCTTCAATTAGCACTCAGAGCACCGCAGTCGCAC[A/G]TATCTGCTGTTACCGCTGCTGCATGA GCGATTCTGTCAGTACGCCATCCTCTACCTCTGTGAGCTTCATTAACGAGTCCTTAAACACATCCAGGAGGTATTTTTTTTGAAGAATTAATGCATTTTAATTCATATAAATA CTGAGCTGTCTATCTACACTTACCAAAATGGTACGG
LG2	ref-57077_28	20.888			CAGATATGTGCGACTGCGGTGCTCTGA[A/G]TGCT
LG2	ref-70638	21.508	Chr3	37287765	CAGGATTGAAGAGCTGTGTTTACTGAGCGACTGATGACTGGCTTTTGGCTGCTGTTTTTGTGTTGATGTGTTTTTCAGTATTGTCCCTGGGGTTGAATAGAGGTTAATTTCTGTCA TTTAAAGCAAGGATCAACCTTTAGCACGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGAGAACAGATTATTGAAACATTGCCGCATATTTTGAACGGCTGCCATGCTTA CAAGGGAATGTACATAGCACGCCATGACAGAATAGTGGACTTTATAGTGAAGGACATATCAAATTATTTCTCACCTTCAGTAAGAATGTATAAACATTGCTGTGTAAAATC ATACATGTTCCAGTATTGCAATAGTAACTCTGAAACCTTTTCACATCTGTTTGCTAATACACCTGATGTTGTGATTAATGAGGAGTCTAGAGAAG
LG2	ref-8922_30	21.562			CCATGTTATGCTAATTAGTCCCTGTATGTATTTAAGCCCTTAGTTACTTCTGTTTCATTGTGCGGTGTCACTTATGTTTATGTGTTTGTACTATTATTATTAACAATCTCCAGAGTT TTACTAGTTTGATTTTTATTAATTAATAGCTTTTCTGTGGTATTCTCCTCTGTGCTGCGATTGCCGCAGCCACATCGTTACAAG[A/G]TCTTGGTTTCATTTTAACTGGACAGG ACAAAAGTAATAATTTAAAGTAATTCAGTAACTGTAGAGCGATTCTGTTTCTAACTCACTAAAAAGAAACAGCTTATAAGAATCCTTCATTTGGGAATCTGATGGAATTAG TCATGCTGTGTGTATATATATTATAGCATTAATA

[illegible]

LG2	ref-45046	28.897	GACACATTGCAGATGGCAAAAGGCTAAAACACTTCCTGGTAGGAAATTTTACATTGTCCTTTTACACTGTAAAAATAATTACTGCTCAAGGAAAGGCAAAACACTTAAGGTC TGTGAATGACTTTGCATTTTCAGTTCCCAATAAAAATCTTTGTGATTACAGCCTGTGTTGTAGGCTGCAAGCACGCGTATCGTTGTGTCGATCTTTCTTGCTTTCTCAATATGT CATGACATGAGTGTATAGATTAATCAATTTAAAAATTATGTAAAAAAAATAAAAATAAAACGGGATTAATAAGCGCCCTCTCATGGTACGCACAGCTGTGTTTCACAATC TGGTGTCTGACTTTTAAAAAACACATTAATGATCA
LG2	ref-34945	29.11	GTACGAGGCACGAGTTTGTGGCCAATTTGT
LG2	ref-61844	29.131	TTTGTCTAAGCGACAAAGTTGCAACAAGCGCT
LG2	ref-12412	29.425	TGATATTTGGCAGCTCAGTCAAGGGTGCTGAACATGCTGTCATAACTTGAATGCAAAATGTAGTCGGGGCTCTGAGAAAATTCGCTTTGTACTTTCGTCCCGTTCTCCCT ACACTTGAACCCATAAGTGTACTGCAAGCAGGGGTGTAGCCAGAATTATTTCAAGGGTAAGACCCAGCAATTTCTTTGGGGTGGCGAAATCCATCTGATCTAACTGTGAC CACGTAGCCTGCGTGGAATAGCCTCACTTTCCCATATGGCCACGGAGGAGAATCGGAGGGTCACATTCAGCGGACAGACACCGACACACTGTATTTTTTTGTATTTATTTA AAAAATGACAATCAAACCTCATATAGAAGCTCGTGA
LG2	ref-5546	30.648	GTGTAAATGCGATTTCGAGTGCAACTCGAGT
LG2	ref-27826_18	31.897	GTTAGGTGGAAAGTCTTGAAAGCCTGCGAAGACAAAATCAATAGAAATGGTCCAACATTGTTTCATAACTTTAGTTATTTAACCTTATCTAATGCTTTTTTTCCTAACTAGA TGAGTGTTAGTCAGACTGTGATGTTGGCTTGACAAAGCCAACATCACAAAGCAGTTGCTAGGATGTTCTGAATAGTTGTTAGGTGTTCTGGGTGGTTTCGAGGGC[A/G]TTG CTAGAATGTTCTTGGTGGTTGCTAAGGTGTTTTAATAGGTGGTTACTAGGGGTGAACGATTTAAGATTTTTTAAAGTTGACATTTATGTCAGTGATGACATCAATAATGAA CAAATAAGCCTGAACCTCAAGCTGAAACTCGGTTTGCTTGTACACAGCTAAGGCATATGACATTATTGCTTCTAGATAACAGCTTATTTTTATTTCGTT
LG2	ref-25434	32.159	CTGCCTCAGCCGAAGAGGATGCTAGGACGGA
LG2	ref-4226	32.272	TTGAACATGTTTAGATCTGGCCTTTCTGTCTGCCTGGTGTTCCTTGTATGGCTTAAAAATGGCAGACAGACACTAGATTTTCATTTAGCAGCATACCATCTAGCATGGAATTG CAAATTCCTGCAGCTTCGCCTGTGGCATAATGAGGCATAATGTGGCATAAAACATACCCTTTAGCTTTGCATGACTGTTGCACACCATTCTTCTTGACAGGATTTCAACAAAA CACAAAAAAGTTTGAATAAACAAGGTCATTGATGTCCTTGCTAGCCCCTTAATAATTATATTATCCACTTTTCTCACAGCAAAATCAGATTGGGCCAACATTGGTTTGC CTAGATTTCTAATGATAACTCTCAGAGGGTTTG
LG2	ref-49791_15	33.412	TGGTGTGACCGAT[A/G]AATTTGCACATGGTTTC
LG2	ref-41295	33.471	GTTCATTACGCGAGTGCTCTGCACGTCTCAG
LG2	ref-63253	33.613	CGCTCTCCCTCGACACTGCTGCCAAGCCTAC
LG2	ref-38825	33.796	TAAAGCTAGTGAGGACCAGTCAAACGTCCTCACTAGTGGGTATTTTGAAGTATTTTCATAATATAAATGAGGACATTTGGTCTCACAAGTATAGTCAAAACAAGTACACAC TCATATACACACACACACATTACTTCAACATCTTGTGTTGCTTTGTTTCAGGACGGGCGTCTGATCGCAGATCCATTGTTTCTCTCAGACTGGCCAATCCTGCGACATCT GTGTCATCTGATCGTCTTGTCACCTCTCACTGTGTGAATCTGAATCATGAGATCATCTGTCATTCTAAAAGAGTAAATCAACTCAATCTCTCTCAACATTTCATCTGCTTTCAT ATTTAAATCTTCATGAAGTCTAAAAAAGCTGC
LG2	ref-54150_23	34.053	TGACTAAGATGGACGATCTTCTTTTCGGGGGGATTATCAGAGCCGCTTCGTTTCACACATGCCACTATGGGACCCTAACTGGACGCTGGAATGCTACATGGGTCTTGCACTGG AACTGAGCGGCTCAGTATTGACTGTGGGAGTTGATACAGTATAGCACTGATGCCAGAGTCTTCAGCCATCATGGACACCAAGTCACAGTTCCTAGTAGCCGAGATCATTGC [A/T]GATGAAGACATTAGGGTGGTTCATAGGTATTTAAACTGGCATTGAGCCTGGAGGACACATGGCTTTGTTTGGTGCAAGCTGCTGGCATCTCTGCGATGGGGTCAAGT CTGGGGGCTTCAGCCAAAATGGCCACCACGCTGAGTCTTCACTCAGAATGGCCGCCACACCTGAGTCTTCAGTCAGAATGACTGCCATGCCTGAGCCCTC
LG2	ref-35433	34.057	CTCTTCGTCCCAAAAATAGAAGTCTTCATACTCTTGCTTGAATGCTGATCCGTTTTCTCATCCGTGCTGCATGGAATAAATGTCTTCTATCAGTGAACAAGCAGCTCCTGG AAGGGCTTTTCTGAACTTCACCACTATTTACAGAATCTGACCAACATCAGACTGTCAGCGATTCCCTGCAGTTCATTTCGTTGAAGAAGTGTGATGGACCGTGTCACTAAAA TGGAGACCAGGAAATTTCTGATGATGTATGCTTTCAAACTCTGATGAATCTGCCAGTGAATAAGTCCAGAACACATGATATTTCATGAGATTTGTGCAATGCCTTTGTGTCC AGTAGCCTTGCTACTTCTCATCAGCATTTCCT
LG2	ref-55875	34.123	AGGTGCATCTCGAGCCTATTGCCATAGCAGA
LG2	ref-9438	34.156	AGACGCGGGGCGACTGATATGCCGACCTTC
LG2	ref-65588_1	34.272	TGTTAGCTTGACAACAGGAGAGACTGAAGACTCGCCACTTCATTCTCTGCGAGCGAGGAGCTTATGGTGGTGCTTTATCGCGCTATTGCCAAGCTCAACATCGACTGGCC AGCCGAGAAGCAAGAGCAGCAGACCAGAAGTAAACTTGATGAACGCTTTTTACCATCTAGGTCTGCTCTACTTCCACGTGAGGCGCTGCC[C/T]TTTTTTCCCGATCTCCAC GCTGAGGTGTCGAGATTGTGGAAGAAACGGTTTCTACCGTGTTCACCCCGCATACCTTCACTTACAGCAATGTGGCTGGTATGAGAAAGCACGGTTATGGGGCGATG

			CCAAAAGCGGAAGAGTCAATTGCGAGCCATCTCTCTCCGAGGCGGCATCGTCCCTCAAAGTCCCGACGTTGCCACTAAGCCTTTGAAGACTACTTCAGC
LG2	ref-43500	34.281	CTTGACACAGACGATTGTTTTGCTTCTTAAGA
LG2	ref-24665_6	35.136	TTTCAACTCCCCTCACTTCCATGCTCCGTCAGAAACCCAAGTCTCTGTCTGGAACCCCGAAGCTCGAGCTGTCTTTAAGAACTCCAAGAGGCCTTTTGCAGTCTCCCAT TCTCACACAGCCTGAACCCAAGCTCCCGTTTCATCGTGGAGGTGGACGCCTCCATCACAGGTG[G/T]GGGAGCAGTGCTGTGCGAGTCCCACGGAGAGCCTCCCGACTTCAC CCTTGCGCTTACTTCTCACGGAAGCTTTCCCCAGTAGAGTGGAACATGACATCGGTAATCGGGAGTTGCTCACTATCAAACCTGGCGTCGGAGAAATGGAGACATTGGCTC ACCCTGTTCCAGTGCATACTCAGGTACCAACCCCTCTG
LG2	ref-24665_8	35.184	CGTGGGA[C/T]TGCGACAGCACTGCTCCACACCT
LG2	ref-5640	35.584	TTCATAGTGTGACACTCATGCAGTCGAATG
LG2	ref-15607	36.668	ATTAGAGGACCGAGATGGGTGCTGGTGTAAT
LG2	ref-46934	37.448	CCACACCGGTGGATACTGTACAGTAGGGGTGTAACGATTCACTCATTTTTCTCGATGCATCGATTACAAATCCTGACGATGCACATGCACCGATCTTAAACATGTTTTTGA ATCATGAATCGTTAATTTTGCCGATAATCGATGTAAATGCTAAGTATCGGATCAATCTTGATTGTGCACTGTCTCGCGCTCATCCAGCTCTCCTTCACAGATACGCGCT GCACTCTTTACCGCTCTCACTAGATTGCGCTCGCGCTCCATCCGGAGCTCTCATTGACACATTTTGTAGCAGCCACATTTGAGAATACCTGGACACATCTGTGCCTCAGA GTTTGGTCTCCGCACTCATTTATGTGTCCATTC
LG2	ref-10942_28	38.027	GCAGTTGGGAGACGATGGAGACATAATACATTGCTTGAGGAAGATGGCGTGTTTTGTTTGTAATGTTTCATTATATTTCTAGTGTCTCCTTTGTGAAAAATGACAAGCAG CAGCTTCTAATTGCCATTAACACTGAAGTATACGGAGATAAAACAACACGAGTATCAATAGCAGTATTGTTGTCCAAGCTTATCAGTACACCGGTATCGACCCAATTGCG TACC[A/G]GTCCAAAAAATACCGGTTCTCGGTACCCATCTTTGCTTAGGAATATCACAGTATTATTGACTGATTAATTTCACTCTGAATTCCTTCACAATGAAAGTATTTAT AAATGTGGACTTACCTTCAGCAAAGTGCAGCATAAACAGGAAAAGACAGAAACACTCCTTCATGACTGATCCTCTGAACTCACACACTGATGGTCCAAA
LG2	ref-27014	39.165	ATGATCAATTAATCGTTAACCTTAAACTGAAAGATGTGTCTACTGCCATGGCATATATGGACCGGCACCGTTTTTTTTTATTTTTTTATTTTTATTATTATTTTTTGC TCTAAACAAGTGTACGGGTGGTTGCAGGCAAAACAGACAAAAGATGAAGAAGGAGGTTCCAACATAAAGCTTTAATAACAATAATCCAAATGACAGGCGAACAGGATGCA ACACAATTAACCTAGGGGCTGTTTACACAAAATAAACTAAAAATGGAAAACTTTTAGGTGTTTTGGCTGTTTATTTACAAGACAACAGCATTTTGGTGGCCTGATAACA CAAACCTTTTGAAAACGGGTTTCAAAGTGCAAGTTTTTTTAAATGATACCATTGTCATCTCTGTATAAAATGCAAAAACACTAATCTGTGAACACGGT
LG2	ref-128	40.546	TAGTAACTAACAGAGCTGCAGTTATGACCTATGACCTGCTCTAAAACCTGACTGGTGATCATTAAAGAATATTATTATCTGTATAAAAAGTGTTTTATTGGTCGTTTATCAAT GATTTCGAATACGTTAGTTAAACTGGTAATCTAGAAAATAGACGATAATTACTAGGATCTGAAGATCTCCACTTTTTAATAATGGAATAACAGATGCCGACTTCCATGCT CACTGTATAATATTTTAAATCAGACTTAAATTAATAATAGATGCAGTTGGTTCTGCTACAATACCTTCCATTTTTAGAAAATAAGGCTCAATTTTATCAACCCCTGCAGATT TTTTGACTTCTAGTTTCACTAAAGCATTATAAACCTGGGATGTTGTAATAGGAGAGAAATTAACACCTGCCTGGGACAATGTTTATCAGGAACAA
LG2	ref-53264_18	40.837	TGTAATCAGTATCCAAAATCAAATATCACTACACGTATTGCAATTAGGGGCCGTATCCACAAAACATTTTAGCTTACCACTAAGAGTTCTCCTAAATAGCAGTAAGTTCTTA AGGTAAGAGTTTCTCTTAAACCTATTCACAAAGCTGCTGAGACAACTTTTACTAAGGAATAGAGAGAAGTCTTAACCTAAGAGAAAGGGCAGGGTCGACCTC[A/G]TT GCTATGGATGATGTCAACACGCTTCAGCCCTGGATATACTTTGTTTTTTTAGACATGCGCGAACGTACACGCACAGTTAAATGCACAGCCTTCAAAGTATACTTCATTTG ACTCGTATGCATACACAGGTGTTTGACACATGCACAGTTTGTATCTCTCGCCAAACATATCTTTGTATTCTTTCATGCTAGAGTTGTACAAATGAGGGCAC
LG2	ref-65548_19	40.843	TTAGTCTTTTCAATGTATAAGTCTTTGCTACTGACTGACACACTCATAAAGCGTAATAATATAACTTCTGTTGCTGTTTACGCGCAGGGACTATTGGTGGAACGAAGGCTT TTCGTGAAAGTTAACTTCATGAAAGTTGCATTGATACATATTTTTGGCTTTAATATTGTATTGTGTGGTAACCGTTTTATAAAGCAATAAGGTACTCGAGGCTA[C/G]TGC GCCGCTTTGTCATCATGCCTAACACGCCCTTCAGCTGTGACTTATTCACGATACAGCACAGCCTCTCGTACCTTATTGCTTACGTATATAACAGTATTATATATATTTAACAT GCAAGCAATTAGTAATTTAGGATTGAGTCCACATTCACTTTTAAGTACCAAACCTTGCTGGTATTGGCACCAAAAAACATGTTTCTTATTGCACAAG
LG2	ref-41678	41.027	TTTTTAAACAAAGAATGTAACTTTTTATTATTCAACAAAACACTGAAAACCTGAAAACCTGGAATATATAAAATGTTGCACCATTTCTGGCTCCTCCTTGATACTTCCTTTT ATAAAACACCCAGGCTTTGCATTATATTTTTTCATTTTCATGAACAGTACATCCTCTCATAGTTGGCAACAGGGTCGTGCCCTGAATAATATCTTAAATGCTATTGCAGAA TAATTATATAAGTAATGACTTTAACGACTGAATGTAAAGTAAGTCATGTATTAATAAATAAATCTGCTACTGTACACTAGTATGCTTGCTATGGCTTTCATATCAGCAGTGC TTAGATTTATTACAAGACTCACTGAAATTGAG
LG2	ref-3159	41.383	TTCTTGGTCACGAAGAAGATGCTCGAAGCAG
LG2	ref-18871	41.545	AACTTTGTACCGATATGCCTGCCCTCGACA
LG2	ref-33957_32	41.638	CTGAGAGTGGCGAGAGAGCTGCAGGCTGCTC[A/G]

LG2	ref-6522	41.672			GCTTGACGCTCGACTTGCTTGCTGCTCTTAT
LG2	ref-72342	41.883			TTTCAAACACTACGAAGCGGGTGCCTCAGCACA
LG2	ref-20809	42.391			GCCACTTCCTCGACCTTCCTGCACCTTCCTT
LG2	ref-23597	42.888			TGGCAGGTCCCCGAGGCAGATGCATATAACGG
LG2	ref-30413	43.206			AATCGACTACCGACGGAGCTGCCCCGAGCGGC
LG2	ref-1974	43.727			TGGCTCAAATCGAAACTAATGCTGAAACAAC
LG2	ref-50686	44.567			AACGTAGTTGCGATGATACTGCTTTTCTAGT
LG2	ref-37779	44.591			ATGTCAGGTACGAGTCCTATGCAAACGTGTC
LG2	ref-33505	45.015			AGAGCCATCTCGATTAGCGTGCTTCATCTAC
LG2	ref-57845_26	45.073			TCCCGTGTTCTGTGGGAAGAGTGAGCCGGCACGTCCTAAATAAGATCTTGGGGCTTGCGTGTGATCTGACTGATGAACAAGAGACGGGTCCGGCCCTTTCTTTTGCTCTT TCACCAGATCGAGAGGTCCTTCAGTCTGCTTCTGAAGCATGCTTCGGCGCTTCTTCAGACCGTGCTGAGGACGCTGGTTCTCTTGTAGATATGGATCTCGAGTGCAGTGCCT C[C/T]GAGCGCAACTCTCATGATGATAGATCTTACGATGAGTTACTGGAGGTAATCACTTGCGCTGTGTACAGTCTTCAGTTAGACTGGCCACAGGAACAAGAGACTCCCA GACGATCCAAGTGAGATGACCAAAGGGAAACATCAGAAAGACAATCCCTTCATTCTTCCAGATTTACATGACAAATGATCTAATTCTTGGAATAAGCC
LG2	ref-22129_2	45.255			C[G/T]ATCTGGTACGATTGCTTGCCGCAACTCTG
LG2	ref-57845_30	45.427			ATATGGATCTCGAGTGCAGTGCCTCTGAG[C/T]GC
LG2	ref-21818	45.99			TGCTGATTGCGAGTATAATGCATGCAATGC
LG2	ref-70582_4	46.931			TAT[C/T]AGAGAGCGACTTCAGTGCTGATTCTCCT
LG2	ref-11267	47.125	Chr3	61799269	CTGAACATTGTTGGAGATGTTTTCAACCTGAGATGTCAGGGCATTGAGGCTCCACAAACTGGGGTTGGACAGGAGCTTTTCTGAGAATCGTTCTTTCATAGAGCCAGAATA GCTCTGGGACTGGTGGTTCACTGGGTGATGAATGGGTATTAGGGGGCATCAGCATATTTTGGTCTTGCAAACCTGTGGATGAGGAAGCCCCAGGGTTGATGGGAGGTTG GCCGTACTGGAAAAGAATCAGGATTGGCATTAAGGGGGAAGGTGTAGAGTTATATGAGGGAGATCTCCACAGACCTTGCAAGGTGAATGACTGGAACCTTGACTGCAGG TCTGGTAGTATTGATCTGGTGACCTTACAGAAATATC
LG2	ref-56124	47.253			AAACTTTGTGCGAGAGTTATGCCGATCCCA
LG2	ref-36377	47.282			AAAACCTATCGATGTCTTTGCACAGGTATG
LG2	ref-44610	47.743			AGTTTTGACACGAGTGAACCTGCTTTGGGAGA
LG2	ref-18583	48.399			TTTGTGTGATAATCATCTAATGCAGAGTTCACACTGCATGATTTTAGCCCTATTTTTACTCGCTGACAGATTTTGCGAAATCGCCAACAAATGCCGAAATCATAGGCAA ACTGGTGTGCATTCACGCGGATGACAATCACGCAATGTGAATTTTCAAAGATGTGATCTGAGAGAATCGCAGATGAGTCGCCGACGCCGTACCTGTCGGCGATTCAAA ATCCTACTGTGTGAAATGTGCTCTGACCTCCAGCCAAGATACAGGGCAGCAGGAAGTTCGGAGAGGAGTTATCGACCTGAATATCAGTACGTTAATAGATATATTTAGAA ATATATCAATCAGAAACAAAGCACAAACATTTGCTTGA
LG2	ref-64196	48.449			GTCACAATTGCGAGGGAATTGCAATTTCCCTC
LG2	ref-25582_17	48.712			CTGTTTCATCCGAAAC[C/T]AGTGCTTTTCGGAGGA
LG2	ref-39239	48.876	Chr8	16850534	TTCTAAGATCAACAAAATGTTAATTAGTGGATGTCACTGATGCCAAACTTTTGATTGAGAGCTCACAGAAACCTACTCTTGAAAGGCCAATGTCCTGCAGAGTTCAGCT TCAACCCCAATTAAACACACCTGAACCATCTAATCAAGGTCTTACTTAGGGATACTAGAACTTTCAGGCACGTGTGTCAAGGTAACAGAAGCAGATTGAACACAGATG CACAAAGATTTTGTTACATTTAGCCTGATCTGTTCTGTTTATTTTGCCAAGGACTTTGGGGGCTGTTACACAACACCATTTCCTCAACTAAAAATTGGAAGTGTATGCGT TTTGCCAATCATTTACACAACACAGCGTTTTGG
LG2	ref-40210	48.92			AATAAGAAAATACATGGTAAAAAATAAAGGAAGAAATAAGAAATCAATAGATCAGTCACAGTATTCTACGAACTTGATGCAACGATCGTTAAGTATTAATAATCAGAG AAGAGTTATCTTACATTTAAAAATAAACAATGAATATATATATATTTTTTTTCACTATGTTTACTTTTGTGAGCGTTGACTTTCAATGATAAGAACACGCAACAAACTCG ATTTTCTAATGAATTACTTAAACTCATTTTATCAAATGTCTGGAGTGGTTTGACACATCAGACAGTTAA

LG2	ref-44053	49.242	GAGTTACAGGTTTGGGAAGTTTACTGTATTATAGCTTACCTGTACCATATTTAGAATTACACAAAATGTTCAAATGTATACCTATATATGTGCATTTTTATTTTAATTCATGT TTATGATGTAAGGAACCCCCCATCGGCCAATGAACGTAATCCGACGGCTGGGCAAAGGTTTAAATGCATGTATGTCGTTTCAGCAGCCCTGTGAAGTTCCTCAATTTTT AGAATTTAGTTTCAATTTTACTTTAACTGCTCGTTTAACTGACTCCAGTTTCAAATGATTATTACTCTTAGATCATTTTTCTAATTAAGGAATTAATCATTGCTCATGTATTC ATTTAGATATTTGATTATTCATGTATGTCGT
LG2	ref-62681	49.286	CTATATTGCTGCACTGTCAGGACATAAAATATGCAAAAATTATACCTTTAAGGGTCAACAGTCTGTCAATTGGGGTAGTATTCTTAAAGGCACAACTTTGTACCTTGTCTACT CCTTAAAAGGTTGAATATTAGTATTATTAACCTCAAGTAATAATATGTACACTTAATGTACCCTATGAAGGGTACGTAAGGTACAAAGATGTCCCTTCGAGGGTACTGCC CCAGTGATAAGCTCATGTTGTAAACATCAGATGAACCTCAGGCCCTGTTTCTACCTGGTATTAAGATGCGTTTTGGTCAATCGGATCACAAGTGGATGAGGGAGACACATTCC GTTTACACTTGGTTTTTTAATCAGTCTCTTTGTCCACTTTAACCATTCTGTCTGATTCTCCAAGGAGAGGGTCTATGGGCGGGTAAATGTAT
LG2	ref-30040	49.525	ACTCTTGAATCGAATCGAATGCCTATGAATC
LG2	ref-53036	49.958	ATCACCTGCACGAGAGGCATGCGCTAACAAG
LG2	ref-31246	49.991	CGCTTCGTCCCAGCCGCTGCAGTTTGTGC
LG2	ref-65541	50.146	TGCACAAAACCGACATGCCTGCAAAAACGGA
LG2	ref-3966_6	50.262	ACTTA[A/G]CTCCCGACAAGCCTGTGGTCCCTGT
LG2	ref-65055_16	51.166	TCACATGCTTCGAAA[C/T]GACTGCTGAACAGATA
LG2	ref-62099	51.873	AGTCATTATCCGAACACATTGCCAAACCACT
LG2	ref-16246_28	52.012	CAGTCGCTCCACCTCGGCTCATCGTCCNN NN ACTTGCGAGCCGTCTGCTGCGTGCCGTCTCTCCACCCCATGGCTCCGTCTGGCTCCGCCCTCCCTCCGGCTCCGCCCTCGGTCTCAGTCGCTCCGGTTCCACCTCAGACCTCT GGCACCCACAGCTCCTTCTCAAGGGATCATCGCCACGCCTCAC
LG2	ref-65368	52.661	AATACCATAACGATTGGTATGCTACTTCCGC
LG2	ref-31381	52.975	ATCCCGGTGGATGACAGTGTGGTATGGAGGAAGTCAAGTCCACTGAGCAGCTGACGCATCACATCTACATAACGACACAGAGAGAAAAGCACATCAATCTAAAGGCC GTTACAGCAAAAAAGATTAACGTCCATGTAAACACACAATATCATTCTGTTTATTCAAAGCCGGTACTGCAGTTTGTGCTCTAGCATTTTAAATGCTCTTTAAACTGAG CTCTGATTGGCTGTCAATATTTATATACAGTAGTCAACATCTGAAGTGGATCAAAAAAGTTGTCCTAAGAACTAAGCTGTCCTAAGAAGAAGGTTTGTATCAACTTCAAAAT GTTGACTACTGTAGTTGGAATAAATAATTCTGAAAT
LG2	ref-830	53.107	ACGTTTATACCGAGCGCTGTGCTGATCCTGA
LG2	ref-58061_32	53.219	CTTACCAGAACGACGCATTTGCTGCAGATCC[A/G]
LG2	ref-46009	53.559	TTCACAGGAACGAATAGAGTGCAGCCGATAG
LG2	ref-39280	53.762	CTCACTGGTTCGAAACCCGTGCTTCTCAAAAT
LG2	ref-37608	53.766	GGAAGCTCGACGAAAAAGGTGCTAATTGCTA
LG2	ref-30276	53.823	AGTTGTGGTGGAGGGATGCTGATAAACTGTCAATGAACAGAAGTAAGTCTTCTAATTAGGTTAATTATCTGAACCTGCTCCTCCAAAACCTTTGTAATTTGGAGTTTGACAG ACTTGTTTTATTCAAACAGGTGTTTTTTATTATAAACAGGTGAGTGCTAAAAATCAATGTAGATTGATGGCACTTAGCTCGAGCATTAAACAGTTCTTGGTTTGTGACAGTGC TGACGTCCATGTGGTGTGGCTTGGAGAAGACTGGAAGTGAAGACTTGTAAAGTAATTCCATGTGGAGAGACAAGACCAGACTCTGTGTGTGTGGGTGGGTGGGTGGAT GGTGCTATATATCTGGTGTGGGCTTATAAGGTGA
LG2	ref-27675	53.831	TCTTTTATTCTTTTTTTTTCTAGTAGGGATAATAAAATTCCTTGTGTCTGCACAGTAACAAATGCATTGCTTATTTTGTGAGGTGTGTTTTACTGTTTGTCAATAAAATCG CATTGTCGACAGGCTTTGATTCCCTAACGGATGAAACCTCTTTCCCCACAACCCAGCCTTTGTGCTGTTTGAACCTCAAGACCCAGAGATGGACATACAGAGTTTGTGCTGAT TTGTGATGAATGAGTTAATAAACATGTTTGAACAAAATACATTTATCCAGATAAAAATAATAAATGAATTACTATTTATTATACACATCTACAAAAACACGCATATCTACT AAATTATATATAATTGAGATTTAACACTTTGGTCAGAGGATCCATTAATAACACAATGGTTTTATATTCAGACAATTGTGATGCAACAATTGAA
LG2	ref-60719	54.192	AATAGGTAAGCTATGTGTACCAAAGTAAGCAAAACAAATGAGTAATTGGTTACCTTCATGGCAGTCCTGTAGTAAATCCGAGTCTCCACAGCAAGGACACAGGTTGTAAG TTCATCGACCCCTTTGCCACTGCCATACTTTGTGCGGTGCACAGCAGTTCTCTGTTTAACTTCCACCTTTACATCAGACCATTTCTTTTTAAGATCATTTACAGCGCGATTTTC AGATCCCACCGCATTGACGCCGTGAGCCAACTCTCCCACTCATTTTTTTTCCCTTTTGTATTAAATCTGGAAGACAAAGTTCCAAATAAAATATTTTTTCTCGTTTCTAC

LG2	ref-25303	54.224	AGAACGGCCCCGATACCGGTGCTGGAGGCAT
LG2	ref-40044	54.315	GAGGATACAGGAGGAGGTTCCAGTCAACAGGGAGGAGGTGGAAGTGAAGGGTCCAGGGCGGGTCCAGGGAGCAGCATTGAGCAGGGGCATGATGGATGGTGCCAGGC CACAGCCAGAACTGTGCTCCATGGTGAGGAGTCCTGACAGCCAGAGGCCATGACACTGGAGTAGTAGCCCACTGCATAGTCAAAGTCCCAAGGTGATGGAGCGACTGAG CTGCAGCGACAATCTCCCACGATGACGGTGTGGCTCCGGAGATCAGAGGTTGAACTGGGGCAACCGAGGGCAGTGGCGGTGCCTGAGTGGGCCGTAGTCAAAGGGGTGG AGGGCCAAAGTGTAGAGGAGGCCACTAGTCCGACGCGCAGGTGTGGCGAGGTCTGACCGACTGACCGAGGGAGCTCGGCGAGGCCGAATGGCCGATGGTCCAT
LG2	ref-48526	54.386	TCACGACCTCCGATGCTGCTGCCTAATGTTG
LG2	ref-2207	54.388	AGGTACATTAACAAACAATGCAGTCCTTCTAAATAACATCATCAAAAAGGGAGTAATACTGGTTAATCCTTCCACAGTATCAAAACATAACAGATTATAGACCAATTACTA TGTAACACTGTAACATTTAACTCTGTATTTAGCATAAAATTATGTAGCATATCTTGCTTATCAAGCGATCGCACATGAATCGTTACATGTCCGTACATGCCTGTGCAAACGTAC AGTTAAATAATACACTTAATTTTTTTTTTAAAAACATAGAAGAAAACCTTACTTTATGGTCATGTACTAACACTTTGAAACACCAAACACAGACAAAAGTCCCAATTCATAG TTTTTCAGTCACGTGACTGTCGCGGAGCCCTGGATT
LG2	ref-67779	54.431	ACACACCTCACGATCCGGATGCCATGCATGT
LG2	ref-56488	54.504	CACACTAATGCGATCTGCCTGCCGACTTGGA
LG2	ref-64205	54.826	TGGACTGCCTCGATCTCATTGCCTCAAGTTT
LG2	ref-7750	55.29	GGTGTGTCAGCGATCGCTGTGCCATCATCGC
LG2	ref-2781	55.476	TTGCTTAGCTCCAATAGTCCTCAATGGAAACACCTCTGGATACTTGGTAGCGTAATCACTCACCCTAACATAAAACCTGTGGCCTGCTCTACTGTTCTCAACTGGACCAACA ATATCCATAGCAAGTCGCTCGAACGGAACCTCCAACAACCTGGAAGAGGTTGAAGGGGAGCTTTAGAGGGCAGTCTACTGGAGGTCAACTGACACTCTGGGCAAGTTCTACA GAATTTGACCACATCTCTTCTAATGCCAGGCCAATAAAAAATGTTTCCTAATTCGGGGCAACGATTCTGCCTACCCAGGTGGCCTGCCCAGGGAATAGAATGACCCAAAGA TAGGACTACATTTTGAAGTGCCTTAGGTACCACCAT
LG2	ref-61407	55.821	AACTTTTAAGCGACACAGTTGCTTTTCCGGT
LG2	ref-37228	55.923	CAGGACTCAGCGAAGTACTTGCAAGCAAGGG
LG2	ref-49959	56.146	CACACAGGTTCGATTCTCTTGCAAAGAAGTG
LG2	ref-19714	56.316	TTTCTGTTAATAATTATTCACTGTGTATATAAGCTCTTAGCTTTCCAGTTATGTTTGTCAATTAATAGTAAATCTATAGTGTGTTTCGTGTTTCATTAAAGTATCTGTACTTCTCT GTTTCATAGAGACGTCCAGAGACCAGCCAGACTTCAGCCATGCCACCACAGACCTTGAACCAGAGTCCACTGCAGACTCAAAGAAAGAGCCCACCTCGAAGCCAGTGCCA GAGCCAGTGCCTGAGCCCATTTTCGTCTGAAGCCCAAGCATATAACAGTTTGACCAGAAGCCTGAAGTATGTTAACCATGAAATGAGGGAAACTCTCCATTTTCAAGTGG GAGGTATTTTATCAAACCCAAGATAAAAATACCAAATATTTTAAAATTTTAACTTTCGACCAACTGTCACCTGTGCGTGCATGAGAGGGTTGAGAG
LG2	ref-34614	56.524	GTTCAAATTTTCGAGGCCATTGCGAATTCCT
LG2	ref-59689_4	57.023	CATTAAATGACTTGAGACATTTCTACCTGATTGAAATCAAAAAAGATCAAACTAAAGCAACTTTAGTTAGCCTGGACGCAGAGAAGGCATTGATTGTGTGAAGTGGGTAT ATTTATTTCAGGTTCTATCAAGGTTTGGTTTTTCAGAAAAATCCAATCCCTGTATTTTCAGACCAGAAGCTAGGAAAAAAATTAATTAGAAAG[G/T]GGAACCTCGACAGGGAT GCCCTCTTTCTCCCTTATTATTGCAATTTATATTGAGCTTCTGGCCCAGGCAATAAGGGAAAAACAATACAATTGGAGAGATTACTATTAATAAAGTAGAACATAAAATGG CATTATATGATGATGATGTGTTAATTATCTTTCTAATCCAGACATATCACTTAAGATATTTGATTTTCTTGAAGAGTATGGATGGTGCTCAGCATATAAA
LG2	ref-19121_25	57.29	GCTTCCTCGTCGATGGTAGTGCC[A/G]CACTCAG
LG2	ref-23570	57.551	ACTTTCAGAACGATTTTTTTGCCAGCTGTTG
LG2	ref-40289_32	58.031	AAGTTCCTACCGATTCTGTGCTTTTCGTTT[A/G]
LG2	ref-72037_29	58.43	AATACAACAGAAGGATTTTAGTGAAAAAGCAATGTGTTACATTCAAATTGTATTTACTTTAACTCGTTACACTTAGGCTTCTAGTCATTTTCAGAAAAAATGTTTGTGCAAG CTTTTGCGATCGTATAGGCAATGTGCCTTACTTATCTGTTGTCAATTGGCAACCGGCTCGATTGCTGAGCACGCTGGTCGGGTCGC[A/T]TTCGTTTGTATAGCAACATACTAT ACTGTACATGCTGGTCGATCGCCTGTGTTAGCGCTATACATAGTAGATTCAAGCAGCTTTCAGTAGAGACAGGAAAACGATTATGGTGCTAACTGATTTGGCTGCTC TGCGCAGCCCATAGTAAACATCGTTCCTTAAAGC
LG2	ref-37389	59.059	AAAAATCACAATGTGACTCCAGATTACTGTCAACATACTGAAGACCACAAGAAAACCTGCTCTGAAATGCTGATATCTGTTGTACAATCCGCTATTAGTCCGAAAAATATCAC AGTCTGAGGCACGAGATATAATTTTCTCTGAATAGCATGCGCAAACTGGGATATAACACCATCTCTAGGATGTTCTCGCTGTTTTCCTTGGTTGCAATATCAGACAAAAT TGGGATTATTGCCATTTGCTTTAATCCAGCAAGTACTCTTACAATGTCTTTGTGAATTGGCGATTTTTCATGCAGAGTAAATTTTGATGTAGCTTTGCGCCAATTGGAAAAA

			CCTCTTTCCACAAAGAGCCTATCTGACTGCCCTC
LG2	ref-48716	59.734	GTCTACTTGAGATTGGCCTACTTTGACTACATGTGAGGCGATGTGAGGCGCATCTCAAACGAGCCTAATTTATCATTAGTGAATACACCATTCTGCTGTTGCCAGTTATTGCGTTCGGTCGTTGATGAAGGAACAATGTAAATATCCACGAAACTCACACTTGGCTTTTCTACTATGGGCACTGGTTTCGACAAAATCGTTACTCTGCTTTGTGTTTTCTTCTTTATGGGATTTTGTCTTCCGTCCAAGCAGGTACATGATTAACCTTTACTGGGTTTATCAGAGAATGAAAATGAATGTAAAATGTTTACGCTTCCTGATGGGGCTACACTGGGTTCGATTGCTGCGCTCTGAGCCCGGGCGCGAT
LG2	ref-29544	59.822	TCCTCTCTTGCGATTGAAATGCTTAATCCAC
LG2	ref-60767_30	60.71	GGACTTTTCACTCAACTGAGAGAGCACATCCTATTGTATTATAATGACTATTTAATATTACTACTAAACTTACATATTTTAATATTTTATTTTGTCAATTGTAGTGTAGGGTCCAAACTCAAGTCCAGGGGGCCCCCAGACCCCTAAGTCTGCCTGTTTATAATACTCCAAATGTAGCATGGCGCTCGGGAGTAA[G/T]CCTGATGAATGCATTAATCAAGTCCTTTATATTCAAGTTGTTCAATGGCCCTGTCCCAAATGGCACCCCTAAACCAGAAGTGCGCATCGAGGGAGCATAGCAGCCGCAAAGGGGGCGCTCACGAGCATCCTTCTTTAAGCTTAAATGACGAATGGGACACCTACGGTCTTGT
LG2	ref-35422	61.185	GAAATAAACGCGATACATCTGCCTGTGTGTG
LG2	ref-25351	61.252	TTAGAGCGCCCGACTCCCATGCCAGCAACCT
LG2	ref-15031	61.397	AAATTTATATCGAGCGCAGTGCAACAGCTGA
LG2	ref-3521	61.934	GCCTCGATGATCTCTAATGTTTGAGGAGCAACAACACTGGGTAAATTTAATAGATTAGATTGTTAGATATGTGCTGTAAATTCTGCATAGCGCTTAAATGTTTGTGATTGTGAATCTCTCTATTTGCTGTTGTGCCTGATCTGATCCAGCAGGTGGGGTTGTGACTTCTGTGTGTGTGCGTGTGTGGCGCATGCGCACAGCTGCCCTCTCGAGTTTTTGTCAACCACAACCTGAAAGGAACTGTTTTACCTTTTCAGACTTAAAGCTCGTGCAGCAGTGTGTTGTAGATAATTTGTTTTCAGACATGTCCTGATGAAGTGTTCCTTTGGAGTATTTTATGAGAATAAAATCTCATCTGTTGGATTACAGCGCAAGTTTTTGGATCTGTATGTTTATTGCTTCTGTGAACCGGATCATTGT
LG2	ref-14557	61.997	TGCAAGGAGGCGAGACTCATGCTTCTCACAA
LG2	ref-51511	62.342	AACAGTTCATCGAGAACTATGCTGACATTGC
LG2	ref-36779	62.861	CAGTGTTATGATTGGCTAACATCAATGCATAGGAAACAGTATCAATACCCGCTCATTATTGCACGCGAGTAAGTGTTTTGAAAACATTATCCATATAAAACTCTCATTTACAGACAAAGCATTATGAAATCATCTACTTATGGTATGTGAGGCAGCTGCTGTCAGCAACAGTTTCTTTGTGAAGTCTCCATTACACTGTCTTATGGTTTGCAGGCAGTTGCTTTCAGCAAGTTTCTTTCTGAACTCTCCATTACACTGTGCCTCGTTTACAAAACAATCTGCAGTCAAATGCTCTGAACAAACATATAATCCTTCACCACAATCCGGGACGCCGTAAAAATAAACCATCCACTGTTTCTGACACTGGGATCCTTCTGAAGCCTGTACAGAAATGCAAACAAGCCGTTTAAACTGAACGCGTCAAAGCGA
LG2	ref-37819_31	63.282	AGAGCAGGACCGAGTGCTGTGCGAGCTGAA[C/T]G
LG2	ref-2994	63.792	CTTCAATGCTCGAGCTGTGTGCTCTTCTGTC
LG2	ref-372	64.448	GAGACAAATTCGATCTTCTTGCACTGTTAGC
LG2	ref-4781	65.078	TGCACTTTCGCGAAGATACTGCCTAATATAT
LG2	ref-30579	65.284	GGATCATTATCGATCCATCTGCTATTTTCGC
LG2	ref-60861	65.599	ACCAGCCGAACACAGTGAGTGTGTGTTAGGAATGGTGAAAGAACAATGTGCTTGGTAAAGTTTAAATCTTTAAACCAAACCTGGGACTTCAGCCGACAAAGTCTGGCTAGAACGCTTCCCATAATGTTTACATGTTAGGTCAGTAGGCAGAGAGCAGGCGGTCTTTTGTGCCTTATCGTGCACACTTATCGTGAAATTAAGCATACACCAAATATCTTGTTAAACACGTCTATTTGTGCCTGTTTAAACACATTGAGCACATGAGCATTTACACTACAAAAGCAATCCGGTCTAATGCATTTTCACTACCTCTGGAAGTGGTTGAAAGTGGAACACTCAAGAGTCTTACACCCTGTTTACATCCGTAT
LG2	ref-71360	65.992	GCCCCCTTTCGAAGATATTGCTTCTAGTGT
LG2	ref-63575	66.015	ACATGTCCAGCGAGTGGCTTGCCATCCAAAT
LG2	ref-53780_14	66.16	GTCTACCTTCATGCTTTGAATCTTGCTTTTCTCCATGATGGAGATCTGTTTTGGGTGTTGTTGGGGGTGTCGGGGGTCCATGAGGCTGACCTAAGGATAATCACCACAAAAATATGTTTTGAGTTATACATATTCATTTATTTGTCATGCATACTATAAATTGCTCCACATGAGTGTGTGTATCTACCTGTATGATCAGAGATATGATCCGA[C/G]GAACTTGC CAATCGCCCCATTCCAGGTTCAAGCTTTATACATGTGATGGGTTAGATCAACGCCGCCATCAGACTCACTCTGACCTGGCTTCACACTCTGGTATTATATAATCCGGGTGATCTTTCTTGTGCTGAACTCTCAATCTTTCGGCTTCTTCCACAAACGGTCTCTTTTCATTCTCCGTCAGCAGTCTGTTGAGTGACACAATTATCAGTCATAA
LG2	ref-33085	66.351	GTTGGCTGGACGATTATTCTGCCCTTCATAG

[illegible]

LG2	ref-61442	71.407			AATGAGAGACCGATTTCAGTGCTACACGCGA
LG2	ref-30804	71.525			ATCTCATCAACGACAACACTGCTTCAGTGTT
LG2	ref-27126_32	71.637			AAACGATGACGTCATACACATGCGCATTATACGTTCACTATAGTGATTATCGCCATCTAATGGCCTGCCAGCAGAATACAGCGTTTTAGTTATTTTCATAGATTTGTAT GAATGGGGATCGTTACCAATGGTGACGTTTGTACGCGGAAAAACAAAGGGAAAACTTCTCCGTTTTAAGCATCGTTGTCGTGTAAACGT[A/G]CCCTTAAGTGGGGAAAAATG TAAACCCCGCCATACAAATTTTCACAGGAGAATAATGGGAATATGCATGGCTGAGCTTTTGCTCAAGGCCATTCTCCGATTATAAATCTATTCTTGCCCTATTTGGAGAGA CATGTTTATTACATCCAGAGAGGGATTTCTATGTTAAG
LG2	ref-73031	72.039			AACGACTGAACGATTCTGTTGCTTATAGAG
LG2	ref-63447	72.706			TGGAGCAGATCTGAAAACATCTCAATTCAAACATACAGAGGAATCAGTATCAGAAAGTCAAACCTTCTAGCACAGATGTGGCTTCTTCACCTACTGAATTGAGGGAAAAAA TCGCTAATCCAAACAACAGTGAAACCAGCGATGCTGAATTGGTGAATGAGAACGAGGATACTTTAGTTAACGTTTGTGAGCAGCAAAAATATGACAATTACGAGTTGTGT GCAGCAGATGTGAATGATAAAGAGAATGTAAGAATGGATGATGGTCTTCAGTCAACTGTTTCATCAAAGCAATGCTGATCTGGAGACAGTGGGAGCTGCTGGGGGAGATAA GCAGCATTCTGGAGCCTATAATAATTCCAGTGCTAGCCAGTACAGACCTGGTATAGCATTAGGAAATGAAGAATATAAGCATAGGGCAGATGAACTATCT
LG2	ref-14610	73.191			CCTTTAAATGCGAATGAGCTGCTTTGCCCG
LG2	ref-43940	73.437			GTCACAGAGACGAACTCCGTGCCAGCAGTTT
LG2	ref-42400	73.752			TGTTGCTAGGCGATTGCTATGCGGTTTCTAT
LG2	ref-20070	73.835	Chr3	11294772	GTGTAGTGTAATGGCCTCTAACACAATTATGTATTATTAAGCATTTTTCTTACTCAGTTCTAATTTTGTGCTGTCAGAAATCAGAAGATCGGAGTTTCTGAATACTTCAC ATGTGTATTCTCCTTCGCTCCAGCTCTCAGATTGTCCAGACGGAGGGAAAAAGTTTCCATGCTGAATCTCATCAGTAAAGAAATGAGCTCTATCATGACGATCCTGCTGCTG GGCCTTTGGATGATTGTCACTATCTTCATATAGATAAACCAGTTGCGAGTTATTTTCGTTTCCATTTTATCTTCAGTTTCTCTTTAAATTGGCCTAACTTTCTGTCAGCATAACA GGGCAAAATCACTGAACCTCCCAGAGGAACAAACAGGAAATTAGAGGGTCCTTTCACAATGACACCTGCAAAATGAAAAGATATTTTGTTTTTT
LG2	ref-45920	74.151			ATCAGCACACCGAGTTCTGTGCCACAGATGT
LG2	ref-48028_9	74.163			AGTTTGTTTGTTTCATTACATAACGTGTTCCCTTGTTTAGATTCCCACCACTCATCCATTACCATGGACACTAACCTAATCATGACAGCTGTATTTCTTTTAGTTAATCTCCAT TGTATACTTAATTCCTCCTGTTCACTTAGTGTTTGTCCGGTCACCATTGTATTAAGTGTGTG[C/T]TGCATCCTCTTCGCATATCTTTTGGATTATTGCTATTAAGCTTTGTC TGATTACCTGCAATACCCATGACAGATGACCAGATCCAACATGGATTATGAGACAAAATTCACACTGTGGCTCAGATGAGCCACAACTTATATATTTACCCAGTGTT TTTGTCTCTTGCCATCACCTGTCCATATGACA
LG2	ref-33341	74.203			ACTCTCTCTTCGATGGAAATGCTTTCTCAGT
LG2	ref-11744	74.245			AATACAAATGTTATTTTCATTTTGTAATAAATTTATTTTGAAAACATTTCTAGTTTACAAAAACACATTTTAGCATTATCACTAATCTGTGTGTGCATTTTCCTTAAAAAC CCATCAAGTTGACTCATGATACCATTTATTATAATCGCAATTGCATATTGCAATATTGACCTCAATAACTGCACTATGAAAAATTTCCCAAATCGTGCGACCTAGTGCAGG CTGACCAACGTGCTTTACAAAACATCATAACACAAACACACATAAAACGGAGAGAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAAATTTAAAAACAGACAACATTCATAAAATAC ATAGCACAAATTACTGACTATAAAAAGCAAGTGAACAGAAGTAAGTTTTCAGCAGTGACTTGAAAATTGGTAAGGAAGGTGCAGATCTAATCTGAAAT
LG2	ref-52460	74.406			AATCGTAAATCGATAGTACTGCGCTTCACTA
LG2	ref-13607	74.715	Chr3	10164685	GACTTGTTCCCTTTGTTAGACAATAAACTGCTTTGAATATATCACTAATGTCTTCAGATGTGTCACTGTCTCTTTGTTGTGTTCTATCATGTTCACTGGCCTTATTAAACATTAA TGTATTTTGCTCTGTAGTTTATCATGAGTAGTTTATGTATGAAAGTCTGAATCAGCTCATTTTCAGCACAAAGACTCGTGGGTCTGTAATGAATGTTTAGTTATCTGAAGAAC ATCTGCAGCTCTCAGTTTGTTGTTCTATGAAGATGAAGTCTGTGAAATAGGTGCTCTATTTCTTCACCTTTTGTTCTTTTCTGCTGTAGGTCTTGATCTGAAGTACTCCTGC TGCTCCAGTGCTATGTTCTCTCTCTGTT
LG2	ref-30038	74.819			GGTGATTGCACGAGATCCATGCGAATTGGAA
LG2	ref-35293	74.847			AGCTCTATCACGATACTCCTGCTGCTGGGCC
LG2	ref-55927	75.1			ATCGCTACTTCGAATGGTATGCAACGTGGTG
LG2	ref-68235	75.121	Chr3	9987401	TGCAGTATACGCTATGAAGTGTGCATTATGCAGTGCACTAGTATTCCATTCTGAACACATCCTCTGATTCAATCAGGTTTCTCTCTTATTAATAATTTTTCAGTGTGCGCTA CGTAATTCGGTAACATGAACCATATTAATCTGATAACTCATGCTGTATGTTCAAGGACCTTCATACTGCGCAGGGCTCGTGGAAGGGCCGTGTGAGTTTGGAGGTTGTTTCA GGAGCGGGAGGCCCTTCAGAACGTCTAAGAGTCGAGAGAGAGACGACTCATTAGGATTATAAATAGCGTGTGTATGTCTGCCATCGTTTCAATCATGACTTAATGGGGTG AAACCCGAGGAAGGGCGTCACTGACAAACACACAT

LG2	ref-52335	75.432			GGTCTTTTTGCGATGTATATGCGGGTTGTTT
LG2	ref-32128	75.475			CAAGTTCTGTCGATTCTATTGCTACCAAGGT
LG2	ref-32541	75.545			AACGTTGTTGCGATGATACTGCCTATTCTAA
LG2	ref-41062	75.617			AAGTTCGGAACGACATGAGTGCAAGTAATTA
LG2	ref-17131	75.878			TTATAATACACGATGCATTTGCTGTGTCCAT
LG2	ref-71180_8	75.895			CAGCAACATTTTTTGAGCGTTATAGGCGTTTGCAGCAGCTTTTTGCGCATCATAGGAGTTTGCAGCAGCATTTTTGGATATCATAGGCATTTCGAGCAGCATTTTTCGGGC ATCATAGGTATATGTAGCAGCATTTTTGGGCATCATAGTGTGCATTTTGGGGGATAAGCGGTGT[A/G]TGCAGTGGTTTCGGGCGTTGCACATGCAGCAGCACCATTTTTT TTTTTAGCATCGTAGAGGTGTGCAGCAGTTTTAGGCATCATAGGCAATGCTATCTACATAGGCAGTTTACTAGGTTTTCAAACACAGCTTCTAATTGATATGCTTATTCAAG CATATGCATGCAAATATTGCCTGTCAGAAATGTGCAT
LG2	ref-30141	76.319	Chr3	10194201	AGATTTGCATGTAGGTGTTTTGGGATCGACTCCTCCGCTGCCCATATCCGAGACTGAGAGCTTGAAATCTGAAGCGGTTTTGTTTGTGCTGGCCGACTTAGTGTAGGAGGC GATGAGGCCGACCCGACCCGTCCGAGGGAACCTAAAGAAGCTCTTCTGGGTAAGGACTTCTGTTTTGCAGTGCCATTGGCTCCCTCCGGAGGTTTCGGTTCAATCCGGTG TAGGTGAAGCTTGAGGCATGAGCGGTTTCTTTATGCTCCCTCTGAGCTCCGAGTCTCTGGAATGGGCTTGAGGATCTTCCGAGGACCTTTGGCCTGACGCAACGCCTTCA GCTCCGGAGGCAACGCTTTCCTCCCTCGTTCTT
LG2	ref-18651	76.603			CCAGGGGGTTAATAAAGGCTTTTTGAAGCGAAGCGATGGGTTTTGTCATATTTAAACCTTTATAAATTCAAAGTAGCTCCGGAGAACGACCGTACGCATACTGCGCAAG TCGACTTGTGCCAAGAGAGTAACCTAAGAAGCAACGAATGAAGCAAAATGTAGGAGAATTGTAATCTTACATGCCTCTCGTGGTTCAAACAAATAGGGCTGGGCAACAAA CTCAAGCTCCTCTCTCTTATATCGATATCCTTTGACATTTCTCTTTAAATTTCTCATTTTACAGCTCGAATTAATGACCGGTGTTTTGTTTTGATCTATCATCTGCGCTTCA GCGATCGTCATTACGTCATGCGTTGAGTCAGAGT
LG2	ref-21419_1	76.603			[A/C]AACATCATCCGATCAACCTGCAGGTACGTCA
LG2	ref-27662	76.925			AGGAAGTGTCGATTTGCCTGCACTGACTCC
LG2	ref-30595	77.101			ATTCAATTAGTTCGCCCGCACAAACCATATTAGCTGCATTGTGCGTAACCAGAGCCGGTTCTTTCTCTGTACTATTCCACTCATTTAAGGCTGTATTTAACAATGCTGCGATGT TGCTGGCTGTGTGGCTGGTGTGGACAGCCCGGTTTGTAGAATGAGACATGAGTGTCCAGACACATGCGATAAAGTGACACGTGATGGTGACATATGAGTCTGTTGCC TGGATGTCCAGCTGTACAGGTAAGGGCAACTCTTTTGGCGACTGGAGAGACATTGCTCTTAACCTCTGCATACATTTTCGGTATTGCCATTTCACTGAGGTAAGTGGCGTG TTGCCATTACGTAGCGTGGTTCCAAAACATTAAAGGGGCTCTATGTAGGAATGACACTCAGTGGTCGAAATAGGTACTGCAGTCCAAATTCAAAA
LG2	ref-54756	77.194			ATCCATTACAGCAGCCAACTGCTCGATATTA
LG2	ref-6042	77.45			TTTGACCCTTCGATGACAATGCTACTGATCA
LG2	ref-33960_19	77.525			TTGTTTTTCAGTAAATATCTAAACATTCTTAAGTCAAGTAAGAAGCAGAATGACGCAGACACTGTAAGACTTTTTTCAGTAAATCAAACATGTCTGTTGTCATAATGTCAG ATGTGTTTATACATTACAGGAACTGAGTGCCTCCATTCTCCAGAGACCGATAGGTGGATGGGATACATGATCAGATGACACAAACCAGCAGGAAGAGCGAAGCAC[A/G]TGCCCGAAAACGTGCGTGTTTTGGCAAAGAATGGCACACACTCACATCTGGATACCTGTTGATACTGGAACCTGTTGGTATTAGAACTTTACATCACATTCATGACATTTA TTCTTTTATCCTCAGTGACTTACAGTTGAGGAATACGACGAGTGATTATCTAAAGAGGAACATGAATGAACATGAGAAATGCTAAAGTTTCAGCCATCGT
LG2	ref-14417	77.526			TATCTGGAGGCGATTCCATTGCGCACAATCA
LG2	ref-44537	77.614			TCGGCGCCGACGATGAGTGTGCAGTTGTTTT
LG2	ref-27616	77.711			CAACTGGACACGATTTCAAGTGCTTCGGACAC
LG2	ref-17046	77.824			GTGACAATACCGAGCGTTGTGCAACAGTTGA
LG2	ref-48722	77.929			GTAAAGATCCCGAGATGTATGCCATGAGATT
LG2	ref-71439	78.01			GCCGTGAGGCCGAGCCCTCTGCAAGAAGGGA
LG2	ref-34249	78.064			ATTTGGAAGTACAGTGTGAACATAGCCATTGATGTTATACACGATTGGTCTGCGCAGAGAGCCGCATCAAGTCAACACACCTAATGAGCGATTTATTGGTAAGAAAGAA GGATTCTGGGCAGACGAAATAGGGGTGTGGCAG
LG2	ref-61698	78.153			ACCTGTATCCCGATGACCGTGCTAAGGTAGC
LG2	ref-48518	78.234			ACGGCATGAACGAGCCAAATGCCCTTTCCTA

LG2	ref-36808	78.252	TGGCCTTGGACGACATTTGTGCAGCTGTAA
LG2	ref-3716	78.309	CTGTCCCAGACGAAAGAGGTGCATCGTGAAA
LG2	ref-8566	78.343	CAATCGACTACGACCAGGATGCAGGTTTTAT
LG2	ref-58061_10	78.35	ACGCCGAAAAAATACACGCTGCTCACGTGCTACTGATGCCTGCAGTGTGAACTGCCGTTAGGCTTTGTGCAACCCCTTTTGTAGCCATATGAATTACTATTACCTGTATGCGGTAGTGATTGCGCTGAAAATGGAACGCTTCTGGATAGATTGGATTGTGTTTTCTCTCCAAGCTGCCCTCTTCGACCACTCTCCGCTCTTACCAGAG[A/G]GACGCATTTGCTGCAGATCCATATGTAACCTTAATCCAATTGTTTGACGACCTCATTTACGCGAACGAGGATCTCTAGACGTCGGAATGATAGCACGTTTACAGTCTGTGGTGACGCATTTAAATTTAGTAGTATCAAGTATTTATTGACCTTAGGACTTGAGGTGGGGTTTCAGTGGCGAGAAGCTACATGTTTGTCACTACTAAATATGTTTTTGCT
LG2	ref-21471	78.35	AGCATGCACTCGAGGGAGCTGCCTGTGTGCA
LG2	ref-13271	78.425	CCAGAGGTTGCGACATGGGTGCCATATGGTG
LG2	ref-34552	78.432	TGCCATTACACGATAGAGGTGCTGCACGTGA
LG2	ref-45463	78.505	TCGTCCATCCCGATGCCACTGCTATCGATGT
LG2	ref-18534	78.552	AGGTAAGGTCCGATGGCAGTGCCGGACAGGG
LG2	ref-13984	78.645	CAGGAGACCACGATGTCCATGCCAACCTACA
LG2	ref-14250	78.667	CAGTAGTGACATTGCTGGTGAATGCTATTCTGGCCACTTACTGTAGTAATCAGTTAAAGTGAGTGCATACCTGCAATCCCAGGTCCCTAACTCAAATGGTCCAACAATGTC AAGTCCAACCTTTTCTATGGTGCAGAAGGAAGTGGTATAGGCTGAAGGGGAGGCGTATGTGTTTGGCACTTTTGTGATGTGTTTGGCAAAGTGTGCATGAAGAGATTAT GGTCTGGGCTGAGTGGTCCATGCCAGGCCACCAATACAAGTCACGAAGACGCTGTTTGGTCTGACCATGCCCTGGTGACCCTGATGAGCTAAATTAATTAGGACCCTGCG CAGAGATACAGGTACCACCAACGGTATGAACCTC
LG2	ref-54972	78.777	ACAACCTTGCTCGAGGCCTATGCTTCTACAGT
LG2	ref-12048	78.783	AGTAACTTGCGACAATATTGCATGGCTTAC
LG2	ref-36329	78.798	AAATAATATCTCAATACTGTCAACTGGAACTCAAAAATAAGGCTACATTAGTTAACTACATTTGTTAAAAATTAATATCAATAAGCTATACTTTTACAGCATGGTTCTGTATCTTGGTTAATACTAATTTAAAAATGTATTAATATATTTTTAAAAATGGAATGTTGTGGCTCTGGTTATGGGCAGTCCCTCATTTCTTTTTCAGCTACGACACACTTGCCTGTCAGTTTCTTCAAAGTGTCTGTTTTTAGGACCGCGTAAGATTTCTTTCACTGTGCATCTCATATATGGAACAATTTGGTAAATTTCAAAAAATGAATAATTGAAATTGAAA TTGAAATACACTTTATTGTCCCCAAAGGGGAAATTTGTGTTGGACTCAAGGTGTTTACATTGACAAAATCAATAAAAAACATTAACAAAAA
LG2	ref-45696	78.837	ACTCCCCTTATAAAGCATGGATTAGCCTGGACATTATTTAATATAACTCGGATTGTGTTCTGCTCTGAGAGAAGATAGTCATATACACCTAGGATGGCTTGAGGGTGAGTAAATCAGGGGTAAATTTTCAGTTTTGTGTGAACTATCCCTTAAAGTTTCTATGGTAACGCTTAGATCTGTGCGACCAGATCGCAGGTATTGGCGAAGGAGAGTTGTAATCATAAATCCATCAACGTTTTGCAGACCGATGGATGTAACGTGCACAACAAGCAATTCTGAGGGTAGTACACCAGTCAAAATGTAGAGGATTAGGTTATGTAGCTGCAATGAGATATAATAAAGATCCATGCTATCAATGAGAACTAAAAA
LG2	ref-7200	79.038	ATGCAGCGCTGCCTCTCTGAGACTCCAGGGCATTGCGGTACTAAATTATATCGACGATTGTTGATTTTAGCTCAATCCGAGAGTTTGGCCGTTCAACATCGAGATGTAGTTCTCGCCCATATGAGAAGGTTGGGGTTCAGTCTCAACGCCAAAAAGAGTGTGCTCATTCCATCTCAGACGACCACCTTTTCTAGGCGTGGTATGGGACTCGAAGTCCATGCGGGCTCAGCTTTCGCTGCCCATATTGCTTCAGTTATATCAGCTGTGAATGCGGTAAGTAACTAGGCCAGTCACTACTGTAAAACAGTTTCAGAGATTGTTAGGTCTCATGGCAGCAGTCCAACGTGATTCCTTTTGGTCTACTGTACGAGACCTTTACAGTGGTGGCTCAGGACCAAGGGGTTCTCCCAAGGGGAAATCCTTTTCG
LG2	ref-56753	79.041	AAGCCAAATGCGAACGAAGTGCTTACCACGA
LG2	ref-66750	79.178	GCTAGTAACTCGAGGCCAATGCAGTTGGGGG
LG2	ref-68968	79.288	AAACTTACCACGAAGAACATGCAGATCAACA
LG2	ref-46281	79.391	ACGTGTTAGTCGACTGTTTTGCTCAGACTGG
LG2	ref-13970	79.568	TAGCCACAAACGAGGCTGTTGCTGTCTTGGG
LG2	ref-21148	79.672	TCTGACGATTGACTGTGCTGCTCCAGACGT
LG2	ref-2949	79.82	CATCGTTATCCGACTAGAGTGCGGAAACCAC
LG2	ref-25485	79.931	ACTAACAGTGCGAACACAATGCAGAATTGTC

LG2	ref-55346	79.952			GGAGGAAACATGAAATAGCCTATATTGTTAATGTTATTATTGATTATAAAAAGATTTTATATTTAAATAAAGGTAATTAAGAAAGATAAAAAATTACGGCAGTGATTTACGCTCCACCCCATATTCGTCACGGGGTGTAGGTTAGGTTAGGGACTCACAACTCCTACACTGTACTAGAGGCTCTGAACAGAAGCGAAACTTTTATCGATTCTCTTGCTGCTCACGACGTTCACTGTCAGCAAAATGGACATTCCCTTTGAAGAGGAAATGTTGCAAACTGCAAGTACACCCTGAGAATGACTTGAAAGAGTTTATGTCCTAAATTTATCCACGGTTTTGTTAGGAGAGATTGATTGTCGATTACAACCCAGTTTACTTCCTTAGGCTATGTAGTTTCGAGTTTAATGTGATATACGCAATAGGA
LG2	ref-17738	80.392			CGTTCATATTCGACCTGCTTGCCGTGTATGTA
LG2	ref-30841	80.71			TGCCATGCCTCGAGCTGCCTGCTGAACAGTC
LG2	ref-60950	80.71			ACGGCTTATCCGATCTGTGTGCGATGTGGTC
LG2	ref-57127	80.753			AAATCTTCTGCGAAACGGATGCCAGCTTCTT
LG2	ref-72132	81.047			CTTCTACTGACGAGATGGGTGCAAGGTGGGT
LG2	ref-18390	81.21			CTGTCTACTACGACCAGGATGCAGGTGCAAT
LG2	ref-60718	81.361			AAGCAGTTCGCGAGTCTCATGCCTTTATAGA
LG2	ref-1744	81.381			TACAGTCTCACGAGTCTTGTGCTGAAGAAGA
LG2	ref-20469_31	81.469			AGACTCAAAGAATTTGGACAATTTTCATCCCATCTCGATTTTGCCGTTCTTGTCTAAAATTCTTGAAAAAATCTCTCTTGTAAAGAGCTTATATGAGCAGTTCCAATCAGGGTTTCGCTCCCATCACAGTGTTGAGACTGCACCTTGTAAGATTTCGAATGATCTGCTACTAGCTGCTGATTCTGGTCTTTTATCTATACTTATCCTTCTCGATCTTAGTGCAGCATTCG[A/G]TACCCTTTCACGCTCCATACTCTTAAGCAGATTGGAATCTATTGGAATTACTGGTATGGCTGTAAGTTGGTTTCATTCTCTATCTCACAAACCGCAGTCAATTTGTACAACCTTACACAGTTTAAATCTAAACCCACTTCTGTTGTGTTCCACAGGGTCTGTCTTGGGACTTCTTTGTTTCTTATTATCTTTTGCCAGTT
LG2	ref-43933	81.526			AGGCAGAACACGAAGGAATTGCTCTAGGATG
LG2	ref-14784_16	81.605	Chr3	14643952	TCACGGTTATATTTTTGACTCCACAACATCAATAACAATGCTGAAGGAATAATGGAGACGTACCCTGTAGGAATCAGACACCACGAAGCACTCTGGTATCCCAGGACCTCTGGATGGGTCTTCATTACACAGAAACGGTTCCGTTGGCTGAAACATAATATAACACATATAAGTCATCAGCATT[A/G]CGATCGCAAGACTGTTGCTACTATTTACCCTTCAC TCTTAGTTTTTTGCAACTATTTTAGCAGAGTTCTTAATCTGCTATATGGTTCTTTGGAGGTTCAAAAAGTTCTTAACCATATTATAAGTTCATATCAACGGTTTCTGGGTTCTT CGAACACAAATCATAGATAGTTGTATTTAAAAAAA
LG2	ref-40400	81.635			GGGGGACCCTCGACACAGATGCAAATATGCG
LG2	ref-8761	81.704			CCCCACTAACGACGCCCTGCATACAGCAC
LG2	ref-57846	81.828			AGGGACAGACCGAGACCCTTGCAATTAAGAAC
LG2	ref-48929	81.872			CACGAGGAGACGAGGAACATGCAGCTGGATC
LG2	ref-44984	82.088			GATCCTAATGCGAAAGGTCTGCTGTCATCCT
LG2	ref-28850	82.134			GGTGAGACTACGACCCTGATGCAGGTCAAGA
LG2	ref-9732	82.31			ATTGGGTTTCGACAATTCTGCTACAGCTCA
LG2	ref-53222	82.392			TTTTCCCAACGAGTAGCTTGCCATAACGTAT
LG2	ref-67685	82.395			CAAAAGCCATTTCACTGCCTGAAGTTTAAATAATGACAACTAGAAAGCAATATGCTACCATTAAAGCTGTTTAATTGTAAATAAAATACTTCCTAAAGCAACAAGAATGATAAAATGCTGCTATGCAATTCTAGAACTAGTTTCAGCAGCTGTTTGATTATCAACAGAGAGGATTGTTTATTGTGTTTATTGTGCATTACAGCTGTAAACAACCACAGTGATGCTCCCTAGCCTGCGTGAATTACCTGCTCAGACCATGTGCCCTCACTGTAAAGCACCAGGTGATCACTATAACAAATCACTACTCCGGACTCATGACCTGGATGGTCTGCGGCTGCCTTGCCCTCATAGGGTAAAAATTCAACCTTCTTATTCCCTTGATAATTTCAATAAGCATACTATGCACTCATAAAAAATGAAGGTTCTTTATTGCATCG
LG2	ref-30543	82.404			TCAGAAAGGCCGAGTTCTTTGCGCATGCGTC
LG2	ref-40797	82.743			ACCGAGGACACGACCACAGTGCAACCTGAA
LG2	ref-42943	82.751			ATTGCTGGCGCGATCTTAATGCCATGCCTGC
LG2	ref-39078	83.178			GGTGGTAGTACGATGTGTGTGCCAGACTGAT

LG2	ref-23485	83.35	Chr3	50721860	GATGATCAAAAATTAGTTACTTCATAAAGTGCATATGTGATTTTGCCTGTAATGAAGTGATCGTTTTTTTGAACAGTGAAATGTTACTAATAAAGTTATTGTGTGTGTTTTGTGTAGGTGCTGGTTGAGGGTGGATAACTACTTCATCTGGAGTTTTATCGGCCCTGTGTCCTTCATTATCATGGTATTGTTCTCTCCAAACATTCAGCGATCTCACTGCTTTGCTCACAGAGTTTGTCTTTTTTCCCTCTGAAAAGTGTGCGCTAGTCATATCAAACAAAGCACTTTTGTTCACCTATGGATCTGTTGCTGCTGACGGCTATGTTTTGGCTGTAATATGCTTTATATGAGTGTGGAGTTTAGATTAGGTTTAGATACAGGAACCTTGCTGACATTTTTGTGAATTACAATATATTTTACTAATACGCT
LG2	ref-25720	83.64			CTCACCAGCACACGATCATTAACTTCCAAGAAGGAATTTGTACACAGATTGTCAAACCTGGTTTTGTTCCTTCTGCACTCTTTAATGCTCTGCGTGAAGCAAGCAAATAGCTTTCTTCCAGGTGAGACTTCAGATGCTTGACATACTCAGAATGGGATATCTGTGGACCGTCCTGGTATGGCAACCCAAAGGCAAGGTCGACAGGCAACCGAGGCTGGCGCCCCAAACATCAATTCATAGGGGGTGTATCCTGTAACCTTCATGCTTCGTGCAGTTATATGCATGAACATAATGGCTTGACAAAATCTCTCCAATGAGTTTTGTCTTTCTCATCCAATGTGCCAAGCATGTCTAGTAGGGTCCTATTGAAGCGTTCAACAGGGTTCCCTAGGATGGTAAGGCGTTGTTCGAATTTTCTCAATGCCTGATAT
LG2	ref-2046	83.811			CGGCCCAACCCGACTGGTTTGCAACCAGTTC
LG2	ref-31993	83.921			CTACTGATCTCGATTGTTGTGCGAGCACTCTA
LG2	ref-11471	84.197			TGCGAGCTCCAGGCCGTGAGCGCCGTTCACTGCTCGTGTACCCGCCGAGAACAGTGCTTCGGCCAGTGAAGTTCTACACAAGACTGGCAAACAGGACAAACACCAACTGATTTTTATTATTCACTTTTTCTGATGGAAAAACAAAGCCATCAGAAGAAAAAATAAAAAATAAAAAACAGCAGCCGCCTCGTAAAGGACAGTGAGAAATTTGAGTCTTTGATCTTTCACTAATGTGTACCTCAATCCACAGGTCAAGATGTTGTTCCAGAATGTCCCAACGTTCCCTATGGCGAGAGAGTGGACTGTTCCCAAGACCAACGCTTCTGAGGTAGACTGCAGTGGATATGGCCTACATTCCATACAAAC
LG2	ref-36003	84.22			TAAGTAGCAAAAAAACTGGAATGATATTAGCGTCACGGGGTTGCTTGCGCAGGAAACACACTGCTGTAATTTGAGTGGACTTCACTTCAGAGTTGGTCTCAGTGGACACCTTTCAGCCAGCGTTTCACTAAGCCCAGATGCGTTTGGGCAAATCCGATCCCTTCCAAATCTTTCATTGGTGCACCGCTGTCGCTATCAGAGCGATTCTGCAGCTGTGTGACAGCCTGATGCAGTGATAGGGATGTGTGTGCTGAAGACATAGTTTCAAACAGGAAGCCAGGGCTAATGATTCACAGATGGTTGGGATGGTGCAGCGCCGAGGCCTGGGCTTCGTCATGGTTGTTGTGATTTATTCGGCTGTACTCT
LG2	ref-2945_14	84.589			AGGGTCATACCGA[A/T]TGAAGTCCACGTCTCCC
LG2	ref-2091	84.786			CAGTTTATTTTCGACCAGCTTGCTCCTCTGAA
LG2	ref-34368	84.98			GACGACTGAACGAATCTGTTGCAAGTTATCC
LG2	ref-2945_19	84.982			AGGGTCATACCGAATGAA[C/T]TGCCACGTCTCCC
LG2	ref-33277_24	85.187			TACGTGCGTATGGCCCCGACTACACCACTGACACTGACGTGAAGCTCTAGAAAAAGGGTCAGATGTCAATTGCTTTGGAAAGAGGGCTATTGTCCTCTGGAAGAAAGATGACACTGATTCTTGCTACAGCAGTGTTTGTTCATGCTGAATCAGATTGACAGCCATGCTGCGTGCATTAGACTCGTT[C/T]TGACAGACTGTGGCTGAATGATTTGTTCTGGGCTCGGAGTGGGACGCGAAAATCACCTTGCCCTGCCCGTGCCTTTCTTCTGAGGTGCATGAAAACTTTGTAGTATGGAACAAGTGTGCCAATATGGAAGGCACATGTACCAAAATCTGCTTCAAAAAGTTTTCTCTCT
LG2	ref-13769	85.903			CCTTGTAACAACGAACACACTGCCAAAGATTCT
LG2	ref-35815	86.061			TCAAGTGAGACGAGTCTGTTGCATAAATCTG
LG2	ref-68427	86.349			CCGGGGGGCCCCGACCCCCCTGCCCGCAACAG
LG2	ref-17326	86.656			TCACCCCAACGAAGAACTTGACGACCAGGTTGCACCTCCCAACCGACTTGCCCTCTATGGGGTCATGATAAGCAGATATTGCAGCAGCATAGACTTTGAGGGTGGAGGGAAGAGGCCTTCGCTCCAACCCATGCTACAGGAAGGTAAGCACAACACCGATCGAACACTTTTGGGGTCTTCCACTTCAGAGCATAAACTTGTCTCGTAGACGGTGCTCGTGCTGAAGTGATGTTGTTAAGTACCTCTTGGGGTAAGTCACCTAGAACCTCCGGGTCCCATCCAGGGGCCAGACATGGAGTTTCCAGAGGTCTGGGCACGGGTGTACAGGGTGCCCCACCTCTGAGAAAGCAGATCCTTCTCAGAGGAATTGGCCAAGTAGGGGCTGTGCTAGGAGCATCAGTTCTGGAACCAGGTCCGGTTGGGCC
LG2	ref-26253	86.761			CACTGTGTCCCGAGGGGGGTGCTATGGGAAA
LG2	ref-47747	86.851			GCCTGAACCTCGATAACACTGCCACGAGCTG
LG2	ref-52787	86.919			ACAAGGAGCACGAGGTTCGATGCATCCACTAC
LG2	ref-45600	86.943			GATTCTGTTAGCATTTAGCTAACAGAATAATAGCAACCTTACCTGTAGCAGCTAAAGTATTTTGTGAGTAAATTAATGTGGTAAATTTGTCTTGCTTACTGATAAAACACACTGAACGGTTGCTAACAGTTTCTTAAATGTTACATAGCCTACATTTACAATTTTATACAAAGCAACATGCAGTGCAATTCAGGATGTACATGATCTTTCTAGCACCTTGCTGTTCTTTTAAAGCTACATTTTGGGGTGATTACAATTTGAGCATGTATCTAAGAAATACAAAAGCAACATGAGCACATAAATACAATGCCATCATCTCTACTGCTGTACTACTGTTGGCCTTTGAGTTTGGTTTGGTGATGTAAAGGCC

LG2	ref-56250_7	87.034	AGATGT[G/T]TGACGATGAGGATGCGGATGGTGTC
LG2	ref-62177	87.2	GCTCTCATAGCGAGAGGAGTGCATGACTGAA
LG2	ref-36577	87.326	CTGCTCCGCGCGATGGACATGCACCATATAC
LG2	ref-15895	87.356	TTTAGTTTTTCCCCTCCGTTTGGCCTAAAATACTGTGTTTCGTTTTTCATCCAGTTTGAAATGTTGACTGCAAAGATTTCCGTTACAACGTTCTCTGTATTTAGGATTCTTTGTAGCCTTTATCCGTTGCCTACAATGTGCTGGATCCTTCACTGGAAACCAAAGTAACCTTACTCCTGCACAACCTTCGCTCTTTAAATTCTTGCACCCAGGAGCAATACAAGTCGACACTATTTTGACTAAAAGTTTGCTCAGGATTATTTCTACTAAAAGCAAGGCAGTATTGGACTCTGGGAGGACACTGGTGGGAGTGGCCTTGAACAGCAACATGCTTAGTGCATTATGAATGTTGATTTTTTTTCTTACCT
LG2	ref-34218	87.488	AGCTCACCTGCGAGCCCTATGCCTGCAGCCA
LG2	ref-8445_15	87.95	AAGTGAAGTTGAAGAGATTTACCTCGGCCATCCCACTCAGATGTGTCCTGAGTCCAGTTTTCTGGGCTGCACACAGACACACCAGCGACAGCAGGTTTCAGAGCGCTCTTCATCCTCATCCTCCTCAGAGAAAACAACATGATGTCATTGAGGACAGTGCAAAGCTGCAGCATTGAGCGCAG[G/T]GACTTCGTCTGACATTATTTATAAGAGTTCATGAATTTACAGCATATGCTTCACACATTTATGAACATTTCACTGCTGGAATGAGTCAAATAAAATCTGATGAAGGGCTTCATTGACCGTCTGGTAAACAGATTGTTGACGGACACACTGTGAGAGCATGCAGGGTAAATACCGAGCAGATGCAGA
LG2	ref-16317	88.121	TGGGTCAAGACGAATCGATTGCATCCCTATG
LG2	ref-18487	88.309	ATATGTGTACCGAGTTTCATGCTGATACATG
LG2	ref-7925	88.694	GTGCATCCAACGATAGCCGTGCTGATGTCTG
LG2	ref-53445	89.036	ACAAAAGACACGATACTGATGCACAATGAAT
LG2	ref-19121_1	89.098	[A/G]CTTCCTCGTCGATGGTAGTGCCCGCACTCAG
LG2	ref-58582	89.562	CCCCCTTCAGCGATGTCTTTGCAAGCTGCCT
LG2	ref-7014	89.574	TTCGGAGATGCGAGCTCCATGCCATCAACGG
LG2	ref-25723	89.75	CGAACATTCGCGAGTGTATTGCTAGTGGCCT
LG2	ref-348	89.965	ATATTTTGATTTATAGATTGAATCTATGATAAAACAGCATAAAATTAATCTTTAATAAAATAAATACATAATGTCCGAATACCTGTGGTGGTTGTTTTACAAGTTCACACTTACAATCGAATAGAGTAAAAAATATAATAAGCGTATTTGGTGTGAAAAATTAGCCCAATTTAGCTCATGCAGAAAACTCGAGGTAACACAGGTGAGTTGGCTCTCTCCAGCTGATTAGATAGACCGTTTGAACGCGTTCTTCCCAAACTTTGTTTATAAAACATCATTTGTTGCTTGAATTCTGCATTCTCTTGAGATGCAGACATGTAAGAGGCTGACAATTAGCTGAAAATTTAATTAGTGACATTTAGCCTACA
LG2	ref-24103	90.285	GTTTCAAGATCGATGCATATGCATGAGCTCT
LG2	ref-31481	90.455	TGACGTGTTACGACTATATTGCAAGTAGCGT
LG2	ref-26845	90.564	GACTGGTATCCGATATCTGTGCTTACATTAC
LG2	ref-6526_15	91.327	CCACATTATCAACAACTCAGACAATAAAAACTGTAAAGAATTTTTTGTGTTGTTGATCTCAAATGACCCGTTTTAAGGGCCTGCGCTGTAGCCCAAGACAGCCCTCCCAATTCCAATTCAATAGAAGAAGACACTAGTGATGGTAGAAAATAAAGCGTTTTGAAATGTAAAGCCAAGGCAT[C/T]TCGATCGCTCCTTGCTGGCTGCATTATAGGTCATAAACCCGCCCTCTCCATGTAGGCTGGTAATTGAATGGGATGCAAGCCAAACAAAGTAATTTCAACAAAGTAATTTCTTTCTACAGTCTATGATACACCTTTATAAAACCACGGATCCTTAAAAAGTCAAAGTATTAAATTAGATTTTTAAAA
LG2	ref-6526_29	91.327	CAGCAAGGAGCGATCGAAATGCCTTGGC[A/T]TTA
LG2	ref-55831	91.736	ACATTTGCAGCGATTAATGTGCCAGGTTATT
LG2	ref-32178	92.206	AACCCAGTTCCGACAACAATGCATTGGCTCC
LG2	ref-7791	92.419	CTCTGACCGGCTGGGCCGCGTCTTTCTTGGCACATAAACAGCTTGGAGCTGAGAGATGTCAACCTGGCCCTACTATACTTTCTCCCTTTCTCACCACGTCATCATCAGGACGGACAAGATGGCAGTGGTGTCTCACATAAATCGCCAAGGGGGCTCACGGTCACGCACCCTAGACAGGCATGCGCATCGTCTCCTCTTTAGGCTCAGGACAGGCTCCTTCCCTGAGAGCGCTTACGTTCCCGGGACCTTGAACCTCGCAGCAGATTTTCTGTTGAGGCAAAAGCTCAGATCGGGGAATGGATGCAAAACCCTCAGAAAGTAGCCCGGATTTGGGAAGTGGTCAGCAGAGCAGAAGTGGACCTC
LG2	ref-70648	92.855	ACAGTCAAAACGAACTTTTGCCACACCTGC

LG2	ref-13906	93.353			CATGCATATTCGAGCTGAATGCACTGCTAAC
LG2	ref-12268	93.769			TGTGAATTAACGAGCCTGTTGCGGTGAGTTT
LG2	ref-14709_5	94.261			GATA[C/T]GGAATCGATATTGATGCCGGTGAAATT
LG2	ref-14709_17	94.297			GATACGGAATCGATAT[C/T]GATGCCGGTGAAATT
LG2	ref-7760	94.605			GCAATTATCGGTAAATATTGACGCATGAATCAAAACATTAATTGAAATATATCGGAATAAGATCTTTTGAAATGTATATATAATACATATTGTGTATAAGAAATATCTTGC GATTTTCTGCTAAAGTTGGGAATCTTTAGCACTTTTCACAGATAGAGAATGGGAAACGATTGAGAGCTATTTCTATATCTATTTCCCTATTCCCTATTCACTATATATGTGCCA TTCACCATGTAGAATCTAGTAAACGTGTGAGCAAATGACAGAGCTATAACAACCCAGCCACGACACATAATTGCGAATAACATGCCTTACCTTAACACAGGCCTGGGGTC AGCTTCCTTTGCTGTTGGAGTTAACATGTACTAAACATGAGTGGAATTTGCACCGCAGCGCCCCAACCTTGATGCTCATCACAAGAATAGCATGTA
LG2	ref-10502	94.656			GTAAAGTTCTCGACTGCGTTGCCGAAGAGGC
LG2	ref-57455	94.954			GGGTGGTGGCCGATGGAAATGCTGTCACTGA
LG2	ref-35107	95.169			AGTTGGCTAACGATGCTTTTGCGAAACATTC
LG2	ref-55175	95.783	Chr3	6675028	AGTTGAAGCCCTTCAGGGTATTTTTCACAACACCCTGAATATAATCAGATGAAAAGTTGTTTCATAATCATGGACACATAAAATGTTTCAGTGTTTGTGTTGGTCTTCTTAAA CTCCTCCATCTTTTCCCTAAATAGTTCCAGTTCTCTCGGATAAATAGCTTGGAATGAAAACCTGCATCGCCAGTTCCTTCAGTCTCTTCACAGGATTGACTCTTATGCAGT TGACAATCATGACTTGTGGATATTTTGAAAAATGTTTTCCTTCAAACATTCCTCCCAATTTGATGTTGGAGTGTTAGTACTTTGCGAATGCCTTGAAGTCATCGATCAT GAGCAAAACGGGAAGTCGTGTTGGTTGCTCTTTTGCTCATATGTTAGTAGCTGCACAACCTGTTGGCTACAGTAGAATAATCATCTGTTGTG
LG2	ref-12302	96.285			CTCATATGATCGAACATGCTGCATGACGAAC
LG2	ref-12520_1	96.934			[C/G]TAGTATTGCCGATACCGATGCCTATACATTT
LG2	ref-12587	97.488	Chr3	10544331	GCTAATACAAAACCTGCCTGCTGCGGGAACAAGGGAGCGACCCACACCAACCACCTGAATACTAATATCCTCCGCCATGCCGCCCGTAACGCAATGCATGCATGAGTCGG ACGCCTGCCTCTTTTAAATTTCTAAGAAGGCCATATTCGTGTAGTTGCTTGAGCTATCAAAGACCTGCCTGCAATGGCTTCACTCGCTCGCTCTTCTGTGATGAGTCTGTCTTT TCTCTAGAAACAAGACATGAGATTCCAGCGAGCAGAGGTGTGACGTGTCTCCAGTTTGACGCTGATCTGTAACCTGACGGACAGGTCAGGTAGTTTTGGAGTCTACCAGCAA TTACCGCCTGTCCAGGTGAGCTGAAGTGCTGTGG
LG2	ref-16109	97.811			TTTTGAGCATCAAAGGCATTTGCAGCAGCAATTTTGGGAATCATAGACAGCAACAGCATTTTGTGCACATCATAGGCATTTGTAGCAGCGTTTTTGGGCACCATGGGCAT TTGCAGCAGCATTTTGGGCATCATAGGCATTCGCAGCAGCATTTTCGGGCATCATAGGCATATGTAGCAGCATTTTGGGCATCATAGGCATTTGCAGCAGCAATTTGGG GCATCATAGTCAGCAGCAGCATTTTGTAGCATCATAGGCATTTGCAGCAGCATTTTGGGCATCATAGGAGTTGCAGCAACATTTTGTAGCGTTATAGGCGTTTGCAG CAGCTTTTGTGCGATCATAGGAGTTTGAGCA
LG2	ref-55678_10	98.367			AGTTTCTTTTTGTCCCAATAGAAATTAACCTTAATTTGTAAACATGAGTACACTGGAAACAGTTGTTAGTGCACAATGATGTTCTCCAGTGAATCTCGATCAGAGTTCA GCGTTCAGATCCGGGAAGTGAGTGAGAGAGCAACTCACCAGAAAAAAAACCTTCATGAATAATGCA[A/C]CATGTCGCTCGGTGTAATGCTACTTTATAATAAACCGTG ATATCTGTATATGCGGCTTCCAGGAATATGACAGCGAGAGGGCTGAGGGTAATTATTTTACCCCGGCTCAGACTGCTTGCACTGCACAAATCCTCTAAGCGCCGCGTTACA GAACGACGTACAACAACAAATCCAAATGCAGCTTCTCTG
LG2	ref-56713	98.679			TTATTTGTTGTTTTTATTATTATTATGATTAATTATTATTATTATTATTTTAAATGTTTTTTTTTACTTTAATTTAGTAATTTTTTAAATTTTTTAAATTTTTTAAAT TAGTCTCATCTTTTTCATCAACGATATTTTCATGTTGATATAGGCACATTTATCATTTAATGGCATTGGTGTCATCTTGTATCGTCTCGTCTTAGTCATGGGAAAAAAGGT AGCTGACAAACATTTCTTTTCATTAACGAAATTAACACTCACATGCGATCAACCAATAGCAAACCAATCATCCAATCAATTCTGATGGACAAAGTCAAGCCCCGCCCT ACATTTGTTCTTTATTTTCAGAAGCCATTT
LG2	ref-34482	98.991			GGTGAAGAATCGACCCGCTTGCTGAAAGAGA
LG2	ref-21564	99.334			GTGTTAAATGCGAAAGCAATGCAAACAAAAC
LG3	ref-62608	0			AAACTTAATGCGATGCACTTGCCCTCAGATGC
LG3	ref-12002_15	1.451			ATGTTCTGCACTGCAGTATAGACAGATGGCTTTGGGCTTGGTAGGTACTTTGGGGTATACTGCCTTGGGTTGGTTAGTGGTTCTATGATCTGTCTTTGTTCCATGCCATGCA GTATGGTGGTTGTTTGCTTTGTCCCCAAATTGCTGCCCTTTGATCTTGCTTTGTGGCTCTTGCTCTGTCAGTTGGGTCGAATTGGGTCAGTTGGGTCGAA[A/G]GGCTTGCA GGCATTGGTGTATGACATAACTGACTCTGCATGTGCCAACACCAGTCTGTGAGCGTTAAGGACCTTCACATGCTTAAGAAGGATGGAGTACTTATAATGCTCTGGTAATTG GGGGTGAGCAGGTTATCCAGAGCAATCCTAAGTTCCACATACTGGGCTCTGTCTCTTTAATGAAATCTGGGAAGGTGGGACCTTCTACTCTTGGA

LG3	ref-28172	1.591			GAGATGAACTCGAAATGCATGCTTTAGTCTC
LG3	ref-13312	1.733			GTCATAGACTGATTCAAAAATTATAATGTACTATACTACAATATAACATAACTTATTTAACAAGCATTTAAAAAGTCCAAAATTCAGTGGTAAATGTTTTTTTTTTTTTT TTTTTTTGAAAAGTGATATGTACAGATTGATGAGAATAAACGTATTAAATGTACCTTGTCCCTGTAGCAGATGGATCGCCTCGTTTTCCAGCCTCACCTTTATCTCCACTT CACACACTCGAGCGAACTTCAGCAGCCGCTGATGGTCAAAGCTCTTTGAAATGCCAAGATGATGACAGTCTCTGTGAAATAAACTCAATGATGATTGAAGTACAATGATT CAGATTTAAAGAATTATAATTTCTTTGAACTA
LG3	ref-63062	2.512	Chr1	40738028	CTGGGTGTTTCTTCATGGGAACATCAAACCCAACCTGGTCATTCCATTGAATATCACTATAGAGGAGCTGGTTATTTGCATCCATTGTATAATAGACTTAATTATTACCAGC TATCCCCTGTGACAGGTGACCATTGCTTGGTCTCTGCTGGACTGTCAGACCTCTTCTCCAGATCTGCATGTGCATTGACCATTACCTGGCAGTGATTCATCCAGTAGCATT CCTGAGATATAAGGGCATCCAGTACAGGATTGCATTGGCAGCAGCAGCTTGGCTAATTGCAGTGGGAGACAGCGTGAGGCTCATTTTCATCAGACTAGAATATTTCCAGA TCATGTATTCTTCTGTTTTTTTACATTGCAGT
LG3	ref-40868	2.584			TTTCATTGCGATGCCTTTGCTGACCTCTG
LG3	ref-32121_3	4.316			GGATCACGTAC[A/T]AACATAACGATCTTATTGCTGTGTCCGTTAACCCATAGGCTAATTTCCCACTTTTGGACGCACAGCTGATGTTTGCACGCGCAGTAAATCACTTCCG CGAGAGGATAACAGATCTACACGCGAAACGGGAGCCCGCGAGCTCATTTTAAACCCGCGCTGCATGACATCTCCTCTGCGCGCGAATCAAGCCGTGTGCTCGGACACGA CTCGCAGCACGCGCTCATCATT
LG3	ref-15588	4.844			AGAGTTTGAGGAAGACATAACATTTCTGGGGGGGAAATAAAACATCCTCAGATACACCACCAACACCAAGAATAGTGCATGTGAGGCAAATTGCAGAAGCATGAAAAAA GTTATGTAATACTGTAAGTGATTAGTGGAGGAGTTTGTGTTGGTTAAAAATTTATGTCAAAAATCCTGCAAGCACAAATGCGGTCTAATCCAGGTTTAATCAATGGGTGGT GCAAAATGGAATGTCTAGATTTTCAGTAAAGGCAGGTTTAAAAATTTAAAGCATTTGACCCACTATTTATTTGCTTGGAGCTATAAATGTCTGGAGAGGAAACGGATTTGT GCCATTATAACACTGTTGCTGTCTGCCAAGCAAACCTG
LG3	ref-26631_9	4.958			AAGTCTTAAATTCAGTTTTATCAAATTTATGGTCATAAAAAATATCTTAAATATTTTAAATGGTATAAGAAAAGTCTTAATTATAATTTCAAGAGGACTTAAATTTGGCAACG GAACAACAGAAATCGTGATTATGGCATATGTGATTTTAAACTTTAAAAGGCTATGATTTAATCACACATGAGCGCTGCATGTTCCAAAGTAAAAA[C/T]ACGACACAGTT GCTTGATCTCACGGTTTCTGCACATGATGTGAATCTCCATTCCACCACATCCCAAAGTGCTCAGTTGGATTGAGATCTGGTGACTCTGTAGGCCATTTGAGTATGAACTC ATTGTCATATTCAAGAAACCAGTTTGAGATGATTTGAGCTTTGTGTTATGGCGTGTTATCTGCTGAAAGTAGTCATCAGAAGTTCAGGACATAAAGGGAT
LG3	ref-5993_17	5.173			TCGCGATATGCATATCACAATGGCATGCAATATCTGAATGATTTTAATAGACTACTTCAAAAACATGCAAAAAGTCAAAGTTTTAGGTGACGCATATTGCAGAGAATAGAC TGACCACGCGACTGTTACTTACGTGATGTTAAAAAGAGTTAAGCTCAATAAGTTGTGGAACAAATCCTTGCGGTCTCGCGCTGTCTGCCACACACACCGAAGCG[A/G]A TGCACATGCTTTCTGACAGCGTGTGATCCCTTCAGTTCTCTTTGCACTCGAACGGTCAAATACACACACATGTCAAATGCCTGTATTGACGAGCATTATGTAAACACAG TTGGTTATGTCTTAAGTGAACGTTTTTCAGTTGGGAAAAAAAATTAGATGTGTGTCAATAGGGCTGCATTTACACTGCAAGTCTTAATGCACAGATCCGATC
LG3	ref-38179	5.797			GAACCACCTCCGAAAGGGCTGCAGAATGACT
LG3	ref-8640	6.03			GTCACCCTCGTTATGACTAAAGACGGAACGGAAGATCAGTAATCATCTGATACACCTTCCACATGGAGATGACGGCCACATGTTCTACAACAACACAGAACAAAGTGGTC TCTTACAGCCAAACACCGCTGAAAACCTCAGTAGTACCAGGAAACACAGTTCTGGTTACTCATCACCCACCAATAGATCCAACGAGTTCCCATCTCAAGAACCATACTTGTG CAACAGTAACAACAGTAAGCACAGAAGGTCAGACAGTCTGTACAACCAGGAGGCGTTACAAAAGGAATGCAACGTAGGAGACAAAGTTTGCACCACAGCTCAACGCA GCTATGTCAAACTACCTCTCACTTTCTGCCAAAGAACTTCTGCCTCACTGGACTGACTCCCATCAGATTATGGACAATCCCTCATCCCAAGTCCAAGATG
LG3	ref-40859	6.516			ACGAGTTGAGCGATTAAGGTGCTAGTCATGA
LG3	ref-42960_28	6.724			AAATTCTGTCATAATTTACTAAACACAGAAGACTTTTGATAATATTTCGGAAGCATTCGTCAAGCAAGGACGTCGGAGCTTCTGTTTAGCACATACAGTACATAGAGTGCAT AAAAATATGGTAAATAAAACATGCATGCTTGATGTGCAAGAAGCAATGAGGATTTTCTCATGTGTCAAGCAAGGACGTCGGAGCT[A/G]CTGTTTACCATATTTGATGTGCT CTATGTATATCCATTAATCAGCGTTTATTTGTGAATAAAAGTCTAAATTAATCTGTTTCATCAAAGCTTGGATTAAAACTCTTGATTCATATGGATTACGCTTAGAGTGTCTT TATGTGTCTTGAAGCTTGAAAATATTGATTGTGTATA
LG3	ref-42960_29	6.768			ACAGAAGCTCCGACGTCCTTGCTTGACA[A/C]ATG
LG3	ref-18462_23	6.848	Chr1	24192481	CCACAACACACAGGGCTTTCAAGCGTTTTAACGTGCCCTTGCTTTGTTCTATCGCCATGTGTGGCAATTGATGGAACAAAAGAGCAACTACTGAGGAAATCAAGCCAATTAA CAATCGTTTCAACCATTACTGTACCTGCAAAAATGACAAATGGGACGATAAAACGAAGGGGTTAAAAGCAGAACGGCTCTTCATAGGGAACTGGAGGAACGACAGGGAT GC[A/C]GTCTCTGAACAATCCCGTATTAAAACGTGCCAAAGCCAATTTCTATCTTGTGATCAAAAAGCTACTCCACTCAAATTTGTAGTGTCCATAACACGCCAGAGAGAA AAAGGAGGGAGGTTATATCATGAATATTAATGTACTTCTTACTGCATTATGCATGAGGAGTTGTGTCCATAATGAGTATGTGTTACTAAGGCGATAGATCTT

LG3	ref-27025_19	7.484			AATCCCATAATGCACCTCAATCAGGGGTGTCCAATCCTGCTCCTCGTGGACAGCCAATGCCAACCCCTAATTAAGAACACCTGAAACAGCTAATTAAGTTCCTCAGAACCTC GGCTGCATCGGAAATCTTGAGTAGATTAAAGCAATAAGCCCCAAGAAGCCGTGGTTTACAGTAAATTTATAACAGCAAGGGGCGTTGTTAGGCACGACACGAGCGGA[A/G] JTGCCATAAAACCCCTTTAGCTGTTATAAAATTCACGTGTAACCACGGCTTCTTGGGGCTTATTGCATTTTAAAAATTTGAATAACTAATTACTTCACAGCAGCTAAATAAGTCAG TTCTATGTAGTATCAATGTGTGTAGTATGAATGTCATCTGGACGGACTACATTGCCCATGTTGTCATTACCATGTGACCTACCAGCGTCAGTTACGTCGCT
LG3	ref-27025_24	7.486			AGGCACGACACGAGCGGAGTGCC[A/T]AAAACCCC
LG3	ref-70847	7.897	Chr1	22254137	CGGATCGTGGAGAGCGTGTAAACAGACTGTGGAAAACCTAGCTGCCATTTTAGATGACCGTGTATGATAATGAGACCACCGACCCAGACTCTGAACTCTTCTGTCGTACTGA AATGCATTACACCCACAAGTCTCTAGACTTCTCTATGATTCTCTGCTGCACACATTCCTTCTCGTTTAGCACCAGATCTTGTTTCTTGAGCGTGAAATCACAAAAGGCGCATCT AATCTTAAAGACTGAGGACGCATCTTGTTTCTTATGTTTATTTTCAGTAATAATCTCAGTTATGGGAAAGGTAATCTTCACTAATTACAAAGAAATGGAACAGTTTTC TGAAAAATGTACAGATTCCCAATATTGCATATG
LG3	ref-8886	8.181			CCTGCACCAGCGAACAATATGCTAGGATGAA
LG3	ref-62863_31	8.81			AGTTTGTGTTTCATGGTTTGTTCATGTCTTGGAATTTGTTTCATACTTTATGTTTCATGTGTTTGGATTTTTGGACACTGTAAATAAACTGCACTTGGGTCTCTCCCCATCAT CTTCATCTGCTTCCACGTCAGCACCATTAAAAATTGGATGAGGGATGCAGGATACATTGTTATACTAGTAGGTGGCAGCAAGATTATTAGGCTTGTTGCACTTCAGTGCTGCA CAGA[C/T]CGATTGGCGGCTGACTTGAAGCAGTGCATGCCAGTAAGAAATTTTGTCCGACTTGAGACAGCGCCAATGCCATGTGACTGTGACATATGGCTTCAAAGTACCG CAAGAGCAATTCGAGATCGGCCGCCTGAGTCAGCCAGTGCAGTTCTCAAGAGGAGTTGCACGAGCGCAGATGACGACACAGCTGTTCCATGATTGGCC
LG3	ref-13814	9.284			TTCTAATACCCGATGCTGTTGCACTCTATCT
LG3	ref-55080	9.354			GTCTTTTACCGAGTGCACCTGCTCGTTGGA
LG3	ref-58240_4	9.831	Chr1	16805450	AGCCCGGCTCGATCCAGCAGCGCTACGGTCAATGTAGACGTCTCAGACATAAACGATAACCCACCTCTCTTCTCTCAGGCCAACTACAGCATCATTATACAGGTCTGAGTC CTCAAAGGAGACAATACAGTGATTTTCATTTGTCAATAATTTCTTATCTTAAGGAAGTCCAGTTCCACTTGTTTAGAGTCATGGTTTGGGGTCA[A/G]TAGACACGAGTCAGAT GCATTTACATTTTCATATGCTTTATATTGACTTGTGTCTTAACACTGCAACACTCATGACATGAGACTCTAAAAAAAAAAAAATACAGTACAGTGTTATTGTGACGTAAAAATA GTTTTATTTAAGTTAAACTGAAATTAATTAATAAACTGACATAAAAAATAATAAAACTAAATAGAAATTTATAAAATGAATAAAAAAGATATTGAAATGAC
LG3	ref-72812	10.149			CCCTCTTGAGCGAGGCCAATGCAAAAGTCAGG
LG3	ref-72102_27	10.329			CCCTGTCTTCTCTATGTAGTTTGC GTTGAAGACACATTGCAGAGCTTCCATGTCTACATCAGAACGCCGACTCAGTATTGGCTGGCTCCTGCGTCAGCAACACACGCAT GCGTCGTGTGCTCATGTGAACAGCGTCGGCCAATAATGAGACGGTGTTCTAACGTAAAACCTGGAAGCATTCTTGTCGCTTCA[A/G]AACATTAACGTGAACCACTGTAG TCATGTTGCCTTTTTTAATGATGCCTTGAATGTGGTCATTTCGTTGGTTTCTATGAGAGATAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTTCTCATATTTTCATCAAAAAATATCTTAATT TGTGTTCCGAAGATGAAGGCTTACAGGTTTGAACG
LG3	ref-72102_7	10.52			TGTTAT[A/G]AAGCGACAAGAATGCTTCCAGGTTT
LG3	ref-67338_29	10.703	Chr1	18435130	ACTGAAACTGCCGACTGTTCTGGATTGGCCGTCTAGAAGAGAGGCACACCAATGAGAGACAGACAGCAGCAGTATTTTAAACCAGAGTTCTGTGTGGAGAAGTTATAT AAAACATGGAATCAAATTTTCATGACATTTTGGTCTGAAATTTGGAATCCCAATGCTAATCATTCATGCAGACCAATCGTTCTGA[C/G]TGAATCATTCAAAAAGAACTGA CTCAAAGAATCAGGCTGCACTAATGCAAGTTTCACACAAAAGCAATAAAAGCCAATTAACACTTTCCCGCCATTGACAAATTTTCTGGCAATCCGTGTTTCACTGTTAT ATGGTACAGCATCTCAGGATTCAAAAACAAGTGAAGAAC
LG3	ref-5423_31	10.712			CATATCGTCTATTGTGTCAGCCTGTGAGATCGCTCATACATGATATTATCACACAGGGGTGGGGGTTCAATAGTTTACTTATCTGATCATTACTTGATTATTTACTTATTTCTT TAATTATTTACTTTAATTATTTACCAGAAGTCGCGTAGGAATATTTACCCAAAAAGTCAAGCCTGTGGATCTCACATAGGCAGTTTGCAAATTTGCACGAGAGTTATGCTGG TGAAG[C/G]AGTATCAAACCACAATCAATTATCTACTAAAATGAAAGCAAAAACTGGCCGAGCTTTTGGTATCTGTCACTGCATTAAACGGCACATTAACCTCTCTCAGAGAC GACGAGAGCTGAATCTACCTTAATATATGCTGAAAACAGTAGGCTATATCAACTATCTAATTTATTAGCTCAATTTTCTCTGTAGCCCATACATTAA
LG3	ref-43719	10.828			TCTCACACCCCGACACACATGCTGGTAGTAA
LG3	ref-19558	11.016			TGTTGTGCCACGAATGTGGTGCATGCAGGCG
LG3	ref-11857	11.041			GCACACAAAACGAGGCGTTTGCACCTTGCAA
LG3	ref-69699	11.438			TTAAAAATGTAATGAAATGCAAAGAAATCAAAATTCATTTTTTAATAATAACAATTAACAAAAACAATCAAGACAAAGACTGAATGTTGGCTTGACAAAAGCCTAGTTTGAAA TTTCTCCAATTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCTTAGATAGGAAGAACGATAGAGCGACAGGGTAAAAAGAATAAAGCAACAAAAGCACAAAAGCGACGGCAAGT ATGCCTTCACACTAGAATTTGTGGTACATCAAATACAGGTACAGATCCATTGAGCTGAATTGAAATAGTACAGACCCTTGACGGACAGCGAAACTCTCAAGCGCTCAATC

			AGAGTGTTTCAGCGAGTGAAAAAATATCTAGTTGCATGAAAAAGTATGGGATCCACCTGCAGAATCTGTGAAAAATGTGAATAATTTTAACAAAATAAGAGAA
LG3	ref-67490_18	11.91	CAAAAACAATTTCTAAAGCTTGGGCTCCTAAACATTACATCGTTCACTAAAGCAGTTATTGAAAAATGAAATGATCGCAGATAATAGTTTAAATGTACTCTGCTTACTG AAACCTGGCTTAAACCAAATGATTATTTTCGGTCTTAATGAGTCTACTCCACCAGTCTACTGTTATAAGCACAAAG[C/T]CTCGTCTGAATGGTTGTGGCAATCTATAGAGATA TTCTTAATGTCACTCAGAAAAACAGGAAACAGGTTTAATTCAATACACTTTCAGATATAAGAAAAATCTCTTCCTCTGACTACCATGTATAGACCTCAATGGCATTTTCTAAA CAAAATTTGCAGATTTTCAGTCAGACCTACTTGTCAA
LG3	ref-67490_5	11.96	ACCA[A/T]TCAGACGAGGCTTGTGCTTATAACAGT
LG3	ref-57371	12.334	AAATATCTGACGATATCAATGCATGGGGGAG
LG3	ref-55539	12.906	ATTTATGTAGTATTATAGTAATTATAATTATAATCATTTACAGTGGTAACTGTAAACAGACTGCATGGTCACAATTATGAATATGGGACTATACTAATATAAAATTTATTG TATTTTATATGTACAATAAGCAGAATAATTGCAGCAGAAAAAATGAGATAAGATTACAAAGCATGGAGCTCGAGGTGCATAATGCCAGTCTGTCACTCAGTCAGAC ACAACCCATAGCAACATGTTATGGCAATGTACATACAGTCTGATGGCAGATAAAAAATAACAGTAAATAAATTACTTTTGAGTGATTAATTACAACGTGTCACATCAAATAT TATAACATGAGTCACTTTTCCACCATCGGGCCAAA
LG3	ref-60903_7	13.293	GGTACTCAACATGTTGACTCTGAGCCTAAATAGTTTCATGAACCAGGATGGACCAGATGGACCGGTGCTTGCCTTGTAATGTAATGATAAATGATGGCAAAGACCACGCT CTGTTTATCGTTTACCTTTAATGTTAAGCATTTTATGTACTGATTCCATTTATATTTAGTCTTTTTCTTCTAAAAATGTTTGTGTTGTAGCAGTAATG[A/G]AGCGACAAAGTTGC TGGCAGTGTGAATGCAGCTTTTAGAATGATTTTCATGTGAGACTGAAGACTGGAGTAATGGCTGTGAAAATTCAGCTTTGCCATCACAGGAATAGATTACATTTTAAATATA TTGAAATAGAAAAACAGTTATTTTAAATTCACAATATTGATGTTTTTTATACTTTAATTAAATAAATGCAGCCTTATAATAAACATAGACTTCTTCTTTC
LG3	ref-39937	13.992	CAGAAAAACCTGGAGAGAAAACTTATGATCAAATAGTAAGCACTCTTAAAGCGCATTTCTCCCCAAAGCCTTTAGTAATTCAGAGCGATTTCGGTTCCACAGACGAAATC AGCTAGAAGGGGAAACTGTGACAGTGTGTTGTGGCAGTGTAAAAAAATTAGCTGAACACTGCGAATTCGGTGATGTGCTTAACGATACGCTCCGGGACCGATTGGTATGC GGACTCCGCTGCGAGGGCATACAAAAAAGGCTGTTAACCAGAGCAACCTGACACTACAAAAAGCAATTGAGCTGAGTGTGTCTATGGAATTGGCTGCTAAGGAAGCCCA GCAATTGAGCTCAAACAGTAAAGTGTACAAGATGGAGACCGAAAAACAACTGAAAAATAAGGCCCATGTTGCCGTTGTGGTAAGACTGGACACTCACC
LG3	ref-23274_4	14.041	TGT[A/T]ACGAAGCGATGGGAATGCTTTTTGTACA
LG3	ref-73276	14.381	CATTCTGTTCGATGGAAATGCCATTTGTCTG
LG3	ref-40162	14.844	CCTAAATAAGCGAATCTCTTGCCGCAGATGG
LG3	ref-37260	15.023	ATGAAGTATACCTGCATGGATTACAGCGCCATGAAGTTTAATACTAAATATAAAAGCTAAATATAACTGTCAGAAATGACAGTTTTGTTCCTTAAATGAAATTCAGGAT TTCTATGCACAGATACACACCTACACAGGATCGTAGAAGCCACCAGGCAGTAAATCTATGCTTTCTGCATCTACATCGTGCTCTCAGGGTCTTGGCTGACATTAGAGCT GCGGCGTGAAGGTGTTTTGAGTTGTGTCTGTTTGTGGCAGATGCTAATGAGCTTTATAGAGGAGCTGTGACTGCAGGAGAGCTGTAGGATCAGATACAGCCAGAAGGCA GTGAACAAAACCAATAACGTACATCCTCGCTGTCTCA
LG3	ref-45089	15.38	TTTTGCTTTGCGACACAATTGCAGCATATAT
LG3	ref-28744	15.568	GTGTATGCAGCGACATGTATGCAAAAGTACG
LG3	ref-24093	15.886	GATGGAGTGTGATTGCACCAGAGATCCACTGTCCCCATCAGACAAGAGTCTTACTTACTTCAGACACCACCTATGAATGACTGGATCTTGATCTTCAGACACCTGATATTAT GCAAAACATTTTAATATCTTTGGAGTTCTAGATTAAACAAACACAGTTCACAAATACACAAGAGGTTGCACTTCATTTCGTATTAGTCTGATCTTGGATTAGCATACCAACA ACATATGAATGTTAAGGGGATAGTTCACCCCAAAAATAAAAAATTTTACATATTTTACTCACTCTCATGTAAACAAAAGATTTTTTCTTTAACCTTATGGAGCCATTATTT TTCATGCACACCAAAAATAAGATTATACGAAACAA
LG3	ref-59466	15.992	TTTTAGGCTCCGATCTGAGTGCTGAGATACT
LG3	ref-2486_32	16.265	ATTTTTTAGCAAGTACATAACCAGCCAGTGTTCAAACTATCTCCTTATCTTAGCTCGATTACAAATGGTAAGCTTGAATAATGTTTTATAATAAGAGCGACCTGGTGGAT TTCCACGGGAAATTTGAGCATGCAGCAGTTCGTCTCTGCGTCATTATGTCACGTCTGTAAACGGAAAGAAGGAGTCCAGGCTAGTTGACTTTATCATGCGAGGAGGATGCT GCTTGAT[C/T]JGGATCATTTATAGCCTGTTCTCACAGCAGCTGAAATAAATTAACGTATCATTTTGATGGTGGGTTGTAATCCAGAAAGGTTCAAAATGACAATCATCAGTG ACAACCTGGAGATCCTGTAGTCAAAAGCAAAAGGCTTTGGACTGTGGAGTGGCTACAGAAATGAAATCTACAGGTAATGATAATACACACTAAATACACA
LG3	ref-41754	16.459	AATTGCTAATGGTTGAAAAATCTGGAGTAGAGTGGACTGACTACAAAATGACTTGAAAAACCCCTCCAGACTGATGGGCAATCTTTTTGTAAGGGCCTCTAAGAGCCCTTT TAATCTCAGCATGATGTTCCACACTGAGACCAAATCAGACCGCTGATGTTCAAACATGGCAGTGTGAGCAAGTTACTCGCAAATTATGTTAGAATCCTTTTAATCCTTAAT AGATGAAACATCTGCAATGATTTTGTGGAGATATAAAAATTATGATAATACCACAGTTTTTTTTTTGGCCATCCAGTTTCATAAAGACCGTCATTAGTTTTCCAATCTTTATA

					TTGTATCTACACGAATGCAAAAATGCAACCATT
LG3	ref-36832	16.726			GTCACGATCACGATTCAGTTGCGGGCGCCAT
LG3	ref-34900_5	16.794	Chr11	30214956	CTTTCAGTACAATTTTTTCCAGCTGATAAAACAATAAAAAATAAAAGAATTGCAGAGTCCACAACACAACATAAAAGATAATGGCACTGAGAGATGATATCGCTGAAATCA CTTTCAGTACAATTTTTTCCAGCTGATAAAACAATAAAACGTTGAGAGCCAATCAGAATCCATCCTGCTTTAAAGAGCTCGAACATTTAAAGC[A/G]GCAGACGACAAAA CTGCAATGCAATTATAATAAACGGAATGTTATTGTCTGTTAATGTGGACGCTAATATAGTTATCGTAATAAATATCTAGTTATTTTCTTGGTGTAACGGGCTTTATAGA CAAAAAGAGAAGAGTGAAAGGTATGTGCATGTTTGTGTGAGTGTGCATCCTTTTGTGCATCAATATTTGCTTGCAGGGTGTTTTATGAATACCTCCTA
LG3	ref-40882_24	17.048	Chr1	12190672	TAATGTATTTACCAGCACTACACACGACACGCACACACCTTAAACAAGTGCAAGATGGCATATGGAGAGCTTGTATCATCAGGGAGCTGTAGTGAAGGCATGTTAAACTC ATGACTCCCATGCTGAACATGTTACAGACATCTACCGCCAGGGCTGCGTTTCCCAAAAGCACTGAGAGCAAGTTGATCGTG[C/T]AGAATGTTGCCACCAATGTTCTCTA TATGATCAACTTGGCTCACAATGCTTTTGGGAAACAGCCTAAAAACAGATACATTAGAGCCTCCTGCAACATGATTGAAGTTTAACTTCTCTTCAGGATGACATATTACCC ACGTCCAGCCAAGCAGAAAAAACTGTACCCAGGACGACA
LG3	ref-14167	17.39			TACAAGATGCCGATGCCGATGCCGCGGCCGC
LG3	ref-35419_2	17.567			AAAACATTAACCTCTCCATTGTTAACATACAGAGCTGTCTGAACCACTGCCAGAGGGAAATTAACCCCTTAAGTCCAATTTCCCCATCAGAGGTTTTTTTTTTTTTTTTT TTTTTGTGGTATGCTCTATTTTTCAGGTATAAAATGAACTGTGCATGAGCTGCAATGTGCACCAGACTTTATGCCGATAGTCAAACGC[A/G]TGGCTGTGCGAGACTAGTGC AGCTTTAAATTCTAAAGGCTATAAGCTTCTCAAGCATAAACAGGTAGGTTTGAATTGCATGATTTCCCATTTTCTTATCACACATTTGAAGGCATTACGCGTGCACACCC AGCTAGTCCCAGAGTCCCCGAAATTCTCAGACTCCTTATAGTCGCTCCAATTTACATGCATCCTCTGTTCCCAAGGCGTCTCCTCCTCGTCTGTACAA
LG3	ref-12743	17.735			GGAATGCCCCAGAGAGATATGCATTTTATTT
LG3	ref-51944	17.887	Chr1	5038313	ACAGATCTGCTCTTTCATGTAAGGAGACAGACGGGGAGAGGGGCTACAGACAGCCTCCAGAAGAGATTTCAGAAGTGGCTGCTGGAATGAACAAAGAATAAAAAATAAGG TTTTGTGTCATTTTAAACAGTTTGTTCATCCTAAAAATAAAATCCATAAACATGATCCAAATGATTGGGCAGCATCTTTTTTGTGAGGAACACACTGAAATTTAAGTCATTAA CAGTAAGCTGTGACTGGATTACTGGATTGAGTCTTTGTAAACATTTTCAGATCAGGTTTCTTTACTGATTCATTCAAAGATCTGACATCTGACTGAATGATCTGTCCATACT GAACAGTGCCACTTCTCTCACAACTTAAAGGGTTA
LG3	ref-457_1	17.964	Chr1	8764407	CGTCAGCAGAGAATCATAGTCACGATGATGGACAGGGCCAAAAATCAGACCTTGCTTCACATGTTGGGTACACAGTCGCCTGCGTTTCAGACAGACAGACTGCAAAGTGCTGG ACGAAAACCACAACATTCAATCGCACACAAAACAAAAATACCAAGAGAGAACTTCACTTGCTACTGACGTGAGTTGTGCACAAACAGAC[A/G]TCTTTAAAGCGATAATT ATGCCAGCGCCATGTTAGGCTTGGCAACCGGTCTTCTTCACCATGATTTTGAATTATCGCTTTGGAGAGTCTATATACGTGTGAGTGACAGTGAGACCAATGACAAATT GTTATGCTCTCTGACACTCGCGTCAATGGGGTGATTACAACTTTTAGATCGAAAAAGCAGAACCGCTTTGAATTACACAACAGAACACACACATCTAA
LG3	ref-30010	18.828			TCACTTATACCGATACCGATGCAACACCTCA
LG3	ref-61595_17	19.152			AATAAGTATGCGAACC[A/C]CTTGCAGAATCTGTG
LG3	ref-61385_3	19.721			TGTCTTTATAGTGCGTACAATCGCTGAGCTTAAGAAAGCATACAGAGCTGAATCAGTTATGTAATAGGTGTTTGTTCGACTTGCGCTGTAAGTGGTAGACCAGTCACAA CAGACTGGGCCGTCTGGCCAATCAGAGCAGAGCAGGCTCATGGAAGGAGGGATTAGAG[C/T]GACTGAAGCATCGGAGTCGTTTGAGAGTCATTGAAAAATTTGGTGC TGTGCAATGTATATTATGAGAAAATGAGAGTGTTTTTTGACCTTTGATGCATGTACACCTGTTGTAGGAGACTCCAAACTAAATTAAAGAACCTTTAAATAGCATAATAA GGGCACTTTAAGGAGTTGAGACCAAGTCTTAACACTCATGG
LG3	ref-61385_8	19.759			GACTCTC[A/C]AACGACTCCGATGCTTCAGTCTCT
LG3	ref-55934	20.083			AACAGGAGAAAAGAATGAAAGAAAATCTCAGTGCATCTCAATGAATTACCGCAGAGTACACAAAAGAAACATGTCTCTAATAGACCATCTTCTCTTTAAATTTAAAAACA TTTATTCTATCTAGCCAGGTTTCATATGTGAGTTTCTCATAGCATATGTAAGAGTCAGGAAGTAAACATGCACTTGCATCGCCGAAGCTCACAGGCACCATCTTGTGCACAT AGCACTGATTTATTTAAATATGTCATTATAGATCGGTGGCACCTAGCCAATATAGAGCTGTTTATTCAAGATGCCATCAAAGGAGTACCCAAAGATTAACATAACCGAT GTCATTTGCATATGCAGATTGATATCTAAAGTAGTG
LG3	ref-53893	20.177			ATTTGGGGAACGAAATACCTGCCATGCTGAG
LG3	ref-16986	20.28			AATGTAACATAAAATGTATGCCTTTATTTAATCAATTAATAATGTTTATTTTTGTACCTTCACAGTCATCTCAGCCACAAAGATCACAGTGAAGATGTAGTTGGATACTTTAA GAAAAATCCGCTCCTGTCAAACAATGATAAATGAATAACGAAAATGTCATTTATAAAGGCAACAAATGCACCATATTCGTTACAGAACAACACAAAACAGCTTTGAGAT GTTGCTGATGAGAAGTACCCAGTGACTTTTTAAAGCATTTATTGTGCAGCATATTTTCATTACGGAGTTATAATGGATATTGTAATTCGAAGTTGTACAGTATGTGGGGT AATCTTTTTTTGATTATGATAATGGGTTTATAAGT

LG3	ref-65222_27	20.763			TTATTGCAGTGATTATTATGTTTCTATCATGTTTGGCAACAGTTCCTTACCCTAATTGATGGAGTGTGAAGCTTTTCATTTCTTAAATGACATGTAGGAAGACACATCATG GCCATATTCAGGATGACAAAGCTAAGATTCATCAGGCTAGATTGGAGATTTTTTTCAGGGAGGCAATTATTAATATTATTATTGATTTACTGAGACGAACCATGTGCATT T[C/T]TGCTTTGACAACAATTTAATTAATAATTACAACACTAAATGATGCATCATGAAATTTGATGCAATCTGATTTCACTTATCACGTGACAAGAGTAAGGCGAGATGACTG ACAAGACAATGTCGGAGGATATGGTGCACAACAGATCCTGAGTGTCAATTGATGTATATCTTGTATTATTATTTTTTTTCTCTCATCTCATTTTTTTC
LG3	ref-14922	20.843			GACCGTTATTCGAGTGTCTTGCTGATATACA
LG3	ref-57766	21.273			TAATGATGACAACGCACACATTGCGAACTGCATGCTTTCAATCACAATTCGTTATCGATTAGTGAAGGCGGGATCGGCGGAATCGCGCTGAATGGCACAGACCGTATTTAT TTATTAATTTCTTTCTTTATTTTTTCTGCTATATTGTACCACCATAAACAGCTGCCATCTTTCAAAATACAGTGGCCTCGAAAAGTATTTTAACACTTAAAATATATCATTAT ATTTTGGAGAGTGACTTAAGTCTCCAAATTAATTTAGGGGCCACTGTACATTTTAATGATAGTCAGAATAGTCAGATACATTTTTGCAAATAGTTCCTTCAACTTAGGCTAT TATATATTCACATTTACTTCAACAGCTTTTTAT
LG3	ref-64989	21.45			AGAACCAGTTCGATATCAGTGCAGTAAACCA
LG3	ref-13830_23	22.557			GACGTCTGCGCGAACGGGGTGC[A/G]CGAGGGTAT
LG3	ref-13830_16	23.072	Chr1	55427561	ATTTCGAGTCACAACTGCTCCGAGTATTACGTCATGGGGTTTCTTCTCTTCCAAATTACGTAAATTATGGTGTGAACGTAGCATAAGCTCATTGTTTGGTTCAGAAGGAA CTGTAAAACATGGTTGCTGTTTTGGATGCAATGCTTGTGACTGCTGTTGTCTTAACTCTGCTTAGCATGAAACGCAGTATGACGCATGACGTCTGTGCGAACG[A/G]GGTG CACGAGGGTATGTAAAACCTCAGACCGAGGGATATGATTGGACAGGGCTACAGGGCTGTTGAATGCTTAATTCTAACTGTTTGTAGGACATTCTTAGGTGTGCAATTATTT TTCAGGAATTAATTATTACAGTTTTACAGTTCCATCTCACTTCACCAAATTATTTTCAGCTATTTCAAAAAGAGTTGTTGCCTGGTACAGCAAACAAACCA
LG3	ref-3044_3	23.162	Chr1	2692214	GCTCTCTATTTTCAGTAATCATTGTTGTTTATTTTCAAAAAGATCGAATACAAGTACAGAAATCTGCAGGCGATGACACAAATCAGATTTGTGCATTGCCTACTAATCCAAA TGAAGCTCAATCTCTCTAAAAATCTACATTAGCACTCACACCAGCATCACACGCCCTTTTCTTCGGACATCAGGCATGTTTCGGCCAGCATC[A/G]TTAACCTCGATGGCACTG CCAGTGAACCTAACACGGCAAAAGTCAACACGCCATCTGTCTATCTAGAAAGGCACCTAAAAAGTGGGTAAAGAGGAAATGTGAACCCAGTAGTGGACTGCATCCTCTGA ACTTTGCACAGTACTACAATACTAACAAATTTTACAATACTAATACTTTTATACACACATTGGAAAGCTAATGTGATATAGATAAACTTGATTAATCATAAT
LG3	ref-7317	23.533			ATTAAGCGGTCGACATTACTGCACACCATGA
LG3	ref-68220_31	24.782			AGGTTGTGCTGCTGCTAGCTTCGGAGACTAGTAAGTTTTTGTTTTTTTGTTTTTTCTCCTTAATTCCTTGTGGAAAGTCATTACTGCATACATTTAAAAACGAGCATTTTTT TATACAGTTATCCCCCTTCAGAAATTGACACTCATGAGTGAATGACTGATGCTCATCATGAACCTCTTCAAAAGCAAAGCCACACGTGGATCTTCTCGACACATTTGCCTGG CCAT[C/G]TGCTCTAAGTCCCAGCTTTACTAAAAACCTGCTCTTAACCGTCTGTGCCTTCAGAACTTTGACTGTTGTTTTCTGACCTGTCTGCTGAGCCGAGAAGATGTAAA AATGAAACTTTCTCTCTGAATTTGAATCTTTAAATCTTCTCTAACATATGCAAATACTTTTACAATCAGGGACAAGATGAGAATATATTACAGGC
LG3	ref-60844	24.787			GATCACGGTTCGAGAGTGATGCATATTAATG
LG3	ref-22970	25.936			GTTGCCTACACGATGCTGATGCTAGATGTGT
LG3	ref-56439	26.591			AAAAGAAATAGAAAATTCATTTTACTTCTACTGTGCTTTTTGTCTTTTTTAAGCTTGGCAGTGTGAATCTTATTGAAAATCTGATGATTTTAGGGTGTAAATTTTTCTACCTC TTAGTGCTCTTAGTGTAATAACTTGGGGCACATTGAAGAAGTGAATGCAAGTGCCTCAGACATGTGGGAAGAAAATCCATATTGAGCATTTCAGAACGAGCCACGTGCT GTGCAAAGCCTGGTCTTCGTTTTAGTTGTAATTGGCCTATTCTTTATGGGAACAGTTTTAGGCTATTAATAACCATAGCAGGGACTGGATATGCTGTGTGCCATGTGGT TTGTGTCTGATGTTAAGATGGAATTTACAGGCTTATTATAAAGTATAAATATTTTATAAGAATAATGCACATAATTTCAAGTATGCACTCAATTATT
LG3	ref-54571_25	26.888			TTAGCTTGCTGCTTAGTGTTGTTAGGGTGTCTGCGTTGTTGTTGAATGGTTACTAAGGAGTTCTGAGTTTATTTATCCTGTTGCTTAGTGGTTATGAAGTTGCTAAGGAGT TGTTGCTTAGCGGTTGCTAGGTGTTACTAAGGAGTTCAGTGTATGTATCTTGTTTCTTAGTGGTTGCTAGGTGTCTAGCACAACCGTGCATTACGACGCACATGCTC[A /G]AGGTTAACACTTCGAATACAAGTATCCATTAGCAATCTGCTCAGTTAGTTCTTGATATTTCTGTTTCTCTGCCAGATTTAGTGTGATCACAGCTGATGCAACTGTGCAT TAACACCCCTCTGAGTGTCTCTCTGCTCTTCTTCACAGCTGAACAGAGATTTACCAGCGCTATTATCTGTTTACTAACAGGACGGCTGCGCTGAA
LG3	ref-12242	27.473			AACAACCAGCCGAAAGTCTTGCTCTCTGATA
LG3	ref-45256	27.849			GTACAAACCTGCAACATGAAGACCTGAGGCATTTGCAGGCAAGTCTCTTCAACCTAGTAACCAATACTGTAAAAAAGCAATTTATTTTGAAATTACACACCTAAATTA AAACAAAGATAACCAAACTTATGTTATTTAAAAGATTCTAGCAAACGTTCAATCACAACCTGTATAGACTCATAATTTCACTGATTATCGTCTGTCTGTTGTCTGATAATGA TCTCACTCATATCACAAACACAAA
LG3	ref-18287	28.056			GATGCTTTTTGTTTCAAAAACACATGGCATTATTTACTTCTATATATTGTATGTAACATTTTGGTTGCTAAAATTATTATTCATATGTAACAATTAAGGCTTTGTACTTCC AATATCCACGTAAAACAGCATCCTTCACATGCGCAAAAATGTTAGTTTGATGATGAATGGCTGAAAATGCTAGAACTAATGCTGTGTGTGTGTGCGCGAGACGCCTGCGTG

					ATCACTTGGATTTAATAAAATAAAGATATAAAGAAAACAATCCGTTAGAGTGTACAAAAACGAGCATCACAGTTTTTTTTTTTTTTGTTAATCTGTTAATTATTTAATTTAATTATTAATATGTCGTGTAGTTATTCCTTTTATATTTATTCAGTTTTTCTCGGTTACAGAAGCGCTGAAGATGATGTGACGATGTGTGAGTCC
LG3	ref-44660_32	28.842			GCACGAGATCCGATTTTTTTCATCCGATCT[G/T]
LG3	ref-68258_19	29.532			GTATAAAATCAATATCACGTTTTTAATCGTGCTCATATTCGTGAAAACAGCTCTCTTGCTCTTGATATTGTTTAATTCTATCCTACGTTATAATATAAAAAACAAGATCTCATAGAAGTACTTTTTGTAATCTTATCTTAAATTTGTGGGCATTGACTTTTATTGAGACAATCCTGCACTGATT[A/G]CGATCCCGACACAACAGTAACAAACGAAATCACATTTGAAATAAGTTATTGATTGCATTTAATCAGTAAGTTTACATCAAATCACATTAGTGATTTCTCGAGGTTGTGGTCTTGCCGGTCTTAAGATAAAATCCTGAGTCTCTTATTCTGAGACCGAGACAAGACCAAGACTTTCT
LG3	ref-44660_2	30.771			G[C/T]ACGAGATCCGATTTTTTTCATCCGATCTG
LG3	ref-29274	31.79			CTGTCATGTCCGAAGAGGTTGCCCTTTCTCT
LG3	ref-20652	36.29	Chr5	18135213	TGCGCAATTCACCTTTACATGGTGTGTGAACACTGATGTGTGTCCACAGTGTGGGTCAACAACCAGCCTATAATGGTAAAAACCCACGCACTCCTTTTTTTTATAATCTCCATAAAATCATAAGCAGTGTCTGAAAAACACTGTTCCAGATTTCCACAAGGCTTACCATGACTGGTGACAATCTGCTCTATCATCATAGATCCCATCCTGAGTGAGCTGCACACAGTCCGCCATGTTTATATCCTCGCTATAGCACCTATTTATATAATATCTGCGCCAGATAAACATTACAATTTTCTGTTTTTGGATGTACCAATGAACATAAGAGTCTCCATAGACTCCCTGAGCCACTGAGAGGACACAGTGGATGAATTGCAGAAGAATTTAGGTAAAGTCTTGATGTTTGTAATAATTTTATGCTTCGC
LG3	ref-36722	36.609	Chr1	5768103	GTTGGGTAAGCTGGCAGTGAACATCCCTCTACAGTGACCAATTGTGTTGTTATGCAGCGCACATTCGACACAGTGCAACAGGCTGGTGTGGGGAGATTCCCAGTGCGGCTCTGAGGAATCCGACGCAGCCAGTTTCTGGCCAAAAGACGAGGAATTTGGGGTGTAATGTGGTGATTGCACAAAATCTTTGGCGGTGTGCTCACATGCAAGTTATAAATAATTAATAGGTGATTTACACATTCATATGCCTTTTTTCATTAAATTAACGGTATTTTCTGTGTCAAGTGTGAACATGGCAAATGTTCCATGTTGATATACAGTAACATAAGTGCCTGACATGTTTCTGACAATCTCATACATT
LG3	ref-12825_28	37.789			ACATGTGTTTCATGAACTTATTTATGCTGCTCAGATGCAAATTGGGCCTGTGCACACCCTGTATTGAACACACACACACGACAGTGTATTCAAGCACAGAGATCTGTAGATTTCTCATGTAATGTGAGTGTCTGTAATTAGTTTCTGAACAGAACTGGACTCAACAGCTCATTAAATGCAGAGATGTCGCTCAG[C/T]TTTGGACTCTGAAGGTACGTGTCTCAATTCCTCACAAAGTTTGAACCAACCTGAGGAAAGCAGTCTGTTTCTCCACTGTAGTTTCAGTCTGTGACTCAAAGCGTCCAGATGGGCTGTGACAGAGAGCGATTGCAGCCACAGGATCCTGTGTTTTTGTTCCTCCTGCC
LG3	ref-61595_27	38.333			AATAAGTATGCGAACCCTTGCAAGAA[C/T]CTGTG
LG3	ref-50036_32	38.438			TGAAACGTGCCGGCCGACAGCCCCACCTGTGGCCAGAACAGGGCTTGAACACTACAGTGAGCTGCTCACACAGAAGGAGCTTGTGCTTTTAAACGCGAACAAAATGGA CAAGAGCGCGCAGGGTCTCGAAGATGTGTTGAAAAGTTGAACGTTTTAAAAACGTGAAGCTCAAAATGCAGACGAGGCACAAAAATCCTAGGCTACGGCGAACGATGTGCAAGAATTTAA[A/T]TTAGTTCACGTTATATGAATCTTCAAAAAGATCACAGGCTTAGACAATGAAGTACTACCAGTGGCAGATTACAAGAGGACAGTGCAGCTGTTGTTGCTCCGAGTTACTCTGATGTGGGAGATGAGGGAGATGATATTCTGAGGTGTGACTGAAATTCGCGGTCTTTTTGTTTGACCGTTAATGCGCGCCGTAT
LG3	ref-50036_8	38.585			TAGGCTA[C/G]GGCGAACGATGTGCAAGAATTTAT
LG3	ref-59183	41.306			CCGTCCTTCTCGACAATGATGCTGAATTCAG
LG3	ref-23393	41.643			GCCAGATGAACGACTCGTTTGCTCAGAGAGA
LG3	ref-50845	43.21			CTCTGACTTTCGAAGCTGCTGCCATTTTGGT
LG3	ref-21075	45.628			AATGAAAATTTTGCTTAAGGGAACACTAAAGTCTGTTCTGCTCTATTGATATTTTCATGTGGATTTAATGTAGCATCAGCATGTAGCATAAGGTAGTATTGCAAGGGCTGCA CAATTAATCAGAACTGATAATGTTATATGGCTTAGCAAAGTGTGTGATTTAATTAATATATATTTAAACATAATAAATGTATACGCTGCATGTTCCGAGTGAAAGTGCA GCATTATTTACATGAGCATCTCATGATACATTTATTATTGGTTTGTTAACTTGACTCCAATAGTGAAACTCCATGTGTTAATGACGTATACTCCCTGTTGACTGATTGTG TTCAATTTGTTTTTTCTTCTTTATTTAGTAACCGCCACCGTCGGACTGAGCAGGAGGAGGACGAGGAGCTGCTAAACGAGAGCAGCAAAGCCAC
LG3	ref-43108	46.494	Chr1	54072875	CTAAACACAACATAAAATCTTGTTGTTGTTAAAGACTCACCTGCCCCCTATTACTGAGACCTGCTTCTTGAACGTCTCTGTCGAAACCCGGATCTTTCTGTCAACGTTAA TGTACATATAATGTCAAAACTAAGCATTAATTTAGTAAAATAGTACTAATAAAAGACAAAACACATCAGCAAGTCCCTCGCTGAATTTCAAAGTGATCTCACCTTAAAAAGC TCATATAGATCTTCTTCAAGGTCTTTGATGAAGTTGGGTGCGAAAAATTTGGGAAGAACTAAATCTCGGATCTCTGTGAAAAGGCAACTTTAGCCTGTGGCAGCCATGCC CAGTAAAACGGGTCTACAGGAAACACATTCAACAA
LG3	ref-28876	49.944			CATGAGTCAACGAGAGATGTGCTCTAGTGAG
LG3	ref-42757_3	51.24			CC[A/G]CCATGCTCGAGGAGAGTGCATGCCAAAGA

LG3	ref-10416	52.259			TCTAGAAGATCGACCAAGATGCATCTTAATA
LG3	ref-8493	54.019			GGGGAAAAAATGGCTTTGCATCTACAACCACCATTATTAACCCAGTAAGTGACCAATTATTTTGAAATTGATTATTAATTCAGGTAAATTGAAAATATGCTGAAATGTT ATAACATGAACAATATAACACTTGTAGCTGTGTGATGTATATGGCTGTATATCAGCACGGCTGTGATTTCGGCAGTAGTGTGTAAGTAATCTCAAGTCGACAGTTTAACAGTT GAGCCCAAGCCTCCGTTACTTATTCTAAAACATCACTTTAAACTAGTGATGAAGGAAAGCTGAGTCGCTTCATTGAAGCTTATTGTTTTATGTAGAGTATTATGAGAGAG ATCGACTAAACGAGTATTACCTGCATCTGATATAGC
LG3	ref-47198	54.941			TTTTAGTCATCGATTGTCTGCGCGTGCAGGTT
LG3	ref-96_26	56.092			TGCTGGGATCCGAACACCATGCTCT[A/G]CACACA
LG3	ref-96_4	56.092			TGC[C/T]GGGATCCGAACACCATGCTCTGCACACA
LG3	ref-42757_16	59.771	Chr8	22411683	AGGAGCGCCTAGGGAAGCAGTCAGTATCCATCGTCTTTGAGGGACTGTTCCGCAGGCAGCCCGAAGCATGGCAAGGAAACGCAGAGTCTCGTTCCCTGTTCTCAGGGAAC CATGGTTACATACGTAACCTGAGACGTTTCCCTTTCAAAGGGAACCAACTCTGCGTTTCGAAAATGCAATGGGGAACGATATACCCACGCCGCCATGCTTGAGGA[A/G]A GTGCATGCCAAAGAATGGCTGGGACAAGAAAACAGTTTCCGTAGAAACTGCAGCAACTCCCCCTCGGGTCACACCAGACTGTCACTGACAGCATTCCCTATGGCCAACAG CCCAAGCTGAGCCTACGGAAGGCCCTCCAGAGGAAAAAGGCCTACCAAGACCGCTAGAGGCATCTGAGACCAACTTTCCGCAGATAAAGTGGTCCCTTTAAGG
LG3	ref-2101	59.964			CCAGCACATAAGGGACCTGGAGGATTTCTGCCGAGATGTAATGCCTGTGCAGCCTATAAGGGCCCTCTTGATCAGTGCCATGCCAATCTCAGAAGGCTGTAGGAGCATC AATGGAAAAGAACAGCTGTGGACATCATGGGCCCTTCCCTTCACAGACAGAAGTAAGTGTGTTGTGCTCACTGCTATGGACTATTTTACAAAGTGGCCCGAGGCCAGTGC GATACCAAACGAGGAAGCAGAGACGGTACTGATGCACTGTGGACGGGGATGTTCCAGACGTCATTATAGTGATCGGGGAGGACTTTGAATCCAAGCTGTTTGTGGC CCTGTGTGAATGGCTTGCCATGGAGAAAACACGCACAACACCCCTGCACTCCCAAAGTGATGGCCTTGTTGAAAGTTTAAATAGGACCTTGGCACAGCA
LG3	ref-12342	61.973			CGAAATAATACGAGTCTGCTGCAACTTAATG
LG3	ref-17482	62.469			TCACTCCCTTCGAAGTAGCTGCCTTCACAGA
LG3	ref-40629	63.109			GACCAGTCTCCGACCTTCTGCATTGTAACA
LG3	ref-43727	63.212			ACAGAACATGTGGAATTGTTGTGCATGGTGACTGTGCTCAGATTTTATTCTATACCAGCGAGGAATGACGATCTGGTGGATCTGTGGAAGTTCTGAACACCATCCTTGCCA TTTTTGTGCAAGATCTGTGGGCAGCTTCTCATTCCAGCCAAGGCCTCGTATCCACATCTCTTGGAAGGCAATTTCACTTGCACAGTGAAATCCAATACAATCCAGGGCTG TCTACTCTTAAGAGAACTCTCATCGCAGACACATGAGTGGGACACACCACTGCCTGAAAACAGACATGAAGAGTGGACACAGTGGTGTCAATTCGCTGCAAGACCTAAGAA GTCTGAACATTCCACGCATGTATGTATCCATTCTAT
LG3	ref-32321	64.227			TGGACAGATTTCGATGATTGTGCTGCAGTGGA
LG3	ref-18655	64.386			GTTTTTGCAACGATGCTTGTGCGTAGGGCTG
LG3	ref-14183	64.416			AGGGCTATCCCGACAACATTGCTCAAAAAAG
LG3	ref-71587	64.573			CCTGGCCCCCAGTGGCCTGCACCTCCATG
LG3	ref-67528	64.801			AGTAAGAATGCGATTTACTTGCTCCATTGCC
LG3	ref-47499	64.83			AATGTGAATGCGATGCATTTGCTGTCTCAGA
LG3	ref-58878	65.593			GGCAAGATGGCGAGCTAGGTGCACATGTTTT
LG3	ref-48102	65.741			ACAGGTTATCCGATGCTATTGCCTTACAAAC
LG3	ref-58122	65.901	Chr1	54028063	ATGTTTCAGATTTTCGTCGAGATATGTGGAACAACACTGATGTTGATTTAAGTTTTGCGACCCTACTGTATAGTTGATATGCTGTAAATAAGTGTAATTCTGGAGGTGTTTGTA GGGTTTAAAGACTCGTTTGGCGAGCCCTGCCACCCGCCGGGGCGCGAGCGCTGCTGCCATGCATACCTGCCCTGAAACACACATCTGTGCCTCTGCACGAACTCGTGCT AATGAATGACTCGGGTTGTTTGATCACCTTGATTCCCTGAAAAGCTCATTGTCTAAAGCACAAGAGATGCAGTTTTAAATTCATTTTCTATGCATTTGTGACAGAAAAAT AATTTAGGCCCCCTCTTCAGTTTGGAAGAAAAAATCGCGTGATTCACTTTCAATAAACTAAATGGGGCAAAAGTGTAAGTAAGGGGTTGAAG
LG3	ref-57593	66.311			TCCTCTCCAGTGTAGTTCTTGGGGTGGGTGGAGTTAAACGAAAGTGAAAGAAGAGCTACGCCATCCAGAAGCCATTATGTTTAAACATCGTTTTATTTAAACGGCTGCAT ATTTTGTGGTAAGTTCATAAATTATCTTCATGTAAACTATCAGTCATATAAAGCTGTTATTAGGTTAGTGTTCCCTATGTTTCGACAGTTAAACCGTCGAAACATATGCC AGCTGTCCAAACGAACACGGGTATTTCCAAAACCTGCAGCTTTTATGTGTTTGGCCGTTAGTCCACACGCAAGCGAGTATCCGGTAACTGAAACCAAACTTTTTGAAAA CTCTGGCCAGGGTGAAGATTTTAGAGATTTTGGCCAGTGACATTGTAGTACGCGCTGTTATCTCATTTTGTGTCATCTCATTTTGTCTCTTG

LG3	ref-59013	66.93			GA	CTGAACATCGAGAGAGATGCAACAGAGAG
LG3	ref-37027_9	67.941			TT	GAACCAAGTGTGGGGTCTAGGGCCGCTA[G/T]GCAAGCCTGT
LG3	ref-72369_6	68.559			AT	CGAAAGCTCCAGTCTCTGTGTTTAGAGTGAAAGCTCATGCGATTGCCGGCGGGCTCAACATGTCCAGTACAGTCGTGCCATGTACCAGCTGCTTCAACACCATTATTAGGTTAACTGTGAAAATATAGTTTCAAACCTGTATGACTTTTTTCTTTTGTGCGAACATAATAAGGGCCGTGACATCCCAAGCCGACCGTCAGCCAAC[C/G]TCACCGACAGAATTGCTAGTTGACAGTCGCTGTAGTCCTTTTGCTGTGTTCAAGCATAGATTTTTGGCTGAAACTCCACCGACTCGAGGTGACAACACGGTCAGCTTTTGTGGCGCTAGTCTTTTATGTCAACTTGGTGTGTACAGCCTTAAAAAGAAGATATTTTGAAAAATGTCTTGGCGGGTTTTTCTGTGTTCATACAATGAAAGTCAATAGGGTCCAA
LG3	ref-20345	69.354			AT	AGTTGTCTAAATCAGTGTATTAGTGCCTAGGTCTTAAAGCCTAGGAAAAAAGGCATTAAACTCTTTGTGGTTCTGATTGTAACCTTTTTTTTTTTTTTACAAATTGAAAGTGCCGGCCAGAAGTTTAAAGGTTTAAAGAAAAGATAAAGATATTTACTAGAAAGCTAAAAATGATACTTTAATGTACTGTAAATCAATTTCTCAAACACGAAGAATATGCAAGTGTCATCTCAATAAATTAGAAATGTCGTGGAAAAATTCATTTATTTTCAGTAATTCAACTCAAATTTGTGGAACCTGTGTACTAAATAAATTCAATGCACACAGACTGAAAGTACTTTAAGTCTTTGGTCTTTTAATTGTGATGATTTTGGCTCATATTTAACAAAAACCCACCAATTCACCTTCTCAATAAATTAGAATACTTCATAAG
LG3	ref-34588	69.7			ACT	CATCGCAGGGAGGAATCATTCTTTGCCTTGTTTTCAAAAGTAAGACAGTTTTCATTAATAAACAGTTAAACTATTAGTGCATGGAGTACTTATTTGTACTCTTTTGTATTTTGTAGGAAGTTGGAAATGAGGTAGAAAAGCCAAATCCAATCCAAGCAGAGAGATTTTGACATTAAATGACAGAATGATTGACTGCTGGATGTCTGAAAGTGATGCAATTTCATGGAAAGCCATTACGAAGTGAGTTGTCTCAGTTTTACACACATTGCTGTCTATTGACATAATTTTTCATGCTGTTGTTAAGGATTTATGTGCAGTATGTTTATGAGTTTATGTACAGTAAATGTCCATGTCACTTTTGAAATGTTCTTTCTTAATATCTTTTATAAAATAATAAGTGAATTTGAGGTAATAAATTCTAAGC
LG3	ref-43039	70.122			AC	ACTAGATTTCGACCAGACTGCAAGACCACA
LG3	ref-69197	70.182			CT	GAAAGTTGCGATTGGTGTGCAAAATGTACG
LG3	ref-24641	70.531			CT	GATAGCCTCGATGGCAGTGCCTTAGATG
LG3	ref-36424	71.019			AG	ATTTAATGTCTTTTTTTTAGTTGATTTTCATCTAAGGCTGTGGCTGAAAGTCAGTTGTAGTGTAGATGGAACTCTATATGCAATTCAAATGCATACATCTTAGATTTACACATAAAATGTTTTTTTTTTTTTTTGGATTGTGGTGTTACTCTTTCCAGTCTTAGTCAGTAACACAATGCAATTCGTGCTCGCTCGATTCTAATGAATGTAAAAATTATACACAAAATGATAATTTACATATGTTTTATTGTTGTAGGCCCTACTACACACATAAAGAATTAATATCATTGTAGGTTTGTGACTATATTTGAAAACAAAAACAAACAAACAAATATATTGTTTATAATGCATTATAAATTGAAACAATA
LG3	ref-23661	72.086			CT	GCAGCAGCAAAACAACTGAAAACTGTTGGCCGAGGCATGCTTATATTGTCGGAGTAAATGCCAATCATTGCGAAAAATCACGTTAGCCAAACCCCGTAAGTCACATCACCAAAAACAGCAGGCTAAGAGACAACACACCCAGATAGCAAGCAGTAAACAAACCCGCGCAAATGATAGAGAGAGCGGTAACCTACCCATCTGATGAGCCGAAAGTGTGTCACAGGGTCGAGAGCTCGCAGCAGCCGATGGCAAACTTGCAGGCAGTAAAAATTGCAGTCAACAATCAAGTCCAAAGCACCAACAGTTAGAATTGGAGTAATCTGAAAAGCACAGTAATCCGATGGTGATATAGAAATCCTAATAAAGCAGTAATCCGATCAGTGCAGCAAAACATACAAACAAACAATCCAGGTTTGAAGCGGCAGC
LG3	ref-63191	72.448	Chr1	56489066	GA	AGAGCTGCAGGTTTCAGACACTCACTGATGGATTCTCATGTTTAGAAAAAGCTCTGAGGATCAAGAGTCCTGCAGGAGTCTTCAGGAGCTCTGGGATGAACCGTCTGTGTGAAAGAGAGCCAGAGATCGGTCATGTGATCATCTGTGATGGATTATCTGACTGTGACGTCTCACTTACTGCGAGTGTGTGCTACAGGTCAGAGGTCGTGGACTTGAGCTCAAGAGCTGTATATGTGTCTTCATTGGGATCAGATTTTTATAGTGTTCATTTTTATGGAAAAAGATCCCTGACAATGTTCAAGTATAAAGGACTTTTTCATGGGACGCTGAACGCTTTTCTTGGCTTCTCACCACCTTTTCATGTGT
LG3	ref-34232_25	73.104			TCC	GTCAAAACGACCCTAATGCTA[C/G]ACTACTG
LG3	ref-62764_8	73.195			TT	CAGGT[A/G]GACGAGGTGGATGCCTTATTTTGT
LG3	ref-21385	74.779			GCT	GATAGGTCGACTTGTTTGAATCACATC
LG3	ref-12116	75.729			TT	GCTAGGCAACGCTAACAAGCAATCAAACAAGTGACAACAGCAGACAGACATGCAGAGTTGAACACACAGACCCATGAACCGTGAAAGCTGTGGACACTAAATGACTGTATTCGTCGTCTGACTGAACCGTGACGTCTGTACCATGACAATTCGAGATGAATACATGAACCGTTACACCCCTAATAAATATATATGATGCAAAGATGTTTCAAGTGGTTGCTAGGCAGTTGCTAAGATGTTTTTGGTGGATTCTAAGGCATTGCTAGGGGGTGTGAGGAAATGACAATGGAAGTGGACTTTGGGGGCATTTTGATTGTCTGCTATGGGAAAAACACTCTGTCTCTCGCTGTCTTCTTCTCCTTCCCTTACAACAAACACACTCTAGTCTATAACATACATTCTTAATATTTACAGTCCGTCAGTA
LG3	ref-1316	76.235			CG	CAAAACATCCGAAGCATGTGCCAGAAAATA
LG3	ref-71023	76.69			TG	CAAAATAGACGAATGCGCTGCAAAAGCCAT
LG3	ref-50551_2	76.697			C[A/G]	GTTTCCCCCGAAATGCATGCAAGTGGCTGG

LG3	ref-64259	76.851	Chr1	47884711	TCACTTTACCTATAGGTTATGATTACAGTGTACACCTTAAGAGCTGTTTGTGGCTCGTCTGCATATACTGTCTCATGTGCGTTGGCCTTATGGGTATTTCCATCCTCGAATATT TTCAGCAGGTTAAGTGAAGAAACGGATGTATGATTTTGACAGTAATTGTTATTTAAACAAAGGGAGACATATCTGTAAGACAGGCTGGGGGAGACTGATGATACCAATGCC CACCACCACCTTAACCACCTTTTTCTTCTCCTCTAGAACAGTCATTTATGTGGAAGATGAACATGTGCAGGTGGTCCACATCTCCCCCTGTAGAGAGCACATGGTACTGCA ACTGATGCACTGGGGAGAAAAGTTAAGGTAAGTTTCAGCAAACTATCATACATCATGTTTAGGCACATGATGCAATCACAGCGGTTTCAAGTGGAAT
LG3	ref-68767	77.753			TGTTGTTCTAAAGCCACATGACCTCCTTTTTTNNTGAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCCTGCTTGCAACTGTTTAATAGCAGTTAACTGAACATAAAATGAAATGT GAATGGTGATGTTCTTTAGGCATCAAAAAACATTCCCACACAACCTTGTAACACACAATTCAAGAGTTCACAAGGCATACGACAGGGTTTGATGAGAAAGTGACCAAAGTG CAGTTTATTACTGAGTGGAATCTTGACTTTGCATATATGAGTTTTGAGAACAGCAGTTTCAGACTGAGAAGTGTCTTCTGACCGACAACAAGAAAACATCTTTTCCTTTC TTTTTACAATTTTATTTATTTTGTGGCTGAGCACCCCTATTGAGCTTTTTTGCCCATTAGTGCATTTGTAAAGACGTAGAGCTGTCAAGCTCCT
LG3	ref-54080	77.928			CGATGACAGGCCGAAACAAATGCAGGAGATGA
LG3	ref-68474	78.802			GAATTTATGGGTAGGGTTATGTTTAGGTGTAGGTATATGGCTATGATTAAATTTTCGGACAGGAATGTTGTTCCAGGATCAACAAAATATGTTGACCCAGGAACGCGTCTA AATCTGCAAAATTAGAATGTGTGTGGAGTGAAGGAGAGCAGATCTCTGGCAGAGGGTGTAGCATGTAGAAAAGGTGTAGCTGAACAGAAAGGACTGGTCCATGAGGTTTCTG CTGGTTGCTTGAAGATGTTTATCAGTTTACCATAAAATAGTAGGCCATTGTGTGGTACGTATAAGATTCTTGTTGTTTTTCTATGTGTGTGTTGTGTGCTGTAGTGAA TAAGTGCAGAAAGTGAGGAGAATGTTGGGATTACAGGGATTTGAAAAAGTGGTTGTGCAAGTGCAGCCTTTTAACAACAACAACAGAAGAAAAAAGG
LG3	ref-13280	79.329			GTAGAATCTGCGATTTGTTTGCTGGTTTCCA
LG3	ref-54093_1	79.534	Chr1	40023493	GACATTCCATGGACTTCGGCCAAATGACGAGCCTGCTCGATTAACACAGATGTAATTGTTGAAGAGACCAGATCGGCCTTGTTGCAACAAGGGCCCCGGGTATATCTGG ACCAAGAGAGTGCTGACGGCACTCGTCCATCCACAGTGGCAGATTGCGGAACTAATGGGGTTAGTGACATCAAAACACGAAGACAATCCC[A/G]TGCACATTGCGATAGT AGTGCTGCACCATGCTTTTACGAAAACGCTCCTGACCAGCCGTGTCCCACAGCTGTACCTAAAGTGAGATGGAAAAGGACAAGATTATATTTTTGTACACATTCAGGCTA CATATATATTATACAGATTTTTTACTCATGACTTAATAACCTTGGCATAACAATTAAGCTACAGAAACATTAAAAATTTAACTTGAGTGTCAATTGAGTTAT
LG3	ref-52601	79.702			GCGGACCGTACGAGGCTTATGCTCATTTACA
LG3	ref-16325	79.773			CGTTCGGGTTACGGAAGCCGAGAGATTTTTCAACAATGGCTGTGTCCCAATTCAGGGGCTGCATCCTTCGAAAAATAACCATTAGATTGTAAAGTAAGAAAGAAATTACA GTATTTTACACCTCACAAATGAATATCAGTCAATTTTATTATGGTTAATTTTCTAAATAAGACATCCTTGATGTGCGTATGCAGCCTTCAAACGCAGCCTCCGAATGAGATGC AGAAACTGTGTGTTACCCTTTAAAGCCTCACATAGGCTTTTTAAAAATGTTGAGTACAAATTAATGCCAAAAATAATGTTACCCTGTTTTCTCCCTTGTTGTAATACC ATAAGTAAGTGCAATAATCTTTGCATTGTTTTGTAAAGCATTGTAATTTGGTATCTGCAAGTATTATAATACATTGCATATACACGTGGGACACCTT
LG3	ref-24950_3	79.984			CT[A/G]GAAAACACGAGCACATTGCACCGCATGCG
LG3	ref-6829	80.11	Chr1	9841741	TTTTTTTGCAAACCTTGAAAAAGATTTGCTTCATGTTTGATTGAAACCCAGCTAGTGTGTGAACAAAACCACCTACAATGATAAAAAATCCACCCACTCCTTTTTTTAAATC CCCATTAAACCAAACAGTCTCTTTAGACATGCCGTTTTGATTCTCTGAGCAGCGTGACGTCACTGCCCAGGCCTCGCCAAACGGCCGCCATTTTCTCAACAGTTGTAGC GACAACAGTGTCTTGAAGCAATCCTGGTGTCTGTTTTTGATGTAAGAGTCAGCATAAGACTCATTTTCTCAAAACATCTGAGCCACTGAGGACGCAGTGGATTATTTT ATGTTTGAAGATAATACGCCCAAAATCTACCT
LG3	ref-4618	80.505			AACTCACAACCTCACAACCTCATTACGATCTTCTATGCAGGGGCGGAGCCAGGGGGTGCTGTTTCTGTCTCCTTTTTTCTTGACAAGATTGCGTTTATTTAAACGCAGAACCG TCTCTTTAAGACCACAAAAACGGGAGACTTTTCAGACACATACTCCAACCTCGCCTCAGCACCGGGCGCAAGTCAATCGCGTGCGGAAAGGATACAGGTACCGAATGAGC TTCAGCAGAACAAACAGTTGAACGGGAACAATATATAGGCTAGCCTACGTCAATGTTTCTCAACTGGTGGGTTGCAAGACCGTTTTGAGTGGGTTGAAATGTGCAGTCAAA GAAACAACAACAACACTCTGTTTTTCTGATGCC
LG3	ref-44774	81.735			CCTTTGACAGTTTGTAAAAAAAGGATACCAAAGGACACCATATGGTCAGAAGTGAATTTATTATCTTTTGTGCTCTCAGCTAAGAATAGGGAATATTCTTTTCTGTGCCTA ATATCACCACACCAATAAAACAATACCGTTCCAAGCGAGTTCATCCAGTAACGCAGCAACAATTACAGCAAGTGACTATTGGTGTGAATCTCTCGCTCATTAAGTTTGAA TTGCAGAGACAATGGTAATTTTAGCCCCCTCCGTAGCTCTCATATCAAAGAAACAGGCTCTAATGAAGTACTGTTTCAGAGAGTCTCACATCTCACCAGTGTGATTGAAATG TGATATGAAGCGAAGGGTGCGTGGAAGAAGTGCGT
LG3	ref-55450	83.379			TGAGGGCAGAATACGTCGCTGAAGGGAGCATAACACTCAGGGATATAGACAAAGCGTTGGTCAACTGGGCTCTCGATGGTCGTGGCACAGACAGGAAGAGACTTGGAGC GTGGAGAACATGGAATTGGAAGCCCAGGGAAACAGTTGTGGAAACAGGTTTTGCCCACTTCAGGACCTTGCTGGTTTTCCAAGAGAGAGTGGGGTTGTGCTGCTCCAAC CAGGAGCACCTAGGATCATGTACGCGTGGATCCCTCCAGAACCAGCAGATGGAGGTGTTTCGACGTGTAGAAGG

LG3	ref-62112_29	83.648			GGCATACCAATACACAGTCCTTCCATTTGGACTCTCTCTAGCTCTCAACCGTCTAGAAAATGATGGTGGTAATTCTGGCCTTCAAGGAGTTCCAGATGGTCCACTTGGACAAC AGGACAGTGACACCTTCATAAACCAACCAAGGAGTTATCGGGTCTTGCCCTCTGCACAGACTCTCCTATGGGCACAGAAGAACCTCCGCTCATTGAGGGCGATTACATGCC AGGCT[C/T]CTTGAACATAGGAGCAGACATTCTTTCACATGCCGGACAGCCCCGGGGGAATGGAGACTTCACCCCAATGCGGTCAATGCGATATGGTGCACCTTCAGTT GGATCAGGGAGATGTTCAGAACCAGCCTTGGTTCCTCAGAATTGATTAGCTGCTGTGACATCTCCATGGCCCATACCGCTGAGAAGAGTCCTCTCTCC
LG3	ref-50226	84.863	Chr1	34253847	GCCAATATGAGACATACAAAAGGCTTTTCTTGGTCTACATTTTTTTCCTGTTTCTCTTATCTTTTAGGGTCTGAGCAGCATTGTAATCCAGTGATCAAAGTGCCACGAAACA CAGTGTTTTAAAGCTTGTGTTATGACAGAGTTGAAGATAAACTGTACTGTGAATCTAACTGGATGTCACAGAAATCCAAGAGTAAATGGTGCAAAATCGATGGAAATGCC TGTAAGGCTTTAAATCACTCAAAACACATACAACTCAGTGGAAGAATACAATAGGGAATGAATGGATAGTTTTCTGATTTTCTGAACATCTCAATGGAGGATGCAGGT TTATACAGATGTAAAGAAAGCGAGACGTCTGTAAGCCATACTATTAATGTCACTGTGACATGTAAGTGACATTATCTTTATTTCATTGGCAGCATG
LG3	ref-28111	84.936			ACTCTGGCTCCGCCTTTGACGGTTGTACCTCATTACCATCGGCTCTCCGTCTGCGCCAGCAAAATCCATCGGCTCCGTCAGTCGTCCCCCAGCTGTCGTCA
LG3	ref-9997	85.661	Chr1	33683429	TATGCATGTGCTTCTTCTTGGAGACTTTTTTTTGAATCATCTCATATGGATGGCTCTTTCTTGGAAAGCAGTGTGTCCTCAATTCCTTCTGAAAATGGACCGCCAGGATGTG AATCTGCTACTTTGGAGGAAGAGTTTCTTCAGCGTTCCTGAACAATGGCATGAGTGACTCTGATGAGGACACAGGTTATGCCGATCCTGTGCTGGACGATCTTTATGCAC GTCGGGTTCTCATCTCCGAGCATCAGACCTCCGTCAATGCTGATTACAGACAAGTTCCTGCCAAGTATTGGACCCCTGAGGAAGATCTACATGTGAGAAAGATCAGGCTAG GGTCCCAGCGCAGGCCATGGTATAAGAAGATGCAGGGCTTCAGGTTGTCTTATAATAGAGAGANN
LG3	ref-17831_3	87.231			CT[A/G]AGCTCAGCGAAAGCCTTGCAACTAACTTC
LG3	ref-50593	87.942			CATCTGATGCCGAACACAGTGACGTGCTTAA
LG3	ref-59448_3	90.15			GGAACGGCAGCGGAAATGGTCTTGTTTCGCCTTCAAGGAGTAGACCCACTGTCTCCTTTAGAGCTGGATGCCATGGTACAGATGTGGCCAAAGCTTTGTCTGTACACTTTTC CTATGACAGCACTGCTCCTGGGAGTTCTAGTGAGGGTTTGCCAAGACCAAGACCACCTAT[A/G]ATTAATGGCACCATTTTCGCCAGCCTTAGTCTGGTTCTAGGATATAGT GTCTCTCCAGGACAGCACTCCTTGGGAGGTTATCTGGAGAAACCTCCTGTCTCAAGTGATGGTTTGATCTATCACTGCCGGCTGGAGCTCTGGAACCTTTGGGTCAGCTCA TAGATTCGGGTCTCTCAACTGAGGTTGTTGAGATGATT
LG3	ref-1238	91.121			GTGCTTCCTTGTGCGTTCGTTTCATCAACTGCGCTTTATTTTTCGTGAAGCATTTTGTTGCGCGTCAGCTAAGATAAACAGACATCCCTCGCATTGCGTGTGTAATCAGTGAGAG TTTTGCAGTAAACTACTGCACACTTACGATTACTAGAGAATGCGGTGTTTAGCTTCATTAGTAGTGCAATTCGCTTCGCGATGATCGATCGAGCTGGGGTTCGAGACTGACTT GGAGCAGGGTGTTAGGATTGGAGGATGAGTTTTGGAGGCGGAGCAATGAAGAGAGGGGTGGGTTTGTTAGGGTTGATTTCAAATATCAACAGTGTTCAACAACGAACCTT GAGAAATCGCATACAGTACCTTTAACATGAACTA
LG3	ref-29957_4	93.685			ATT[A/T]TCTCTACGATGGCCATGCCCCGCATGGG
LG3	ref-29957_9	93.685			ATTTTCTC[C/T]ACGATGGCCATGCCCCGCATGGG
LG3	ref-52603	95.127	Chr3	20964756	TATGATTTTAAAAAGATAGATTGATAAGTAAGTTATTTTGAAGAATGTTGATAATAAAACTATTGTGTTTTATTGTATGGATAAAATAAAAAAATAAAAAACACTGAAGCT GCGTCCAAAATATAGTATACTATATAGTACGCGAAAAACAGTATGCGAACAGAGAAATGATGTCCGAATGCATAGTATTCGTAGAGCAGGAGGTGAAAAGTACTCTGATGA ATCACTACTTCTGGTGAGATTCTGAAGTGCGCATGCGATGGACACTTTACTATCCCATTAAGCCACGGGAGACGATTTGTGAATGGAGTTAAAGGGACGTAACGTGACGCTG GTAGGTCATGTGACAGTAACAAAATGGCAGATGTAGT
LG3	ref-32008	95.495			ATCGTCTTTGCGATGCTCATGCTTACTGTCA
LG3	ref-5206_4	96.817			TGA[C/G]ATATCACGATTCTTGTGCAACCCCGGAT
LG3	ref-7354_7	97.718			GAAAGC[C/T]TGCCGAACATAATGCTGAATCTGCA
LG3	ref-57180	98.143	Chr1	48468953	ATCTTTTGTGTTACATGCAAGAAAAAGAGATCTAGAATGACATGAGTAACCTCATACCAAGTCCTGTCCCTTTAAGATGCATTCTGTAATCTATTTAAACCCTGTGATATTAT TACATGTCAGTTTAGCCATAATTAGCTAACAGTGTGACATAACATGTAGGCATGATTGCACTAATTGGCAGACACTTCGCATTTAGAGTAGTCTCAGATGTAAAGAAGTTG GATGGCAGTTCACAGACATCTGGTGTGGATATAGTCCCCTCACACTAAAATGCCACAGGGCCACCAGTGATTACTTTTCAGGAAACCATGGAGTATTACCTGGCCTA TGGCCATATACACTTCCAAGGCTTCAAGTGACAGT
LG3	ref-73373_30	98.367			AAGGGGAGAGGCTGAGGTTGTGGCCCTTCCCTTTTGCACCGGACAGAAACCTATCCTCAAGCTTAGTGTTTGGGGATCTCGTTCTGTGGCCAGTCTAGCTGTAATCTGGC TACAGCTCGAATTACTACCTCGAGTAATTCCTCAACGGATTTATCATCACGTGAGGAACGCTCAGAGGCAGCACACTCGTAAAGAG[C/T]ATCGTCATCCCCTGCGTAAACT AAAGAAGCACCGGAGTGCACTTTAGGATTGCGCGAAGGGATGCATGGATCAGGTGACAGATCGGACGAAAGGGCAGGACCCGTCTCCTGCTCGTCAGCCAAATCCATTG TGAGCCCCACGATCGTACTGTGGGTGCTGGCCCTTGGA

[illegible]

LG4	ref-13167	29.481	Chr8	10273246	TATTGACAACTTATCTTGCACCTCGGGGGCGTATACAAATATTTACCCAATAAAAATGCTCTCTCAAACACCTGATTCCATTTAGCAATAGCAAAATAGCAAAAAAATTTTTT TGAAAAAGCCCTTCAATATGGCCACCCAAAAAATATGTGAGGAAAGAAAAGTGTGAGTGTCAATAAAAATCCAATTAATATCCTTCTGGAACCTACTGTCATGCC ACATCAAGGTAAATATAATAATAAATTCTCTGCCAGTGATCAGTTTCAGATTGTGCTCAGATTGAGAACATTTAAGGTGAATCTTATCAGAGAAAATAAGCCTGATTTGTTG ATTGCTGTTTGTCTCTTATGTACCATAACAACCCAGGACAGCATGGCCCCAGTATGGGGCGTCCTGACCTGATCCCATCGTGGGCCCATAAATGCT
LG4	ref-9956_24	29.609			TTCTGCAGATTCATTTCAGCATAGATAAGTGTTGACAGAAATGCATGAGGACGTCACGGGTTGCAATCTTGTAATTACAGATAGGACATGGTGTGAATGCAGCATAAGCTC ATTGTTTTGGTTTCAGGAGGAACTGTAAAAGGCAGCTGCTGTTTGTGGCGCTCGGTGACTGTCTGTCTACAACCTCTGCATAGCCTTATGGAGCGTCTGCACGAGCAGAGTGC A[C/T]GGAGGTATGGAAATGCATATATTGACGGGCAGGTAGAACTATTGCATTCCGACCAAATGCAATGATTGGACGAACATTTTTTGGTTCTGACACTCCACAGAAGAT ATATGTAGCCTATATGTTTTAATATTTAGACCACTTATATTATTGTTTGTCTATCAGGATGTGAAGAGAGTTTCAAAAAGTGTTTATAAAGCAAATTGCCTAC
LG4	ref-55054	29.813			CATAAGGGAGCGATGCTGATGCTGATGCTGG
LG4	ref-12468_14	30.983			TTTGCTTGGGCGA[A/G]GAGCATGCCCGCTCAGTC
LG4	ref-25314	31.643			TGACAGGCCACGAGGCTGCTGCAGATACAAT
LG4	ref-62627	32.205			GCTCCGATGCCGAATGCGTTGCTGAATGCCA
LG4	ref-32792	32.282			AATGGCATTGAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGCACATGCTCGAATGGCATTGAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGCACATGCTCGAATGGCATTGAGCAACGCATTTCGGCA TCGGAGCACATGCTCGAATGGCATTGAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGCACATGCGCGAATGGCTTTCAGCAACGCATTTCGCCGATGGCGTACGGCATGCCGATGGCGTA TGAAAAATGTTCTTGGCGTCGAAACTTCACATGCTTGATGGTGTACGGCAACGTGTTAGGCGTCGGAGCACATGCACGAATAGCATTGAGCAACGTGTTGGGCTGTAACCTG CTGTCTGTAATTTCTGATTACTTTGAAATAAATATGTT
LG4	ref-35825	32.72	Chr8	13968644	ATCATGGGAACAACGAAAGCAATGGTTGACTGTTGTAACCTGCGAGTATAAGCCATAATGGTTTCTGCTGCCATTTTCATATTAGGGATATTAGCATTAATAATGCTAA CATTTTTCTATCCCGTTTCAGGACAAAAAGCATACTTACGGTGTGCCATGTTTTTGTCTATGCTTTTTGCACTGTCTTTGTGCGACTTGTTTCAGATTCTCCTCTCTCTCTTCAC AGGTTTCGTGTTATAACCTGCCAAACTTGTCATCTAATGAAAATGTCTGTCAATTGTTGCTGCTTGAGTTTCTACACATTAGAAAATCTTCTTTCTATCTGCTGCTATGTC ACAAAACAGCTGTAGTTTTGGACACAATCTT
LG4	ref-17707	33.325			GGTGACGGTCAAGAGTTTAGCGTCAGAGCTTCATATGGACGAATGGCATATGGCAACATGTTTCGGCATGGCAGCACATGTGTTGATGGCATTCCGCCACATGTTTCGCTGT CGGACCACATGCGCAGATGGAACACAGCCATGTGTTTCGGCGTCGAAGCTCATGTGCGAATGGCATTGAGCAACGTGTTTCGCCTTCAGAGCACACGTGCGGATGGCAGTCA GCCATGTGTACGGCGTCGGAGCACATGCGGCGCTGGCCTCCAGCCATGTGTTTCGCCCTCGGAGCACATGCGCGAATGGGATTGAGCAACGCGTTTCGGCGTCGGAGCACCT GCGGCGATGGCGTCCAGCCATGTGTTACCTTCGGCGC
LG4	ref-71648	33.884			GCATTGAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGCACATGCGCGAATGGCTTTCAGCAACGCATTTCGCCGATGGCGTACGGCATGCCGATGGCGTATGAAAATGTTCTTGGCGTCGA AACTTCACATGCTTGATGGTGTACGGCAACGTGTTAGGCGTCGGAGCACATGCACGAATAGCATTGAGCAACGTGTTTCGGCTGTAACCTGCTGTCTGTAATTTCTGATTACT TTGAAATAAATATGTTTGTGTCAGGCAGACTGAATCAACAAAAGCCAGCCGAGAACTTCAACACCATCACAATGCCTCGAATGCCTAAACAATCTTGTTTTCTATTACCTT CTAACAGGTTTGTAATAATGGTAGATTCACTTTTC
LG4	ref-48756	34.165			CGTCGGAGCACATGCGGCGCTGGCCTCCAGCCATGTGTTTGGCCTCGGCGCACATGCGCGAATGGCATTGAGCGCACATGCGCGAATGGCTTTCAGCAACGCGTTTCGGCGT CGGAGCACATGCGCCGCTGGCGTCCAGCCATGTGTTACCCCTCCGCGCACATGTGCGAATGGCATTGAGCAACGTGTTTCGCCGTTGGACCACATGCGCCGATGGAGTCCAG CCATGTGTATATGGCTGTAACCTGCTATCTGTAATTTCTGAATACTTTTAAATAAATATGTTAAGCATTTTTTGTGTTTTTCATTGCTTAAATGTGTCTCTACCATGCATGTGGT CTCTACCACGACCACATGCAGAGATGTCACGTA
LG4	ref-4772_30	34.317			CGGGAACGAACGAAGGTCTTGCAGGTATG[A/G]AA
LG4	ref-4772_23	34.589			TTTCTGTTTCCTTTGTTCCCTTGTTCAGCTTCTGGTTAGTCTCCTTGGTTACTCATTTGTTGATTTGTGTTACACCTGATATTCAATTGCATTGATTGGTCTGGTCTGTGTATTT AATGGGTTACCCAAAAATGAAATTTCTGTCATTAATTAGTCGCTCTAATGTCGTTTCATACCTGCAAGACCTTCG[A/G]TCGTTCCCGGAACACAAATTAAGATTTTTGATT GAATCCAAGAAGTTTTTTATTTCCACAGAAAGCAACAAAATTACCACATTCAAGGTCCAGAGAAAGACATTGTTGAAATAGTCAACGTGACTACAGCGGTTCAACCTTAA TGTTATGAAGCGTGCAAAAACAAAACAAAATAA
LG4	ref-43662	34.621			AGAATCTGATGACGTTTTGACCTTCTATATTAAGTGGCTTGTCTGCTCTCTCTCATTTTCAGATGCACATCAAGGAAGAGAAGGAACTTCAAGGAACGGATCATCTGCTCTT TCATTTGTTTAGATGGTGTACGGTCAAGAGTTTAGCGTCAGAGCTTCATATGGACGAATGGCATATGGCAACATGTTTCGGCATGGCAGCACATGTGTTGATGGCATTCCGC CACATGTTTCGCTGTGCGACCACATGCGCAGATGGAACACAGCCATGTGTTTCGGCGTCGAAGCTCATGTGCGAATGGCATTGAGCAACGTGTTTCGCCTTCAGAGCACACGTG CGGATGGCAGTCAGCCATGTGTACGGCGTCGGAGC

LG4	ref-60401	34.708			ATTGTGTTTGGCGTCTGAGCTTCACATACACGGAAGGCATTCAAGTAATGCGTTGGCTGGACACCGGCGTTGCATGTGCTCCGACGCCGGTGTCCAGCCATGTGTTACCCCTC GGCGCACATGCGCGAATGGCATTGAGCAACTCATTGGCCGTTGGAGCACATGCACCGATGGCATCCAGCAATGTGTTTCGCTCTCGGAGCACATGCTCGAATGGCATTGAGC AACGCATTGCGCATCGGAGCACATGCGCGAATGGCTTTCAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGCACATGCGCGAATGGCTTTCAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGCACATGC TCAAATGGCTTTCAGCAACGCATTTCGGCATCGGAGC
LG4	ref-32865_17	35.774			TGAAGACCCAATTTATACCAATTTTAATGTATACTATACTAATATAAAGTATTATTTTGAAAAATATTTTACGTTTCGTTTCTACTCACTATGGTACTCTACTGTAAATGT ATTATATATTTATTTAAAGCCCCCTGTGGTGAAAATCAAGTTTTTAATGTTTTTATTTGTCTATGTGGTGTTTTTAAGACAAATCATGTGCAAGTCGACACC[A/C]TTGCTA AGTATTTTCTCTTTAAAGTGATCTAAGGACAGTTTAAAAAATGCGCTGGTGTTTCTGACGTCACAACTACCTTGTAACCAATACGTCGAAGGTGTGGCGGGCTTTAGCAT ATCATTAACATGACTGCTCTGAAGCAGGAGAGTCTCAAGAGAAGCCAGGTCATCCTGGTATATTTTCTGTTAATATGAAAAATCAGAATATAGCG
LG4	ref-47650_10	36.873			TCGAGACTC[A/G]CGACAGATGTGCGTCTGTGTAG
LG4	ref-12610	38.006	Chr17	30496092	TCGCCATCTTTAATATTACGTTGGTCATTGTTTATGGTTACTAGTAAGAGAATACACTCTTGATGCACGTTTCATACAGACAGTGTTCCAGATGCTACTGTAAAGTTTGTGTGA ACAGGACATTTCAAGACTCACACCTGTAAGTAAATGCAGTTGTCAATCCCCAAAACATACAGTGTGAGCATGACCTTCGTTATAAATGGGAGAAAACGCAACACGCAATA TTGCGGAATACGTCGCGCCTTCTAAGTAAAAAGAGCCAATCGCTGATTGATAAAACAGTGCCTCCAGTTTGTGTACTTATGCACTATTCTATGCTGTTTTGTAGTTTAAACAG TTTGTAGTAGTGTGTTACACTGAAAAATCCAGAAA
LG4	ref-63429	38.427			ATTGTTCGAACGATGAATGTGCGACAAAGTT
LG4	ref-5659	38.894	Chr8	16880779	AGGTTGTTAGATGCCATATAATGTCAATTTCTTTCCAGTGCCCTTTTGTTCCTCACTCAACCTATAGTTTAAAGGCTGAAATCAGCTGAAATTGTCCGTAAAGAGCTTGTGC CCTCTGCCAACTCTGCCAAGTCTTTTTCGGTCTTGTCTCAGAATAGCTGATAAATGTCTGGTGCTGCATTACCTCCGCCTCTGCACACACAGAATTAGCCCCCACATTAGT GCTGTGGGTATTTATTTCTGCTCCTGCCGACTGACACTCTAATCTACGGAGAATAGAGACAACATTAACGTCAACCTATCTGTTCCCTTATGTGTTTTTGGGGGAGGGAG GGGTGACAGAATAACCTTTGCGCTGACAAAT
LG4	ref-15885_14	39.729			TCGCTAAACTGCGTACATATCAACAGACATATTGGCCAAAACACAAAAAGGATGTTGATCCAGACTTACAGGGATACTTTCCTGTCCGACATGAGCTTGCTGTGCTGGATG GATGTATTGTGAGGGGAACATACCATCTCTTGGTACCTGAGTCATTACAGAGGAACTCATTGAAGTGGCA[A/T]ATGAATCGCATCAAGGTATAGTCTGTACGAAGCAAA GACTTAGGCAATTTTACTGGTGGCCTAAGATTGACAAGTAGATTGAAGCTCTGATAATCAACTGTCATACGTGCAAAACAAAATGACAAGTCTGCAGTTACACATGATGCTC TTCTCAACCCTGTTGAATTGCCTTCTGCTGCATGGGTAAA
LG4	ref-56126	40.601			TTATAACAGTATAACAGTTCCAACAGGCCGAGTTGCGCAGTATAATTTTTTCTATACTCTTTACCAGACATTGTGTCATCAACTGGACATTGCTGGGCAGGATTGTGGGCA ATTGTGCTCTGTACTGTGCGTATTGCCACCTAGTGGACTCTTCTGTCTGCTTGGCATGCGCTGTTGCACACGCACCGTCCGCGCGGTCTCGAAATTTGGGCTGCACGCGT AATGTAATTTTATTGACATCAGTAACTGTAATCAAATTACATAAAATTTATGTAATGCGTTACATTACAGGGTTCTAAATTAACACCCGCCAACCGCAGGTTAAATTCATTTT GGCGGGTGTTAATAAAAACTTACTAGCCAGTTT
LG4	ref-2700_27	40.923			TTCGAAGCTTCATGAAGCAGTGTTTTGAAATCGGCAATCACTAGATATTGTTGAAAAGTCGTTATTTTGTTGAATGAATGTTCAAAAAACATTATTTTTCATATACTTTAC ATTGTTGCATTTTTCGCTATACAGACAGAGCTCATTTATTTCTAATCTGAAAACCACGCCACCAGGGGGGCAAAACAATCGGAAC[C/T]TAATCGGTGACAACATATGCTAAA CAACAAACAAAAACAAACCATTTCATTATTTTAACCATGTCAAAGAATTACTTACCTGTGCGCGAATACGTTCCCTCCAATGTAGTTTTTATAGTAATATGACCCGTG CGCTCTGTCTCACTGCCTGTATCCACTTTTGTGTCCTT
LG4	ref-46223_18	41.667			CACCTTCTACAGATTATTTTTCAGATCCACATCAACTTGCTTTTATATTATATAGAGATGCTTTAAGTAGAAATGCTGAACATCCTCCTCCACAGACCGCTTGATATAATCA ATTTAAGTTAGAAGTTGAATTCCTTACCCACTAAATGCCAGGTCTTCTTTTCCATATTTTCCACATCTGCAGTCCGGTCCGATTGCTATCCGACGAGCGG[A/G]GTGC AGATCCCGTCCGCGATCTGCCGACTAGCAGCAGAGCACCTGCGTTTCGTATCCTTGAAACCGAGAACCGAGTGATAATACACCAGTAAATACGTGAACCACATAGACGCG CAGAGGTCGTTAAAGAAATGTCCCACGGCGTACGTACGTGCGCTGCACATGGGCAAGTTCCTCGGTGATCAGACATCGTGAATGAAGAATCGATAAACG
LG4	ref-29931	42.379			TTATAAAGTCCCTCCTTCAGTTTAAAGTCTACAGGATTTTTTTTTTGGCCTATTTAATGTCAAAACATATAAGTATAGTAATAGGTATAGTGATGCTATCCTTAGTAAAAAGGT ACAGGTAGAAGAATCACTCAGTGAAACGATGCATGAGATGGCAGACATTCTGAAATGTTCACTGTGTCAGAGAAAAGCAGTGTTGTGTACCTGAGCCACAGAGATGCT GATAGCAGCTGTGATTAACGTGTCCACCCACTCACTATAAAGTTCTGTTCCAAAAACAAGTGAGCTGTCAACCTAAACATCACACGGAAGCTGTTCCGATTGCCTTCCAAGT CTCATTTTGGACAAATTTTAAAGGAAACGTCTTCACCAAAATCCAAAAATGTGCAATAAATGTAATCCATCTAAGACGGCGGCAACTGGAATCAAGA
LG4	ref-52344	42.853	Chr8	30686759	CTAGCTCAGGGTAACTTGTGCCAAAGTCATACACTGCAGAATACTTAGGACCTTCACTGCCTTCACTCCTGCACAAGAGAACATACAGTGTTTTTACTGATTTTTCTCACA GTTGTTTTGGTATCTGATGTACTTGAAGTGGGTAAGGGGAAACTCACTTGACACACGTAATGGAATATAGCTCTCTCTCTCCTTCAGCAAACTGCTGACGAGGTCTGTGCTC TGCGCTCTCTGCCAAGTTCACCAGCTCTCCCGTCTGTCCATCAAGTCCACAGTCTCTACAGAGAACAGTACTTTTTTAGATCTCCTACACAGATGAGTCTGTTATTTTC

					AAATCAACAGTTTCTGATTTTTATTGTTATTTGGAGTTGAACAAACCCCAAACCTGAATAAAACTTCAGGTTTGGGGTTGCCAGAAAGCAACCA
LG4	ref-56195	43.479			GGCGTGAAGTCGATGTCCCTGCAATAACAGA
LG4	ref-19774	43.653			GTACTCCATGTGACTCCAGTGGCTTAAACTCAATTTTATGAAGCAACGCAAGTTCTTTGTTTGGCCAAAAAATATCATCTACCAATTCTTGTACAAAAATATTGATCTGCA AAGCGTTACGAGAGCATCATGACGCACGCGTTTTGCCTTCACGCAAGAGCTGACATTTCAAGACACATGCGTTGTGTTCAGACGCGCACATCAACTCGACACACATGCG TGAGTGTTCACGAGAGCATCATGACGCATGCGTTTTGCCTTCACGCAAGAGCTGACATTGTTGCGTGAACACGCTTTGGATAATATTATTCTGTAAATAAAGTGGTAAATT ATGTTTTTTGTGCAACAAAGCACTCGCGTCGCTTCATAAAATCGAGTTTAGGCCACTGGAGTCACATGGAGTACTTTAATGATGACTTTACTACTT
LG4	ref-3418	43.786			TGACAACACACGAACTGCATGCTTTTGTAT
LG4	ref-27591_19	44.605			CAGACTGGGCCGAAGACA[A/G]TGCATTGTCTTCC
LG4	ref-6351	44.692			GCACAGCAATGAAGGGGTGACACTCTAAATGACTAGAGTGCAAAATACAGAGCAGGTTTTTGCAAATGTGTCCAGCCACAATGCAGGAAAAAATCATTTATACACGCAC GCACACACGCATGCATTTGCTCGCATTTGCGCTGAAAATAACTGCGTGCCAGTGTGAAAAAATATTACGCGCACTGGTGCAGTGACCTGATCGTTTCTCATGAATAA AACTATAATACAATTGGAACAAAAAGTACACCTCCTAAAATGCATCCACACTGAACAACAGTTATGTTTCGTA CTGCAATCGGCTGC
LG4	ref-57591_25	45.189			TTGTGGCATATGTTATTTCACTGCATTTTTTGCATGCTACAAAATTAGTAGGAATAGTATGGTAGTATGCCATTCCAAACATACTTTGTTTCCTCTCTCTTCCTCTACGACTCT CCAATTCCTATGGTTCTTTTGAAAATCCTAAGAAGAGGATTAGCCTATATGTTGTTTGTGATTGTTGTTGTTAGACCTCCAATCCACCCTTCATCCGAACACCCTGCC[A/T] CCCATCGGCACTCACATTCACCTTGCGCTTACCGGAAGTGTCTACGTGACAGTCTCTCTATTACGCGCATGAATATTAATGCACCGCCCCAGCCAGCTTTGTATCA ATGTTAACAGTGCTACATCTGAAGTCACCTCTGTGCTGAAGGCTCTATGATTAAGTAAGATCTTCATAGGCATTGCATCACATCACAGCCAG
LG4	ref-56860_1	45.495			TTTGTTAACTAACTGATCTCATTTGGGCACCTACCCTCTAACCTAACTCTAACTGATCTCATTTGGGCACCTACCCTTAACCTAAGTTCAATAATTAATGCTTT TAAACTGGGTTAAAGCCAGTTTAACTTTGGGTTGAGCAATGTTGACACTTCTAC[C/T]TGGGGATTAGCAGGTCAATCGCATGAAAACAGGTCCAGATCACATTGAAGTA TAAATATATAATTGATTTAATATAAATATTATGTATAAATTTTAGGCTTTGCCATGTGAAATTAATTTGAAATTATGAGATTCTTGTTCAAATAGGCTTTGTTTCTTTATG CGAAATATAATTTCTAATGTTTTTCATTCTGTG
LG4	ref-51124_18	45.968			GCACTAATTTAAAAATAGCTGTATGCAGCAACTATGGGGCCAGCCCTTTATGGACATTTGATATTTTGGATGCAAGATTTACTTTATGCACATTGAACAATTCACATGG CACGAACTCTTGCTACACACTGGATTTAATCAAACAGTCTTCAAACATACTGCCTGTTGCTTAAGCAGCACACC[G/T]CTCGTACACCTTGATTGCTTAATTGATTGACACA GAGACTTGAAATGTTGAAGGCCAAAAGTGTAGTTTTTGGCAGTAAAGCAACAGTAAGTAGTAAGGCAGTAAGTAATTAAGTCTCAAATGTAATAATGACATTTGGTCCTA AAAGTCTTAAAACTACTGTATTTAAAACTTAGGCCTCA
LG4	ref-29224	46.236			TTCTGTGACGACAAGCTTGCTCAAGGCCG
LG4	ref-34043_7	46.472	Chr8	12530235	TTACTAAGATTTTGAGCATCCTGATAAAGACACAGTGGGGGCCAGGCTGACATCTGCAGTAAAAGGAAAGAAGATATTTGATGACACATCGTCTTTATGGTCATCAGTCGC TGAATGTGTTTCGTTAAGGTCAGTGGTAGAGGCGGAGAGGACATGAGGCCACAGAGTTGCTCTTGTTGTTATGAACACAGACACACAGTTGCCTCT[A/G]TTCCGATACAAG TGCCAGGACATGTATTTTCATATTTGCTCTCACTGGATAACATACATGGTGTGAAAAGGGTGACATATTGTATTCCCTGATTACAGTCAAAGCTGCTTTGTGGCTGTGAGA GCATTAGCTTAGCACCGCTAAGCGTGCCGGGAGCACTGGGAATCTGAAGAGGCAGAAAGGAAGTGTACACGGAATTAATAGATCCAGCGCCCTATTTCAT
LG4	ref-58567_25	46.586			TCGTAACCTTGCAGATGTTGTTATGCTCAAACAGCAACATTACACACTAACTAAAGTTAAAAAAGTGAAATCATAATCAAGGACCCCTTTAAAAGGACAGTTCAACCAAA AATGAAAACCTACCATTTAATTCCAAATCCATATGATTCTGTGGACTACAAAAGAAGATGTTATGCTGGATGTTACATTTTTTTCTATTCAATGAAAGCGAATAGTGTGC AG[C/T]GGCTGTCAAGCTCTAAAAGTACAAAAAGCACAATAAAAGAATCATAACGGGTCCATAAGGCTCAATATTCCAAGGTCTTCTCTGAAGTAGCTTTGTGTGAGGA ACAGACCGAAATAGCTGTATTCACTGAAAAATTTCCCTTATATCGATTAAAAAATGTACATATTCAACATATCTTGATTGGTTACAAGACATGAGAGCCA
LG4	ref-62227_31	46.93			GCCTAGGCCTATTCGATTCTGGCCTTAAGTAAATGTGATTCCAGAATAGATTTTTTTATCCCTAACCTATTAATTAGCAACTATAGGCAACAAAAATTTTCATTTATGCTA TTGCATGTGAATAAATATGTGAATGGTAACCACAGGACTATGTTAAATAAATTTGTTTGTTTTTTCGTCTGTAAGTACTTTTATTATCGACATCGCGACATACTTGCAAG ACATC[A/G]TTGATATACAATAATATCGTCATATCGCCAGCCCTAGAACAGAGCTCACCAAATCAATCTTAGTACACAAAATCCTACTCATATGCTTGCATTTACATGG GTATGAATGGAAGAACAACGCTAATGTGGCTTCCCTTCAAAGCACGACTGGAAGAAAATCTGGAAGAAGGTAGACCTTAAGGAGCTGCAGCAA
LG4	ref-9453	47.386			TGAATTGAATTATAGAAGTAGATAATGTGGCATGTGTATGCAAGTTTAAACAGATGTGTTTTAGTCTAGATTTAAACTGACAGAGTGTCAAAGCAGCACTGAGATCGGA TGATCTCAACCATGATCGGATGATAAGAGCAAATCATTTGTAAGTCTAATGAGAGCAGTCTCAGTACTATGGTACGGTCTAAATCCTGACTGGAATCCTCACAGATACTA TTTCTTTCCAAGAAGGAGCGTAGTTGCGATGATACTGCCTTTTCTAGTATTTTCGACAGAAAAGG

LG4	ref-1149	53.188	Chr8	42572229	ACAGAAAAGACATTTGTTTTTCGCCGTCGAGTGGGCTGAACCTGGAGGACTGGATCCAAAAACTGTGTGAAATCGCCTTTCGGGTATTTAACTGAATTTAAATTTGTGTGATCGTCTCTTTCCAGTATTTTTCTCTGTTATAGAAATTTGTGGTGTAAACAGCTCACTTGACAACCGGATTGCAACAGTGTGCAACGGTTATATCAAAGTTTCCAGGTTTTGTCCCTGTCTTGTGTTCTCTGGCTTTGTAAACCACAGTTGCGTTTGTACTTTGAAACTCTTGTGTCCTTCTGTTACTTCTGCCTTCTATCTTTGCTGAAAGCTTGTGACGTCCTTATGCTAAATTTCTGCAGACGTGAGATTGAGATTGCA
LG4	ref-65768_29	53.445	Chr8	42612573	AATTTTCCCAGTGACTTTAAAGAGGGGATTATGACCTTTAAACTGCTCTTCAAGTCAGGCTGACATAGGAAGTGTTTTTTTTTAATGTGATCCCTGATATGACCTCTTTACCTATTTCTGTTTTCTGTGCTATTTCTGTTAAGTCCCGTCATCAAAGTGCCACCACATAATCTGGTAAATGTAAACAGGCAGCAGTATAGCATTCTCTGCGAGGTGTTTGCATTTCC[A/C]ATGGCACTAGTGGAATGGAGGAAAGATGGAAAAGAGGTCATTTTACCGGGCGATGATCCCCACATATCTGTTCAAGGTAAAGTATTTCCAAATGTAAAGAGCGCTGTTTTAAACAGAACTCTGTGAAGTAATATAGCTATAGCCTTGACTTACATGTAGGGCCACACATCTGCAGCCACAGAAGCTCTACAAGCTCTACAGATTT
LG4	ref-49302	53.739			GCGATTGATTCGAGGCTCGTGCCGTTCCCTC
LG4	ref-61218	53.984			TGCCCCGTGACGACAACATTGCTCGACAACA
LG4	ref-45389	54.183			TTTTAAGGACCGATGCCGGTGCCAATGCCTA
LG4	ref-67443	54.203	Chr8	35819380	AATTGCGCTCTCACGCTAATTTAGCAAATCTGGCCCTTATTATTTTAACTTTGACAATCCCTTTTTTCATTTTTCACTCTGAGGTGGAAACAGACCTCCATATGTGTATATTATAAGCCATATGATTATAAGCGTTTGTGTGTAAAGTTCGCTCCCATGCACAGACATAAGATGGGGTTTGCATTGTTACCTCTGTGCTCTGTCTTTTTCGAGCGGGGTGGCAA
LG4	ref-52830	54.785	Chr8	41284378	TTTGGTTAGCTGTGACAATAATAATACATCAAAGCGGAGAATCAATTCCACTACAAAGGCTTTGTAGCCTAAACCTACAAGTGGGGAGACAGCTCGAGCATTGCGTGTGTGTGGCGCACACTTTGCAAAAGCATCTGTGTGCCCTCCTGTGCGTGTGGCTTCTTTAGTATTGAGTTTGTGCATCTAATGTACTAAATGTGTTTTT
LG4	ref-52830	54.785	Chr8	41284378	TGTCCCTCAAGACAGACAGCACAGCCGTCATTTCCCTAAGAAAACCATGTTTCAAACTGCCCTGATAGGGTGTGTGAGTGTGTTTTGGGCTCGGTGCCTAGTATGGTAATTGGAGTCAAGTTCTGCTGGGGTTAAAAACAATATATGCTGCTTACACAGCTGTAGCACTTAAATGTAGCAGCCCTGTCGGTCCACAGAAACATGCCCCACCTTTTATGACTGGGTGTGTGTGTGCTGTGTGTGTGAGAGAGAGAGAGAGAGGTCTTGACTCATTGTAAATGATAGTCACCAACTCAGTAACCTAACTAATTGTGTTATGTTGTGAAATTTTAAAAGCATCTTTGTTGTTGGTTAAATGTGTGAA
LG4	ref-37325	55.125			CAACATTGCTCGACAACATTGCTCGGCAACA
LG4	ref-24182_32	55.255			TAGTGGTGGTGACACTGAAGTCAAGTGATTGTGTAGTTTTTAATTGACTAACTTTAGCTTTTTACTTCTGGTGATTGTATTTAAGCTTCAAATACATAAATATGTGTTAATTGTGAAAGATTATAAACAAAACGTGAAAGAATCATAAACTTTTGTGTGGTCAGGGAGCTTATTTCTGTCATATGCATCGATCTTGAAA[A/G]GATATGTTTTTTGAATCGTTATTTTCGGCCGATAATCGATGTAAAATGCTAAGAATCGGATTAATCGTGATTCTATAGCGATTGAGTGTCTTAAAATACATAAACATTAAATTACTACATGCGTGAATTGATGGAGACCATAGACTGCTCTCCTCTTTACCGCTCTCA
LG4	ref-3004_25	55.463			GTGCGTGTGACTCACAACACAGGGGAGTGCAGAGAATAGCTTTGACGGCTCTGATAACGGGGATCTTCTTAAGATGTAGTGCATCATCAATAGAGCGCCGGCGTTGCGAGGGGCTGTAGTCATCATAAGATTGCTTGGCGTCGCTGTTGCAGATGAGGGTTGCTGATGCACAGTCACGGGCATGATAGTCGTTG[A/G]ATTGGCTACGCTGATGGCCAACTGTGCACGTTTACACTGACTGGCTATTTTTAAAGCACTGTCCAAAGTCACTGCTCCATGCTCATGTATTTTCAATTGAAGTGCAGGATCTAAGCCAGTAACAAATCTACGAAAAATCTCACAAATTACAAAGCCGTGACGTCATACTGAGGAAA
LG4	ref-60104_2	55.653			GCTAATGCGTATTTCATATTCTTGAATAAATAAACAGGTGATTGGCTCTTTTAACTCTAAAGGTGTGGTCCAATTTACCATGCAAATTTTTGTAGGTGAAATGTGATTTCAATAGGAATTCACACAATCAGGCATTTACATGAGGGTGAAAGATTTCCCCACACAGATTTTCGACGCGGGTTCAAGTTGGTTCATGAGGATTCT[A/G]CCACATGACGAACAGAATGCTGCTTGGGTTTGAAAGTGTCTTCTGTGTGAGCTCTGCTTATTCACATAATGACAATAGACAATGGACTTTTTTGGCCTGCAAAATTGTACAGAAATGTTGCTAAAGTGGCCGCACCTACAGAAGACATATTGATCTAGCTTTACTATTTTGGCTATTTATATATGTGCAAATAGGCTGTTTCTGCCAGTCTCTGATGATACCCAATATTGC
LG4	ref-21958	56.022			ATTTTGCTCACGATAGTCATGCAGCCTGTCC
LG4	ref-9478	56.219			GTACATGTGTGATGAGTGTGCAATCACAGC
LG4	ref-5897_32	56.221			TGGTTAGATCGCTGTCAATCAAACCTCTGGCAAAGGGTCAGTTGGTCCATATAGTCTATAAAAAATACAAATTTTAGTGTAAGTAGTAACTTAGACTACACAACAAGTTTACATTTACGTTTTTCTTCTGTATTGCAGCTATCTGTGAACCTAACTACAAGTAACTTATAGGTATAATGTTACTGTTTACTAGTGCAACCTGTTCCGATTGAGCTGCTCAAAGTGG[C/T]GACAGCTGGGATGGGAGGTGATGAGTGAGGTTTACCAGCACAACTCTTACCAGCTGTGCTCCGTTACACTACCTGTATACTTATAGCCCATGTCTGAGTTTATGAAAGTACTGTAAATTGACCTTTAAAGACTCCTATTTAAGTATTCATTTTAAATTGAAATATACCTTTATGCTTTAAGTAGACTTGAATTTAACTC
LG4	ref-8666_15	56.387	Chr8	36661426	GCTGTGTAGATCACTCTGCCTGACCCTGAAGGGGCTTTAGTTTGGCTAAGCAGAGTAGACAGGAAGGCCTGCCGAGGCCTCCGGCTGGGAGCTCTAGTTTCATCTGACAGAGATGGAAAAATAGCAGAGTAAACAGTCTGGATGCCTCCAGCTTGGTAGTCATACTTTACCTGTCCAATAAATGCAGCAGTAATGTTGACAGTGATTGGGGCGAC[G/T]TGAA

					TAAATCCTTATGTTGTTTTACTAAGTAATGTATGTTATATTATGGTGAGCATATTTGTTTTGTCATATTTTAGCCACTGAATTGTGTGAGTTCACCTACTGT
LG4	ref-13517_25	56.487	Chr8	49921048	CTCTACTCGTTGGCCTAAATGGGGTTAAGAATATTGTAAAAAGAGCCATCAAAGTCTGGAATAATTGATGTTTATCAGGTTGTTATGCACTACAGAATGATGACATAGAG ACCGATATCAACAACTGCGGCCAGACAGATCAGCCTGCGTCCATTTGATGAGCTCAGAGTCTACGAGCATTTCTGTCTGGG[A/G]ATTCACCGATAATTTGAGGTGAGG ATATTTCTGATTAACTGATGAAAGGTCAGTAAAAATGCATATAAATTAATAATGACTTTGATTGCAAAATAGCAGACACAAAAATGCTTGATAAAAGGTTTTAAGAACTTA AGTTAATCTTGCTCATCTAAGGTAGCCTTGCTTTTTATTT
LG4	ref-54796	56.52			GATGATTTACCAGCATTAGGGATGTGACAGTGAGGAAATTTACCACCGGTTAACCGACGTGTGACAACACAGATAATACACCACAGGTGGGTGGGGGTTCCCTCTTTTG CGCTCGCTTTAAATGGCTAATTCAAAAGCGAATGTATAATGTGCACAGCCATTCAACAGTGTGGAGCAGAGCAAGCGTTTTCAAATAATTCCTGTGGAAGTTGAGCAT CAATAGGAATGAACTGAAAACTCCGGCCAGTGAACACGCAGTTATGAATGCCTGTGCGTTATGAATTTTACTTTTCGCTTTCAAATTAGCACCAATTCAGGGGCAATAAT TGCTTTAATGGTGAGTTCATTATTATTCTTAATGAA
LG4	ref-39126_6	56.774			TAGCCCTGGCTGCATCTAAAAAGGTGCGCCAGGGAATTGGCCGCAATATGGACAGCCTTGTGGTCTGCTTCGTCACCTGTGGCTGACGCTTACTGAGATGCAAAACGTA AGAAGAGGCAGCTCCTCGACACCCCGGTGAGCCACAGGGTCTCTTTGGAGTGGCAGTGGAGGCTTTTCTGAGAAGTATACAGAAGCACTAAA[A/G]CAGTCGAAGATG CTGCCAGGTCAAGTTCAGATCGTCATCAGCTCAGTGATTGGCCGGATATGCTTGTCTCGCTCCACCCGTGAGCGCGAGCCTGAGCCGCCGTTTCATCAGACACCACAGCA GGTATGGCCTGCGGAGAAAAAGAGCAGCATTCTGTATGTTCTGTGCCAGGAGGAAAAGGGCACGGTCCATGCACGACAACGGGCCAGCGGCCAAAAGAGCACG
LG4	ref-10997_7	57.09			ACCGAGAGTCAAGGGAGCTGAGCAACATCGCTGGTGCAGGAGACCAGGCGACGTCGTGGCGACGAGCATCGTAGCCAGAGTATCTGAGGACAGGGACGACGCTGGTGAG ACAGGACAGAGGTGACCCCGGAGGGAGGAAGGAGCCCACTGTAGCCGTAGGGGAGGAGGGACAGATC[A/C]CAGCATAGGGCTCGGATGTCCGTGGTGTAGGCAGAGCG ACGACAGACCAAGGGGGAGCCGGCGGGACGAGGGTCTCTGGAGGAGCCAGAGTGGAGCTGTCAGGTGATGGGCCGAGATGGAACGAAGGGGTCTGAGGCCGGAGGCG GAGCCGCTGGATCCTCCTTGACAGGTGCTGCTGGAGGTTGCTCGACC
LG4	ref-13293	57.514			ACATTTTCATTGGCCATGTCAATCATAGTAACGATTACCTACACCCAACCCAGATCCCTAAACCTACTCTTCACTGTAACCTGTAACCTGTAAGCAGGGTGGGGATTTCCGCT GAACCTTTTGGAAAAAACATCACGCTTAGCAACATGTTAAATCACAACTTGCTAAAACATTTTAGCAATGTGCTCGAACAAAGACGGGAATACACTACATGACTTTTA AAATCGGAACGGATTTTAAACAGCAGGCATCATACACTTGCCGCCTTTGTAAATGGTTACAGAGAAAAGCTGGGCATCATACACTACACGACAGAGGATCACACACTAT CAGACTTTAAAAATCACAAAAACAAACAGAAAACATG
LG4	ref-22377	57.856			TGGTGGAACCTTGGGCAGATATCTGGGTGCGGTCTCAGGACAACGTGAGAGTAGACCAGCTTGAATTCAGGTATGATTTGTGACCCGAAATGTCTGCAGGTCCCCAC CATCTTGACTGAAGCCAGTGCAGTCAGGAGCACAGGTTTATAGAGACAGGATTTTGAAGTCAACTGACTGCAGAGGTTTGAAGGGTTCTCCTTGTAAAGGCTGAAGAGCCA ATGAGATATCCTAAGAGGACACGAGATCCTCTCGCACCCCTAAGGAACCTGATGATCAGGTGATGCTTCCCTGGTGACTTAGAGTCTACTGCATCGTGATGTCAGCGATA GCTCAACATACAGTTTCAGGGTGAGGGAAACAGCC
LG4	ref-18811	58.694	Chr8	38016358	TGCGTGAGGTCAGTAGAAGATGGTATTTAGCAGTGTATATATTGCACCGTGATTTGTGTCCTTACATACACATGCACTCCTTTGTCCCAGCTGTCCGAGGTGCTGGTTGAA ATGGGCAGTAACCTGATGCAGGTAGATGATCAGATCCTGGCCCGGGCCAGAGAGAGGAAAGAGCCTGCAGTTCAGTTGTCCACACTCTGGAGACTCTCGCTGGCCTCA GCTGCACTCTCACGCACAGGACCTTTCCAAAGTATGTTTTTAATCATGTGTCAGCTTCATATTACTATTTCAACTAAACTTGTTCTTTTGAACCTTCTGTAAATCAAAGAAT CCTAAAAAAAACATCATAGTTTCCACAAAAATAC
LG4	ref-37523	59.192			AGAAAGTTGGCGACTTCTGTGCATGCGCTGA
LG4	ref-65165_10	59.466			ACTCAGTAA[C/T]CGATAAACATGCGCTGTTTGAT
LG4	ref-19121_24	60.609			GCTTCCTCGTCGATGGTAGTGCC[C/T]GCACTCAG
LG4	ref-51506	62.958	Chr5	29658437	AAACTCAGGACTTCTAAATCAATTCTTTCCAAAAATATATACAAAGTGATGAGACTGCAGACATTTGACTGTCCTCAGCGTGTGCTGAAGATGCGTCGTCATCTCTCGCTT ATTAGTGACTGAAGTTCAGTGTGATGTAAAATTGAATTTGCTATTGTTTCAGTCACTGTGAAGATGGAGCGATTGTGTCGTGTTCTGCATCTGTGTGTGTGTGTGTGTG CGCGTGTTTTTGTGACATATCAGGACACAAATTTGTATAATGACATGGGTATGACATAGGTATTACAAGGAGAGGGTGACTTATGAGGACATTACCCCATGTCCCATTTT TCAGTTCACAAAAACAAATATGTGTGTGTGTGTG
LG4	ref-47792	63.313	Chr8	53796051	ATCAATGTTAGTGTGCATATGCACTCAACTCACACTTCAGATGTGGTTCTCCATTAATAAGAGCTTAATAGCATCGATCTGAGATAAGAAATGATGTTCTGGATGTTCTC TGTGTTACAGTATGTCTGAAATGTCAAACCAATCAGTCACACACATGCAACATCATACACATACTGCAGACACTTCGATAAAGCACCAAATAAAACCTCTAAAGATACT ACTGTACCATTCTCTGCTAACACAACATCTGGATGCTCCAAATCATGTAGTCTCTGAAACAGAAGAAACACCCATCATGCTTAGTGTGCTTCAGATTTCATATCCAAGCAA TATCCAATTCATATCATATATCCTTGATCAGCAACA

LG4	ref-54308	64.094	TCACAATATTTTTGTTTCAAATATTACTTTTCCATTATTTTTCAATGTAAATGCACTAGACAGACGTCATTAACCATTTGCGCTCGCGTCTTTTGCAGCTTCCCACACATGAAACCGCATTCTAAAAACATGCTCAAATTAATTAAGTTCAGTTTTTAAAAAATGCGTCTCTAGACCTTGCGCTTCTTTCGTTCTACTGACCTGTGTCTTTGCGCTTTTAACAGCAAAAAGGCGTTCTGTGTGAACCAGCCGTTGAACAAAATGTTGGGTTTGAATGAATGATTCAATGACTCTCATGAATATTAACCTTGTTTAATTACTGGATGAATCAGTGAAATGATTCAATGACATACTTTTTTTTTAACTGT
LG4	ref-46448	64.366	AAAGTTATTGCTGCGTTCACCCTCATCACCCTAGTTGTTTTCTACCAGGTGACAGAAAACCTTACTAAAGCATGGCACATCTCCATGAATGAAAATGAGAAATGTAGATCTTCTTTAAAGTAAATTATACTGCACAAATGTAGAGCGCAAAATAGTGTTTAAACATTACATGTTGAAAAAAAAGTGTAACAAAAAATTTACTCCTGATGTGTTTGCATCTCTAAACTGAAACAACATGTGGAGTTATTTACTAAATAATGACCCAGCAGCTGATTGTGACATAACATTTATTAGCATTACAGTAAAGGCATTGTGCTTTTTGATGCAAGTTTGAATTATAGATTTCATGTGCTGTTATTTTTAATAAATAGAAAACAAACAAACAAAAAAGGAATGATTTAATATGGGACAGATTAACATACAT
LG4	ref-14106_28	65.499	CATGCATAATATCCCTTACAGCAGATCTAGACAGGTGGTGCTGGGGGAGGTGGAGGGGTTAGAGGAACCTCTGATAACATGCTTCAGGCCTGGCTTACAGCGAACACTAAAGCAGACTCTTTAAATGTTGAGCAAGCAAGCTGCAGATACAAGATACGTGATTGAAATGTAATCGGCCAGCAGTCACATCGTACAA[G/T]GACATATCAGTATGCACCCGACTGAACTGACTGAGCACATTAGATGACAGAATGATTATATTTGGGCGCTTTTACTGATCAGATGGCTACACGATTTGCTAAAACCTGTTCTATTTACACTTGGCAACAAATGTGTCTCTGCAAAACCCGATCTTCAATTCCCACGCTATAGGC
LG4	ref-18379_9	65.815	ATAATGAGTTAAATAGCTGTTTCTGCATGTACAGTATTATTTTGATATATTGATGATAACGTACATATTATGTTTTGTGTTTAATTAACAAAAACATTTGCTTGACAATTGATATTGACAAAAACAGTTAATAATTAAGCTGTATCCATATACGTATGGATCCAGCACAGCTGACTATATTCTACATCAATAGAACGCAATTATG[G/T]CGAGTGCTGTGCAGCAGGTATACGAACATTTCTTATGTAGAATTGTTTTGGCGATTGTTGCGAGTTGGTTGCAGTTGTTAACCCTAACCGTGATAGGCAACATGTGTTTGGAGCAGTTAGCGATCTATGGTTGTTAACCCTAACCGTGATAGGCAACATCATGACTATGATGAGAAAAACAGGTATGCTTGAGCAGTCTGTGCATATTAGGGTAGGATCTTGT
LG4	ref-42337_32	66.202	TAAAAATGCGAATGGATGAGCTTGAGAAAAATTAATAAGGAGTTAATGAACAAAGTGATGGACCTGGACATCAGATAACATCAGACTATTAATCTAAAAGAAGCTACCGAAGGAAAGTGACCCGATTGTGTTCTTGAAGAATTCATTCCCAAATTGTTAAACTACCGATCACCTCAGTAGCCCATCGGGGCTTTGGAGTACCTGGAGATCGACGTCCATGCCAGTATTC[A/T]TCAAATTACAACGCTCGAGAGATGTCAGGATGATACTGTGCGCGCCAAACGACACAGGAATATATCGTACGAGGGCACTAACCTTCAGATTGTTCCGATATTCACCAAGTGTTGCAATGGCCAGGAGAGCGTTTAACACTGTGTGCACAGATCTTATTGGGAGGAACATACGCTTCAGATGGCATATCCAGCAGTT
LG4	ref-59579_27	66.927	CCAAAGAATTCGAGAGGCTTGCTGCC[A/G]TCGCC
LG4	ref-26904	67.223	TGCTTACACCCAGGGCATCCAAGATGTAGGTGACTTTGTTTTCTTCAGTAGAACACAAATGATGATTTTAACTCCAACCGTTGCAGTCTGTGAGTCGTATAATGCATGTCAATGGTAACAAAACTATGAGAGTAAAAAAACATGCACAGACAAATCCAAATTAACCCCTGCGGCTCGTGACGACACATTGATGTCCTAAGACACAAAAACAATCGGTTTGCGCCAACTACGCCAGAGCGGTTACACCTCACACACCAGATGCCGTGCGCGCACTTAAGACAGTTGGACATAGTGGTGATCATCAAGAGTGACAATGAGTGACGTATACGTGCGAGAGATCACTTCCGGCGCTTGCGCAAACTACGCCAGAGCGGTTACACCTCACACACCAGATGCTGTGAACGCTCAAGACAGTTGGACATAGTG
LG4	ref-50051	68.461	CAAAACATAATGGAAGACATATCAGAGTTCAAAAAGAGGACAAATTATTGGTACGTGTCTCACTGGCGCATCTGTGACCAAGAGCCCTATACCATGAAGCCGGTTTATGTGGCTAGCCAGGTATGTTTCAGTTTAGTTTGTGGCAACCTGGGTTTTAGGCACCATGAAAGTGCTTTTAGCGGTGATCATAGCTAGAGTAACTTACACACCACGATTAACCTGCTCAGGGGCAAGATATGTTCTGTGTAAGAGATCTCTAACTGAAATTGGACCAATCAGCTGTGAGCAAAGTGACATGCTATAATCAACTATATAAACTAACTTCACAACTTTCATTCCACTGATGTAGCAAGATATTTCTTCTTGCTGTGTAATGCATTTATGTACTTCATATTCTTCAATCTCTTAATCTTCAGAAGAAGAGAAAT
LG4	ref-33037_28	68.78	TTGAGGAACACGAGAGAGCTGCCAGAA[A/T]CATT
LG4	ref-52303	69.506	CACAGAAGAACGACTGGGGTGCTCTCGCGGC
LG4	ref-47851	70.317	CTTTCAATTTCGATTTAACTGCAATTGGCGA
LG4	ref-18482_1	70.922	TTTCAGGAAGTGCATAAGGAGCTTGTAAGCCGTGGAAGGCAACTTTTACTGCCAGGGCCCATTTATGAGCTCTTCCACCCTCTTACCCTTGACGGTGGGGCGGCCAGGGGATATACATTGGTTCCACAG[C/G]TGGAGCATGCGATTGCAATGCATTTATACCTGCAGAATGCCACCACCTGGTGGAATTGTCCCAGGTCTTTGTCCAGGGCCTGTAAATTCACTTCGGGCCCTATCATACACCCGGCGCAACGCA
LG4	ref-61897	71.102	CGAAAAGTGACGAATTGCTTGCTTGAACCAG
LG4	ref-22870	72.891	CCAGCATACACGACTTTCATGCTGAAACCTT
LG4	ref-28714_16	75.993	GTTTTTGCCAAAAAGAGAAAAAAGACAGAAAATATGAGCTGAAAATATATGCCACCCGTATACATGTTCAGAGTGTTAGAGCTCAGGATTCCTCTCACACAGCATGTTTGTAACTTTGCGAGCGGCTCCGCTTCAGAAGATGCACAACTCTGGACGAGCAGGTGCGTCTGTACCGCACT[G/T]CGTTTCGCTCCACTCGTGTGCCACTCACGCTCACAAGAAAAGCAAAGTCCGCTCAAATAACGTGCCACATGACATTTCTCTTTAGCAGACTGTTTCTGTTTGAGAAAATGTTTCTGTTCTGTTAGCTGGTAAAATAACGCTGCCCTCTTGTTCACTCGTTCTGCTCACATGCTCTGACAGGACTA

[illegible]

[illegible]

LG5	ref-40855	21.114	Chr19	45576389	CGTCTGGATTGAAAAAGAAGATGAATTTGTAATGGCCTGTCAGTGAAGGGAAAAAATCTAATCAGCATAAGCTGTCACTGCTAGGAGCTAGCTCTCTGCCCTATTTATA TTCATGCCTCATTTGATTGGCATCACCTCCTCTGGTATGCCCATCATTTTCTACCATGTTGCATTGCCACGTTCTTTCAGCCATGTTGACGCGCCACC GAAGGACACGCAT ACCTGTCTTTCAACTGCTAATCGTCAAAATTTACAGAGCTGTTTCCCTAAAAC TGATAAAAGAATAAATGACAAGAAATACCTTGACACCATTGACTCTGTTTAGTCCATG TTTGAATAGGCTGACATTTTTAAAGGATGGGTAATTCATGTACGGCTCGAAAATACCTTTTAACATTAAATTTAAGTATATGTCAAAACAGTGGAA
LG5	ref-38844	23.655			GACGCGACATGCTAGTGGATGAGTTGAATCAACTCCACAGCAACTACATAAATTTATCCACTAACCATTAGAAAACGCTCAAAAGTTGTAACCTTCTTCCTGAGTCTCTCCAT CAGTGTGCGACTCCGGTTTGAACAATGTAAGGCTGAACACCGTTACTGACAACCCCTCATTTTCGCTGTGTGAGATTCTCCAGCTTTGTTGTTGAGCAACCGAAGCATGAGCTG TTCTGGAAAGGGTAGCTCATTTGCATTTAAAGGGACACACAAAATGGTTTTTGCTCACACCCAAAATAGGGGCAAATTTGACAAGCTATAATAAATGATCTGTGGGGTAT TTTGAGCTGAAACTTCACAGAAACATTCTGGGGACACCAGAGACTTATATTACATCTTGTGATGTATAGGCATTATAGGTCCCCTTTAAGCAATAC
LG5	ref-11524	24.978			TAATCAGTACATTTGTTCCAGTATTTATTTATCTTTTCAATAAAAAATACAACGTTCATTGTTAGTTTCATGTTAGCTCAGGTCCATTAATGGATCCAACCTTTTGATTTTAATA ATGTGTTTCATAATACGGAGCCCTGCACATGACATACGAACAGATATAGCTGCAGTTTTGTGCGCTGCACTTTTATCGCTCAAACTCTTCAAAGCAGGATGTGTTCTGATTGG CTGTCAATGTTTTATCGGGAACGAATTAGTAAAAATGTGCTGACATATTAGTAAAGTCGTGGGAACGATTTGTTATTTTCGTAGGCCATGATTTTCCGCATGTGGGCTCAGTAT TGGCCGGCTCTTGCATCAGCATCATACGCAT
LG5	ref-104	25.105			GCTGACGGAGAGCTGCGTCACTCGAGGCCGCTTCTCAAGCTCCTGTAGTGCTCGGATCAGATCTGCCGTCTGGGACACGCAAAACAAGTCCTGACACGGCTGACGTATA GCTAAATATGTGCATGATGTAAGGCTGTTCTTTTCATACCTGTGGAGGCTCACCAGGGGAGCTTTGGGAGGCGAAATCATCGTTGTTACCTTGATTTCTTCATAAGGCCTTT TCTTGGCCTTCTTTTCTACCTCTGTAGGTCATGAGGAGACGTTCTACATGTGAAGGACTTTTCTACTATCAGCAAAACACTTATCAAAACAGAATACTGAGTCTTTCTGAACG ACTATATAATATTTCCAGTAACTTTCTCAGTCAGT
LG5	ref-39603_4	26.2			TGC[A/G]TCGAAGCGACGCATGTGCGTTCCAATTT
LG5	ref-65446_7	27.779			TGTATAAATGTACTAGTCAGGAGTTGTTTGGGGCTGCTGACCCCCACGCCACAGTGTGACCTATATACAGGCCTGGTTTCTGCTCTCTACAGAGCATTGAGAGTGGACCAC CTGCTCCATTTTGTCTCTATTTCTTTTAAGGACATAAATTGTTTGCAATACCACCCAACTTTT[A/C]CCAGCAGGGTCATCGGGGTCAAGCTTATTGAGGACAGCTGTGTGT TTCTAGGTCAGGGTCCAAGTAGAGCAGGGAAGTATAAGTCTGTTTATGCACTTAACCTCATTACCTTAGGTGCGCTATGACGCTTCCGAGGTCTCTCAACCAAAACAC ACATGGCTGAACCTCGTGCAGTGCAGTTTCATGTTCAATC
LG5	ref-61907	30.159			GATTCAGTTGCGAATGCAGTGCATTTGCAGA
LG5	ref-46638	32.91			GTGTGCTGAGAGAAGAGTTTTCCTGCTGTCAAAGCAAGTCACGTGAGACCCGGTCTGAACTTCAGACAAACTTGGATAGGGAAAGCATGCGCACAGCAGATGCCACAGAA CAGCGGAATGGAAAGTGTCTCACCTCTAATAGTCGAAACTTATTAGTTTCTATTTCAGACGTTTCCTTTGCACAACAGTTGCATGCGGTGAGAATATTCCTACAACCTGTGAC TGTATTCACTTTTATGCGCTGTTTGAATAAAGCCACACTTCACATTCAACACAAGTTCAAGCACAGATTGAATCCAGTCAGAAACAATGAGAGTCGCGCGGCTGCTATAT TCACACGCATGCGCAGGACCGCTCGTGCAGGGAGTG
LG5	ref-50375	33.423			TGATGGTAAACATTACAAGTAACTTAAGTTACAGATCACTTTTTCAAGTAACCAGTAAAGTAATGCATTACTTTTTAAATTTACAACAAAATATCTGTTACTTTTTCAA ATAAGTAACACAAGTAACTTTTTACATTTATTGACTGACAGCTCTCCTGTCCCCATGTTGAGAAGTGACAGAGGTGTTGTGTGCGCTGTGTGAACATGATGGTCATTGTAGT TCTAGACTAAATGTGAGCATAAATTTACTCAAAACATTCAAAAACAGTGAAATGCAATCTCAGAAATTTATGCAAACCTGTAATAATTAAGTATTAAATTATTAATTA CACAAATATGATCTAATTCAACCATACTAATTAT
LG5	ref-71189	36.306			AAGGGTTATGCGAGGGCGATGCGGTTCTAAA
LG5	ref-3427	37.695			CGAAATAATACGAGTCTGCTGCTAATCTACG
LG5	ref-29234	39.42			TGGGATGTAACTTTTAAACAGCTGTATGTGTATGTAACCTCCTTATTATTATGTTTAAACGTTAAATTGCAGATAACTCAATGATTACTTCAGGACACTCCCACAAGCTGT GATGGTCCTTGAATGTCTTCTCACCCAAACCAAGAAAATGTTTGTATTTCATATAGCCAAATTTAGAAAGTCTCTTGATAATTTTAGGAGTCTCTTCGATAATTTGCCCCA ATTGGATGGAGCTGTAAACCAGTGTGCATGAGGTGATGACCAATGATGGGTAAAGATTTCCGGTGGCCAGTGAGGACAACCTAAGGCAGGGCTTCACCGCCACTGGGCA CCTGCCCCAAAAGGGAAGGGAGGTGTAAAAAAGCTCTGTGAAAAGGGAGTGGATGTGTGCTTCTT
LG5	ref-12780	39.9			GACCCCAAATAACATGATATTTAACCCTGGAATGCGAATTTTACCAGGGGAACCCACCAAAAATGTGAATTTTACTCCCCGAACACGATTTTACCATAATACCTTAA TTGGGATAGTTTGGGATAGTTTGTAGTAGCAATTGGGTGGGTTTTGTTGTGAAAACCTGGCAACCTGCACTCAACTCGTATTTACTTGCACTGACTTGTGCTGCTGGTAT GTTGTTTAAATATAGATTTGTGTGTATGATTAAACATGATTCCTTTCTGCCAGTGTAACCTATTAAACATATTTACAAATATTCACAAATTTGAAGCTACACTGCATATATT AAAAAAGGGGCTTTTAATGCATTAGTCATAAAT

LG5	ref-1292	40.001			GGGCGGCTCCCAACGCCAACATAAAACCGAAACAAGACAGCCAGGAGGGTGGTGTAGCGGAGGTGGTCTTGGGGGAGGGATGGTGGGCCAGGCCCGTGCAGGGGAAC AGGACAAGGACCTGGGCGTGGCAGAGGCAGGCATGGGCCATGGGGCATGGGTGGACTTGGCAGGCTAGGCCACCTCCAGGGCGGTACTGGCAGTTCAGGGAACGAAGGT GGCGCCGGCAGCTCAGGGGGCCATGGAGGGGCAGGCAAGGGACCATGAGGGTGCAGGCAGTTCAAGGGACTGGAGGCTGAAGCCAATGTGTGTGCAGCCCACACACATA AAATGGCCGTTGCCATAATGACAGCATTTCAGTAGACTCTGGTGTGGTAGTCATCTTGGCTGAGGGCTCAGGCGTGGCGGCCCTGGCATGGCAGATTTGACGTG
LG5	ref-18045_30	40.838			CTTTATATATAATGGCTATTGACAGACACTGAGGAAGCATGCAAGCTTTTAAAAAAAAAACATTATTCATTCTCTTAGTTTGAATGGGTTATCAAAGCCTTGTTAAAAAA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTATTTGGACACTTAAGTCACACTTAAATCAAACCAAATGGCATTTCACAAAATATCGAGTTTTT[A/G]CTCTCATTTTGAACAGCATT TATTTGTATTATTTACCATAAATGTCATTTTGTAAAATGTTTTACTTGGAAATATATTTCTTTAAAAATAAATGCCATTGGTTTGACAAATTGTACGTTTCATTTTAAGAGTG GCTTAAGCGTGTGAGTATTTTATGGAGCCATTTA
LG5	ref-62518	41.218			ATGTGCTCAACGATTGGCATGCGGGCTCCGT
LG5	ref-10740_24	41.622			GCGAAGCTCTCGACCGCGTTGCT[A/G]AATAGGCC
LG5	ref-10740_18	43.329			GGGTCTGAGCGGGCTGGGTGCCGCTCCCCAACCGGCTCCCTGCTGTCTGGTGGGTGGAGGCTGCTGCTTCGCAGACTTAGCAGGGGCGGAGGACGACGCAGGCAGCACC CTCGGCGACGGGTGGAGGCAGCAGCGGACCGCCGGGGCAAGGTGTGTTGATAGCCTCAGGCTGCTTCTGTGCGGCCGAGAACTGCTGGGCGAAGCTCTCGACCGCG[A/ G]TGCTAAATAGGCTGACCTGAGACACAGGGGAGTTCAGAACTGATACTTATCGGTCTCCCTCATGTCCGCCAGGGTCAGCCAGAGGTGGCGCTGCTGGACTACAAGCGT AGCCATCGCTTGACCAACAGAGCGAGCCGTCACCTTAGTCGCCCAGAGGGCGAGGTGGTGGCAGCGCGCAGCTCCCCCAGCAGCTGTGGTCAAGACCACCC
LG5	ref-68935	43.363			CCAGAATAGTCGATGGGAATGCATCTCTATC
LG5	ref-72037_8	44.572			GAAAGCG[A/C]CCCGACCAGCGTGCTCAGCAATCG
LG5	ref-33374	45.798			ATATAAGGATCGAATCCTATGCAGCAGACCC
LG5	ref-835	46.098	Chr19	6166750	ATAAACTTGATGAAGCATATTAATCTCTATTTAATTATAGATATTTAGTGCTGTTTTACATTCTAATTTACAAACAAGACCAGATTCTGCATTAAAAAAAAGTATGTAA CAAAAAATACATAATTTTCAACATATTGACAACATGAGCATCTAAAATTTCAAAACCATATCTATATCGTACACCACTTTGCTTGTAATAATCAATCACGAAAGAAGTGA CAAAAAACCAAGCGTTGTGTTAGGTCTTTAATTTTTTCAATAATCTCTTGTTAGAAATATTGCACATGGTCAACATGCCTGTTGATGAGTTAACACTCACCTTTCTATTCTA AAACTCCTTCTCCAAGTAAAGACAGTTTATTGGATACACAATCATAAGGTGTACACGCATACATGTGCAGGTATGTGTATGTGTGTGTGTGTG
LG5	ref-14244	46.263			AGCTTACTTACGATCTACATGCGAGCAGCAG
LG5	ref-54647	46.745			GGAATACAGTCGATGGGAATGCATCTCTATC
LG5	ref-37807	47.183			ACACCAACGCCGACTGTACTGTCTCAAGATGC
LG5	ref-24339	47.486			CCCCAAACACCGATCGAGTTGCGTAATGCGC
LG5	ref-17847	48.31			AAAGTGGGACCGAATTTGTGCTAATTGTCA
LG5	ref-1026	48.637			TGTTTCTTACCGAGTACGTTGCTGTGGAA
LG5	ref-845	48.954			GTCAGAACACGACATCATTGCATGGCATCA
LG5	ref-3199	49.623			GGAGACAGATGAGTGGCGGAAAACTAAACAAAGGAACATGTGACAGGTACAAACAACTGAAAGTCCAATCAAAGTAACTAAACAGTAATGAACATGACAGTTCTTC TGGGCTTTGGAGGAGGATGAGGTGATGGAGAAGGGATGGTGAGAGGTAGACAAGGAGGGATGATTGCAGGATGTGGTGAAAGGATGGTGATGGTGGGACGACGATCCCC TAGCAGCGATGATGGTGACTGGCCGATGAAACAGACCCAGAGCTCCCCAGTGCCAACAGCCCAAGGCGGAGACGAGGGAGGGAGGAGTCCAGGTGGTGACGAGGCTGAC AACAGCTGGGGGACAACCTACGGAGACAGAGACAGAGCCGGAGGATCCGCAGGTGCAGACTGAGGGTCGAGGGAGCTAAGAGACATCGCTGGTGCAGGAGACCC
LG5	ref-47918_23	50.228	Chr19	9767003	AAACACATTTATTTAAATGAAGTGAGACTACTCTCACTACTCTGTCAAACCTCAAAGTGAGTCAGTGCAGCACATATGTAACGCTGGTACACTAAACACGGGAAATTCAA TAGCATGATTAACGGTCATAATCTAGCAAAATTTCTCCCTGATCACATCATTGCTAAAAATCTTTATCGTGGAATCTGAAATTCATTGAACACTGGTCGATGCATTTGC[G /T]TCCTCTATAATGCACAGTAAAGTGATTTTAGATGAATGAGTGACATTTATCTGAAGAGCTTGTTCTTTAAATGTTTTGGTAGTAACTAGCGATTTTATTCTTGGCATAA GCTTTATTAGCTAAGCACTTCCTATAAATATATATATTTTAAATTAATCTTCTAATTAGATGTTTAAAGTGTTTTGGATAAATGGTAGTAGTGATCTGA
LG5	ref-42661	51.429			ATAAATACGTAATGTAAAACTAGTATTGGATAGATATATAAATATTGCCTACAACCTTATCAAGTTTCAGAAAGTGATTCTATCAGAGACTTGTGACAACAGTTAAAGTTCC CCTATTATGCTTCTTCAGATATTACCTTTCATGTAGTGTTGTGTAAGTGTAAATGTAACTGTCAGCAAAATTTTCAGAGATCGAATTGCAAAATAATTAGATGTTATTGCCA CCTGCACTTTATGCTGATCATCTGCTTAGCAGCTGGTAAAATTATGTCTTCATCTATAGCATTAGTCTTTCCAGATGTATCAGTCTTGATACATTATATGATGCGGTCACCTGA CTTGAGAGATTTACAAGATTATTTACGTCCTTTTATAAGGCTCTTATTATATTTACAAATAATTTGCAAAATATTTTGATACAAAATTACAATA

[illegible]

LG5	ref-60340	60.124	Chr19	42799021	ATGTTTTCTTGTGTAGGCCTCTGCCTCCTCTGATGGAATGCTGATGCTGGACTTGGTGAATGAGGAAGATGCTGGTATGCTCGATGACGATCAGGATGAGTGGTTGAAGG ACCATCGGGTCAACTTGGATAAACTGGCTCCTGGCCGTCGCCGCGTGGCACCGATGCATCCAGGCCGCCGTCTCCATTACAGAGGCCAAGGTGAAAACCAGCAGCTTG CCACGCAGGACAGAGTTCTCCTGGAGCCATGAAAACCAGCCTCAGACACCTCAAAGTGAGAAGAAGTTAGCTCAGGGCCGTAACCGATGTGCTTCAATGGATGACGCTCT GTCTCGAGGAGAGCGAAAACTAACTAGGAGGAATGGGCACCAGGCGACGCTGGCCCAGAGTCCCACGGGCCACCTGCAGGATCTGATCACCAGCGGGCTG
LG5	ref-12650	60.458			GCGTGAAGAAGTGTCCGCTTTGCAATCTTCTAACGCTTCCGTAAGTCTTCTTATGCATCTTATCTACTCTGTGGAATTAAGTTGACTAGAAAGCCTAGTTGTGTGTGCAGA AATGCGCAGGGAGAATAATAACGGAATGGCATTGTGTCTTCTGTATATCTTACATAACCGTGAATGTTATACCAGTCTGCCTGAACCTCAAAACGGTGATTCCCATGCAG GTGCACGTGTAATCCCGCAGGATTCAGGGGATATATGGAAATATTTCATTGTCTTAAACATACAAACCTACTGAAATGATGTAATAATTGTCAGTTTGTGGATTGTTAT TAATGATAATGTAATGTGCATACAACATAGGCTACACATTGTTCATGTGAGATAAAAGAAAAATATATTGTATAGTATAGTATGTGAGATTACT
LG5	ref-47412	61.13			AAAACGCATTTCGACCAGATTGCAAAATTGCAT
LG5	ref-35811	61.983			ATATGACTTGTTTTATCCCGGAAGAAAACTTAAGACTACAATGGACAGGGAGTTCAGAAACAGTGCACACTGATATAGAGAATAACTCTCTTTGGAGTGACTTTGTGCTTT GTATTTTGTCTTCGTGATCAATCAGCAACATTACACACTAAAAAACACACTTTTTTTGTGTGTGTAAGGACATAATAGGTCTTTTTAAAGAACAGACGACATAACTGCA GCATATAGGCCATAATAACAGAACATTATCATGTGTGGTGTGGATGTATGTATAGTTATCGTTCTTGGTGTTAAAGGACCTCATGCTGTTCAAACCCATATGTATATCTT TTTTCTGTTGAACACAGAAGTAGATATTTTGAAAAATCAATTACAATGGGGACTGATGCCTTCAAGCTTCAAAAAGGACACAAAAGCACTATAAAAG
LG5	ref-23770_9	62.35	Chr19	7546617	CACATGCTGTAATTGTTGGAATTGTTAATGAAGGGATCACAAGCCTTCATTCATAGACTGAAGGCCTCAATCACAATATCTGCTTGATATGTGTTTCGGTTCTGAGGTTTC CAGCACAGCCCGTCTGCTTAACATGTAAATTAATTCCTAGACATGTGTTGAAGATCTGTGCGGAGCGGAGCCTGTTACACTTGTTCTCCAACAC[A/T]ACGATTCACCTG CTGGAATTTAGCTCCATGCCCTCCGCTTCTCTCGCGTTTGATGGACAGCACACATTCACCTAGAACGAGAACAGAATCAGACTTTTAACACTTCAGCTTTCTGTCAAAG GTTGTTGTCATTATGTGATTAGTGTACCTTTTCGTGTCAAGCATGTTTGATAGTTTGTGAAAGCACTTCTGGTTTATCTCCCTATCGCTCAACAACA
LG5	ref-49332	62.974			CATCTGCTCTCGATGATCTTGCAGTTTGAAA
LG5	ref-24311	63.909			AAGTCCATAGAATAAAACAGTCTCTTCTTCATGTAATGAATTAATAAATAACAAGTTTTCTTTTCGCTGTTTGATATTTGCATTCAAAAATCGTTTCATTGCACTTACAATC TTGTGGACTTACTGTACAATAGTGCATGTGATCGTGAGATCACGAGACCGTAGGGTGCTCTAATTATTAATTAAGGTTTCAGAAGAGTGAATGCGAGCGACCCCTTTGCGG TTGATACACACCCCTCGATGCGTACTTTTTCTGAGCACTCACTGAAGTGAGCTCCATAGCAGACTTCTACCATCAGACAAAGCAGCATTACGTCACGAAACTGCAGACTC GTGGGAAGGCCCGAGTGTTTAGGTGAGTCCCGTTTGGGACAGGGCCCAGGTACTACATTTGGTTAAGAACTTATTTTGAGAACTAATGTTCTAT
LG5	ref-1038_30	64.458	Chr19	21786071	CGCGTTTTATTTTCTTCTTTCGAGCGTGTGTTGTGTGCGCTTGTTGTTTTTTTTTTTTTCAATCTGAATATGGTCTCAAAATGTGAATCTAAAAGGAATACAATTTAATAGTCAC GCTTACATTTAGAAAAGAGACAGTTATCGAAGATGTAAGGTTAAATGAAGGAAAAGTAAATGCAGCAAAAATATCGCAAAACA[A/T]CTCAGGGCACTCAGTGTTCGCG CCCCGGCTATCCAGAGGACGGAGTTGCGTGGAATGGATGCAAACCGAGCGTGTCTCTATCTGCGTGGGAGGTTGTGAAAACACAAAACAAATGAAACCTGGAGCAGCG GAGAGATACCGCATTATCGCCGAGTCTCCCTGGCTCC
LG5	ref-1038_32	64.473			AGGTGGTTTGCGATATTTTGCTGCATTTAC[C/T]
LG5	ref-23081_9	65.37			GGGGCAGACCGAGGGGAAACAGGGAGGGTGGAGAAGAACAATCGACTGAAAGTGTTGTAGGCATTAAATCATAGGCTGGCAATGGTGCTGCATGGCTCAGAGTCTGG CTGACTACAACATGATCACATTAAATGGCCTTACAGTCATGCAGCGGTGCCAGCGCTCCAGTGTC AACACACACACACAGCTCTCTCCAGAGGGACG[A/G]CGAAGCT GATGCTGAGTGGATTAACCATGCAACACAGAGACAAATCTGCAGACAGACATTCCTGTAGTATTCTCTGAAAACAAGTTGTTGCTGCTGTTTGCCAATCACATTGTTAAGA AATACATTCAAATATAAACGTTTCTTCAACTACGGGCACTGTGGGCCAGTGGA AAAA ACTCTTTGTTCATAATTTCACTAGTTTTCTACTAACAATGTCCAA
LG5	ref-58895	66.127			GACGCTACGTCGAATGACGTGCTTGTAATC
LG5	ref-5094_14	66.267			CACTCTTACCCGA[A/C]TGCAATGCTCCAGCAGAA
LG5	ref-13910	66.611			TTACAGATGCGAGCTCCATGCCGTCAGCGG
LG5	ref-22954	66.849	Chr19	35531838	CAGGAGGCACTTGGGCCACAAGCTTGTAGCAACAAAAGCCTGGAGCGTTTGCGTAGCCAACAGGAACGTGTTAAACTCTGTACAGCCACAGGTGGTGACCTGCGAAATCT GGCTCAGGGGCTGCTACAGGATGCACCCGAGATATCCAGGGCTGGCGAAGATGGCGGCCAGAGGCTAATGCAGCAAGCTTGTGATACAGAAAAAGAGTTTGAAGAAGTT ACTGAGAAGGTGAGAGAATCTGCACATGATCAGGAGCCACTGGAATGTGTTAGGACTCAGGCGGTAGTTGGGATGTTATATATAACCTGATACGTAGTTTATGTCTGCGCT CATGTTGTGTCTGCTGAAATAAGACACAGTCTTTTCTG
LG5	ref-32875	67.039			TGATGGTCTGTGGAGACAGAATGAGCACATGGGAGATTTTGA AAAAAAAAAAAAAACGCAGAAAGAGAAATGATGAGACACAATACAAAAGAGCTCAAAAAGAAATACACT GGAATGAAGGTTTATGACTGGGCAAGTGCTTTAGGACCTGCATTATTATTAGAAAAGCTTTCCAGTGCTGGAGAGAGCTAAGCGAGAAAGCCTGAAAACAGACAAGAGTT GTGCACACTGATAAACGCTAGAGAAAGCGATGCCAGAAGCGAACGGGCCAGGGTTCAAGACCAGCTCGGAGCAGGGTGTAAGGATTGTAGAAGAGTTTGGAGGTGGA

					GCAATGAAGAGAGGGGTGGGTTTGTGTTGGGTTGATTTCAAATATCAACAATGTCCAACAGTGTGCTGAAAAAAATGGATACCCTACCTTAAAGAAATGTATAT
LG5	ref-26044_4	67.472	Chr19	36379023	ACCAGCCTGAGAAGAATTCTTGTTGGTTGCCAGTGATGTTGTTGGTCTTCATATCACACATCTAGTTTCAAACGATGCCAAAAGTGGAACAGAGCCGCCTCCTCGCTGTTTGC CCCATTTACGGTAAATTGTGCTAGCGTATGCATGGTGATTCTGAGAGCTGTAGCCACAG[C/T]ACTGTGCACACACATCACACTACAGCTCCAGGGACCAAGTGAGGAG AAAAGCAAAAAATATTGTGTAAATACATGCTTTTGCAACCAGTTTCAGAGATATGAGATTCTTCGGCAAATACACTGGATTTGTGGGTATCTATCTATAGAATACATACAA GTAACAAACAGCTTACCTGTAACATATAGTCTAGTATGT
LG5	ref-28546	67.685			AGCATTAGACCGAGCTGCTTGCCAGGGCTTC
LG5	ref-59973_3	67.817	Chr19	38948338	AATGATTCTCATTGACAGATAGCACACAGCATTTTAAAACTTCTGCATCACTTCCTCCCATAAGTCCTGAAGTGCAGTAAATTACAATGCAAAACAGTTTTTGATATCCAC TTTAGTTTTTGCTCATGAGTACGCAGGGATGCATATATATTTCGCTCATGCATACAAGAC[C/G]ACTCCACGCATTTGGCTCGGATATACCCTTCAGGCACAAATGCTTTTAA AAATTATTGTAATGACAGATTGGGGAATTAACCAGCCAAGGCTTTCATTTCATGTCTGATAAAACAAGAGAATATGCAGTGATCTTCTCTGATCTTCTTTTCTTTCTTTTGT TTACTTGATATTTCATATATAGGGGAGAACCGGCC
LG5	ref-72781	68.316			GAACCCAGGTCGACTGCTGTGCCTGCGTCAC
LG5	ref-62162_15	68.634			CTGAAGTCACACGATAGCTTTATGTGAGAAACAGACATGCAAGATATTTGCATCATTATTTCACTCCAATGAGCCGTTCTATCAGGGAGTTGATCTTGAGAAGTGGATCAGC CAGAACAAATCTTTCTGACTGGTTTGGTGAAAGAATTTCTTCATGAACCTTCTCACTTCCCTCATGAACTCTCAAAAAATGCACCAACGGACTCTATGTACGAT[A/C]GTTTTG CCATTTAGCCTTAGTGATTATTGCAACTTGTGGTGCAGTTCAGTGTATGGGACCTGAGGAAAAATAGCTTAAAAATTAATCTTTGTGGAAGAATCCACAACAGGACAAA CAATATTGATATGATCCAAAGGTTTTTAAAGCTTCTGGAACCTATTACTAAAAATCTTATCTTTTAATATATACTAAAAATGTTATTTTTTACTATAGTTGA
LG5	ref-12264	69.426			AGGTGAGTTGAATAGAGTGTTGTATGATGTTATAATGAAGATGAATTGTGATACTGTCTTGAGGTGATTGCAGGAGTGAAGATCCGTGGAGATGATGAGTTGAGGCAGA CGTGGATGACAGAAGACACTCACACACACACAGATGGAGACGAGGAGACTAGGAGACGTTGGAGACAGGCAAGTAAATCGGTTTGAGTCCTTGAGGTAAGCATATAGG GTATCCTTGATGCAAACGAGACCGGACAGTGACTGTGAGTGTGTGAGTGTGTTTTATGGTGGCAGTGATGAGTGGCTAGATGAGGTGCAGGTGCGGATGATCAATACTCA GGAGAAGGGGTGCGCTGTGATTGGATGGTGCCTGGAACCTG
LG5	ref-59636_23	69.79			CAGCAACTAGCGATCTACATGC[A/G]TATCAAATG
LG5	ref-57856	70.603			TCCTCGTGATCTCCGAGCTGAAGCCTTCGCCGCCTGGAACGAGCTCTCGCCGCCGTGGAAGAGGCTCCCGCCGCGGATTGAGCTGAGCTCACTGGACGAACAGCGCCGGC GCCCTCGTAGACTGCCGCCTCGTGCGCCGCTCTCGAGACGCCCGCTTCCCGCTTCCGGCCGTCCCTCAGCACTCTCCTCGTGTTTTCTTCGCGGTTTTTCGACCTCCGCTCTC TGGACGAGTCCGGCATTGATGCACCTGCCTTTCGTGACCTCCGCAGCGCCACCGACTTAGCCCTGCGTGCCATAAAAGCCACAGCCCAGGCCATTGGACGATCCATGGCCA GCCTGGTTGTGCTTGAGCGCCATTTGTGGCTCAA
LG5	ref-9893	71.527			GTGTTCAAAACGAACCTCTTGCTTAGCCG
LG5	ref-45444_9	71.919	Chr19	37363342	GTAAGTTCATTAAGGAATTTGTCTTAGTAGTGTAGAAGTGCATGAGCACATGGCTTGATACATGCAGGTATGCCTGTGTTGTATGTTGGGGGAGGGCTCTTTCTCTGCTCA AGTAAAAATTTGCAGTCTTCTGAAAGTCAAGCTTTGGCAGCCTCCCTTTCCATTAAATTAGAGAGA[A/C]AGCATCTGCATCGGGGTTCTGACCTCAGAAAGGGAGGTGTAGT GGGAGGCAGAGAAGAAGGGAGTGATACAAAGAGAGACAGTCAAGAGAGGCAGACTGATAGACTGTGAGAACAGAGATTATATGGAAGTGGATTTTCTTAGTTATAGGCC TACTGGTCACTTCATGATAAACTATTGCAGAGTCATAGAG
LG5	ref-6081	72.228			GGGACCATCTCGAGATGGGTGCCATGACCAA
LG5	ref-14262_7	72.678	Chr19	37430399	TGGTTTCAGCAGACTGCATTTGCAAAATTATGCTGACGTTTTAGCATATTATTGATCTTAATATTGTCGTGACTGACTTGTGAAATGTCGAGAATAATTATGTACTATTGCAT TCTGACTGAGAGAAATGTTTGTGGCAGAAGATCGATTATTTAATTTTGCTTCTTTACCCATCGTGTTCCGTCTGGCAGTGAGTGATGTTGAG[A/G]GTCGACAAGCTTGCG GCTTCTGCTGCGTCTCATTGTCTCATCTACTTACTGAAGGGTGAGATGACCCTGACAAAACAAGCGATTGGGATTCAAGATAGAGGAGTATTATCTTTCCCTGCAATCAG ATTTTAAAGGCTTGCAAGTCAATGAGGCCCATTCATCATAAGGCACCATAGCCTGACAGCTGGCAGTGCCCCCTGTGATGAACCATGACCCCATGA
LG5	ref-7100_7	72.946			CTGTTTGTGTGCTTCAGATGTGTGCGCTCAGAAGACGATAAAATTAGAAGTTTAACTGATATAGCTTTAAAGCACATGAAAAATAATAAACTTTCATGATGAAGAAGAAGT CACTGTCCATGAGTGTGATCACGATATAGATGATAATCAAAACCAAGCAGATGTTTGTAGTA[A/G]TTGGCACAGTAATCGATGCAGGAGCTGTGATTGTGAAAGGGG GCGGGGAGCAGCAGCTCGGTTGCATTTAAAGGCACAGGCACGAAATGGTATGTTTTCCGTGCACTCAGTCTTTACAACATGGTATAATAAAAGGCTTTTTAAGCTGAAAC TTCACACACACATTCTGGGACAGCTGGGACTTAAATTACA
LG5	ref-11908_6	73.255			CTACTGGCAACCACCCATCCACAACACCTTAATGATCTCATAGGTATGCCTAGACAACACTAAAAATCATGACAGTAAATTCTGCATAGACCAACACTTCACAACACAATCT TTCTTTCTGTATATTTGAAAAAAGAAAAATGTTTTCAGAAAGTCACGTCTTTTTTTTCATGT[C/T]CTTTCAGCACAGTCGAGGGGTATTGATTGACATTACAGGCCGC GGGAAGAACTCAACGCAAGCTTATGTAACAATGAAATACTGTATGAATATGATTTCTCACAGTATCAATGACTTAACCCTGTAAGCCTGACATAGGAAATAGGCCTAA

ATTAAGAAAAGTCTATGTTTAAAATCTCTATTTTGGAAA					
LG5	ref-64621	73.522	Chr19	19887805	CCTGAGCGACTCACCTGGACAAAAACGATGAGAACAAGATAAACGCAGCCCGAGGTTCTCTAAATGAAAGGTGTGTTGAAACACCAGAGACGCTGAATCCTCAGAAGA AATCACGGTGCATGAAAATCATCTTTCACTCCCACGTATCCGAAGACTTCACTCACTGAGACGCAGTTTTGCACCTAATTCACCTGAAAGGATATATTTTGTCTCTGAGAAA GCGTAACATCATCCTTTGCCCAACATCACCTGAAGAAGGTTCTTAATATACCACGCAAAATCTGAACCTTACGTGAAAGACTTTATAGTGCTGTGCGCAGTTTACAAGGTGAC CTGAGATTCCACCTCCGAAACTACAATGAGTGCACCT
LG5	ref-11516	73.745			TCCTTTGTACGACAGGACTGCTGTGTGTGT
LG5	ref-36416	73.873	Chr19	21763557	TTTGTGTTGGTGCTCCATTCTGACTGATGTGCTCGACATGTCATGCTGCAGGTTTGAGTTTATGGATATGAAGTGTTAATACATCCCCGCTGGATAAGTCATTTTGACTCAT TCTTGCATGCACACGCGTGTGCGAAAGTCTATGTGCCTGTAAGAGAGAGAGTGAGAAAAGAGAGAGAGCGATTGACTCGGCACACCGCCTGCCCTCATACAACAATTACCG CAGTCAAGGCCCCACTGCAAAGATAAAATTAATGCCTCCTCACAAGACAAAAGATTTTCTGTTCACTAAAAATACAGAACTATCATGTACCAGTACGTGTTTAGAGCATGTTT TACATTTAAAACGATTCTTGGAAATTAAGTAAACA
LG5	ref-49269	73.982			CGTCAGCTGTTTTCAAATCGACTTTGATATTTTTATTATGTTTTTCCAATAATTGACACAAAAACACTATGCTCTCATTGTGTGTCATGGTGACATCATCTGGTCAACATGTGAA CTCACCGAGGTAACGTTACTGGGACATTTAACTTGGGATCCCAGGTCCAACCTCGTCTGGAACGCAGCATAAGTCTTTCGCTCGGAGACTGTACACCGCAAGTTTTTAAATA CTTAGCTTAAAGGTGTAATATGAATAAATAGTGCTCATAAACGGCTGCTGAGATGGTATTCTGAAGTTAAACGAGATGCCGCATTTTGCGCCAGCCCCCTGCTGTAAACGAG TGGAGGCTTGGACCCTTAAGTCGTGACTTAAGCG
LG5	ref-73099	74.024	Chr19	12678055	CCTTTTATTGTCTGTGCGCAAAAGCAGAACATTTAAGGTACAGCATAATTTGTTTACAGTGAAGTTATAGAAGGAAAAACATTTTTTTTTATGCAGACATAGACATTTGA TTAAAAAAAATCCTGCGTGTGGTTTTCAAACAGTCACGGCAGAACGCAGACCTATCTAAAGCAGCTTCGCTGTTTAGTTTTTACCCAGGAATGTAAACGATTGTCTGCA TAACACACACACAGCATCTGGCCTCCCCTCCGCTGCCTTTTTTGTGTTGTTGTTGTAATAATGGTGCATTGGTGTCTCCGGGCAAGAGAAGACTGCCGAGCAGACAGCAGACG CAACAGAATCAGATCAGACGTGATGTTATCAGACTGTGTGTCTCACACCCATCCCCTCTCATCAGGCATGCATGCACTGGGTCTCTCAGACAT
LG5	ref-36035_25	74.131			GAGCTTCATAAGCATGCCGTGACGCAAAAGCTGTCACACTTAAAAATGTAATTGAATTAGTTAACTATAAAAATATCAAAGCAAGTAGCTTTTATTGTAAAGAATGATAGC ACAAGCACACTTTACGAGAACAACAATAGTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTTGAAATGTTAGAGGACCATGTGCATAGTTAATGTGCTGAACTACACCAGCGATTACTTTGCT A[A/G]GACATGTTTGTAACCAAGAAGGTGTAATAAGCTGTTAGCATTCCATCCATCAAAAGGGAGCTGTTGCGCTAGTGCATGCAGCCTTGCAAGTATGTGACCTGCA AGATGTTACCATTAACGATGGTCACTTAGTACTGATGCATTTTTTTTATTTTTTACCTTAGTTTTAAATTCCATGTGACCAACTACACCAGAGAAAGGTG
LG5	ref-71707_9	74.559			GAGATGAC[A/G]ACGAAGTGAGTGCAGGTGTGGAA
LG5	ref-32637_2	75.078			GAGTGGCCTTGATAGCCACCAGAGATTCCACCCCAGACTGTTGTCACTCCATCAAAGACTACATTACCCATAATCCTTTGCCCAGAACTCATCAGCACTCATTGTTTTCAGC TGTGTCTCATTAGCCTGTTTAGCTCACCTATATAAGCCTGGTTACTGTCATAACTG[C/T]ATTTCTGAGCATTCTCCTCGTTTCATGTGTCTTGTTTTTTTTTGTGTGTGTGT TTATTTATCTTTTGCCTGTTATTCTTGGGTTTCTCTGTCTCTTTATTTTGCCTGTACCCCTTTGACCATGTTTTATGTTTGGATTGTTTTGACCTAAATACTTCATTGGATCCTC AACCTAGTGATGGGAGAAAAGCTTTCCACA
LG5	ref-25131_24	75.313			CCTTGAAAGTTTGTCTCTGGTGGAACTTTTTGATCTACATACTTTCATTATATGTCCTTGTTTCCACATTTGTGACATTTCTCTGAAACAAATCTGCACTCATTGGCCAAA TGTTGCAAATTCCCACATCTGTAACATGCTCTACTTTGACTATCTTCTTTCTTTACTGACGTTTTATGCACTCTTATTGAAATGAATGCTTCTGAGCGATGAGCTTGCA[A/T]A TCCTTCACATCCTTGTTGGCTGTTTCCAATGCTTGAGCTATTTTCAACGCCTTTTCAAACGTTAAATCTGCTTCTGCCAACAGTCTATGTTGAATATGGTCATCATTTATGCCA CATACCAGTCTATCCCGAAGCATCTCTGTTAATTTTTCTCCATAATTACAATCATGAGCCAATTTCTCAATACTGCCACATACTCAAGAACA
LG5	ref-32480	75.344			TAACAATGGGCGACACTGTTGCAAGACCTAT
LG5	ref-51541	75.405			AGCTTGGCAACGACGTCACCTGCGCAGTGCAT
LG5	ref-64924_25	75.407			AAGTATGAATGCAATCCGGACATACTACATTCACCATGTTGTCTTTATCATGTGACCTACCAGTGTCAATTTGCGTCACTTGCGTCACACGGGATAGTAAAGTGCCCATCATA TGCACACTTAAGAATCTCGCTGGAAGTTGTAGGTATCCTGGTACTTTTTACCTACTGTAAATTTGGGCATACTACTCGTC[A/G]CATAGCCTACTGTTTTTCACCTACTATA TAGCAGGGAAGTATGCAATTTTGTCTCAAAGGTGATGTGTTAGAAGCAGGAAAAATGGGCAAGCGTAAGGATTTGAGCGAGTTTGACAAGGGCCAAATTGTGATGGCTA GACGACTGGGTCAGAGCATCTCCAAAACCTGCAGCTCTT

[illegible]

LG5	ref-68461_32	78.676	Chr19	26358476	GTTATAACACTTACCAGCAGTTAATTATCTTTTCAGTTTGGACCACTTCACCTTTGCTTGTGGGATTGCTATATACAGAGCTAAGTTCCAGCCAATTACACACATGAAGAG GAAANNNNNNNNNNATATATATATATATATATATATATGTTTGTGTGTGTGTGTCTGGTGTGTCACAGTCACAACCCATCTGTTTTTTACACAGCGAACACTGTGCCT AAAACAC[C/T]GGTCATAAATCAGAAGTCTAAAACGATCACTTTTAAAGAGAAATGTCAGAGGATTTTCGATATAAAAAGAAGAGGTGCTTGAGTTTGTGTCACAGCCCTATT TGTTTGAAGTGCAGAGAGGCGTTTAAGCTCACAATACTTCTACATCCTACGTCATAAATCGCGTCAGAGGGTTACTCATTGGCGGGTTACTCATTTTCTC
LG5	ref-44296_4	78.9			CAG[C/G]ATCACACGATTGTGCTGCTCACATGAAC
LG5	ref-57505	79.062			TATGTGAAACCGATGATGGTGCCTCTTTAA
LG5	ref-12493_17	79.291	Chr19	25321094	GGATGGTTTTAATTATTCAGGACCCAGCAACAGTTCTCAATCTGGGTCTTCAGATGGAGGAGTTGATCTTTGAGCTTGCAGACACACATCTCTTCTCAATGACCTGGAGGT AAGTGTAGTGTAACACAAGGGTCAGTTTGTGTCTGTTAGGTTTCATGTAAATAACATTTACCTCTGCTGTCAAAAACAGGAATGTGATCAAGTCCATGTCGATGA[C/T]GTTG CCTCAGACGACAATGGGCAGGATTTGAGGTAGTGAAACAGTCAAATTTTGTGATGAGCTTTCCAGCAATTTCTTAGACAAGCAAGTTGCTTTTCAATTGTTTTGCTTATATC CTCAAAACACACACATATTACTGTTATATTTATGACAAAAGTTATGTGTAAAAGTTTTTTTTTGTGAATAGTTTTTGTGTTTGTCTATATTAACACATC
LG5	ref-34806_4	80.206	Chr19	28216678	TCATCAGTACTCAAAACCACAACCTTCTCAATGACAAATCATCTAAAGGATGTTTCATCCAAAACATGTTGCTTACGATGAGAATTGGAAGTGTGCACAAAGGATTTGAG GTGCTGAGGTGTCGTCAGTCATCTATGCAAAACCTCAGAAGCTAAAGATGAATGTTTCCTC[A/G]TGCCAGGCAGATTGTTGACTTCTCCATTTACGGAGTACGCTGAAG CCTGCGGCTGGGAAGCAATTTATATAACTTCATTTAAATGTCCTTTCTCATCCTTCTGCCATCATGTCTATTTTGAATGGTGTGCACAAAAGTGAACCGCATTGATTATAG TTTATGGCTGTACTTGTTCCTTTAGAAAACAGAGCAA
LG5	ref-34806_7	80.206			ATGGAG[A/C]AGTCGAACAATCTGCCTGGCATGAG
LG5	ref-27540	80.716			CTCCTTTGCACGAAGTTGTTGCCGCACGCTT
LG5	ref-30530	80.784			GCACTTTAACCGATGCATGTGCTGTTTAAAT
LG5	ref-52655_25	80.977			CTAGCATTTCAATTTCATCTCAATGGGATGAATGTCAAAGGGCCCTGGAAGTATGTGATTTGAAATCTGTCTTTGCTCATGGGACCAAAGAACTTGTCAATCAAAATAAACC CATGAAAACCTATTGCCTAGTATAGCCTAAAGTCACAGAACAGGGTTACCGAGTGCTGAGGCGCATAGTGCATAAAAGTCGTC[C/T]GAGTTCTGAACCTCCAGTGGCATT ATATCAGCTCAAAAACCTGTGCAGCGGAGCTTCAAGGAATGGATTTCCATGGCTGAGCAGCTGCATGCAAGCCTCACATCACCAGTACAATGCCAAGCGTCGGACGGAG TTGTGTAAAGCACACGGCTACTGGACTCTGGAGCAGTGGAA
LG5	ref-52655_7	81.265			AGAACT[C/T]TGACGACTTTTATGCACTATGCGCC
LG5	ref-4977	81.366			TACTGTGTTACGATTGTGTGCTGTAGAGAC
LG5	ref-72196	81.741			CACATGCCCACGACATTCATGCTCCACATTC
LG5	ref-68583_27	82.289	Chr19	27034665	GAAGGAGATGCACGGAAATAATTATAGGCTAATTTTATAGTTTACTGCGACAATCATGAGTGCAGTATTGAGTTATCTATTTGTCAATTTGTACATGCCACAGGTGGTGAC ACTGCTGAATGATCTCTACACTTGCTTTGATGCAATCATCGACAATTTTATGATGTGTACAAGGTAATTCAGACAGTCATCACATTCAATGTCTGTTCAACGACATGAGTGCT CGG[A/G]TTAGTTTAAAGTGGCTGAGATGCATCTCACAATCAGTGAGCCGACTCTGTGAAAAAGTAGTATACTTTTGTATACTTTTAAAAAGAGTACTCATTACAGAAATA TATACTTTAAATGAATATACTTCAAGTCAGTGTAATTAATTAAGACATGTTATAAGTACATGTTGTTTATTAATAAAAGTCAGTGTAATTAAGTTGCG
LG5	ref-29687_30	82.34	Chr19	7765709	AGTTCCCCCAATGGCACCTGTTAGTACCGGTTACAGTGAGGAGGTGAGTAAAGTTGAAAGATGGGATACCTTAACATTTTAAAGGCAACAAAAGTACCAGCACAGAATTTCA TGGAATTTGAAGAATGGATACGAAGTCTCTGGAAGGCTGTCCAGTTTGAAACTTTATTTTCAGTTTTCGCAACAGCCTCGTCGCTGA[A/G]GCCTACTCCAAACTTTGTGTT GAGTTTAACACTTGGGAATGGGCCTTCAAGAAGTACATGATTACCTGGTACACAAAATCTGAAACCAAAATCAATAACTTGAGTGAATGTGAGTGCGGTCAAGAAACAC ACTTAATGTTGACACAGTAGTGGCTGATTTAAACATGAA
LG5	ref-11539_10	83.447	Chr19	42718391	GAGCAATGCATTGCGCAAAATTTTAGGAAAAAGAGAAGAAAGAGCTTTAGTCACTTGTTAAATCAGACAGTGAATCCTGCTCATTTTAAAGTAACACTTGAGACTTGGT TCGGAAATTTCCAGGGAAAAAGACACAAAAGTGCATCCTTATGGAGTTGTATGACAGCGCAATCCAGC[C/T]CAAACCTCTTCGGCATGACAGACGGCCCCAGGGGTCATA ACAATCACGAGGGCAAAGTAATCCCACCGTGTCCCTGTGCAGCTGTTTTCTGTGCGACGCACACTCACAGCTCTGACTTCCTTCTCTTGTCTGTTCAATTGACTACACGAG AAACAAGCAGGAATTTCTTCTTTGTCTTGAGGAAGTGA
LG5	ref-27647_16	83.922			TGGGTGGTTGCGAGG[A/T]CATTGCTAGGGAGATG
LG5	ref-23149	84.451			GGAAACAGGTAAGTGATGTTTATTGAACAACCAGATGAACATGCAGGTGAGTAAATGGCAATGTGGCAGGTTGAATGGAAGATAACTGAATGGTAATACTGTCCTTTGTG TTGTACGAATGGAGATCGTGATGGTAGAGGAATGGAGATCGTAGCAGAGATGAGAAGACACTTGGAACCTCACACGAAGACTGGAACACGGAAGGAAACGAGGAGCA CGCTGGAGACGAGACAGCAAGTATACTTAAGGTAAGCATAGAAGACGTTCTATGTGCAACAAGACCGGACGCTGACTGGAGTGTGTGTGAGTCCTTTATGTCATGACTG

					ATTGTGGTGCTGATTGAAGACAGGTGCGTGTGCTCAGTACTCTGGTGAGGGAGTGCGCTGTGATTGGGTGATGGTGGAGCCTGGTGTGTCTGTGACAGTTAT
LG5	ref-53027_25	84.543			CTGATGAACGATAAAAACTGACAGCCAATCAGAATCAATCCTGCTATAACAAGCTTGAGCATTAAAGCAGCAGACAAGCACGCTCTTAGAATAAAATAGAACAAATATC GTCTGCTGGTGTGGACGCAAATATAGTTATCGTTATAATTATCTTACAGTTATCGTTGTTGGTGTGAACGAGCCTTAAGATCGTCCTGGAGCCCAAGCCCGACAAAAATGC AA[C/T]AGCGTCCATGCCAGTGCCGTGAATATATTGGTGAATGAAGGAGTGGAATGAAGCCCTGTCCCTTCGATTTACAGCAGATGTAAGTGCCTGAACTCTTAATATTGT TGGAGTATGAAGAGAGCACTATTCTTGTTTTGTGGCCTGCATCAAGCCTGTTTGTGGCCAGCACTGAATTATTGATGTCTGTGATGTTCCCGCCCTGC
LG5	ref-59352	85.955			GATAAAATCTTTCCTTAAATAAATAGATAAAATAAATAAATGAATCAATTAATCACAGCTCACTTTTAACTTCGTCATTTTCTATTTTCAGTAGGATGCCATTTTAAAGAAT GTCTATTCTTTGCCAATAATTGATTTCATCCTAACAAATCTTTGTTATTTTTATTAGTAAAACATAATTTGATACTAAATATATCAGTTTGAGTCACGACCTGCATGTTTTG CTTCAGATAGAGAACATTTTAAAGACACAGCAACTTACTCCTCCATCTTTTAAAGTGAGTCTTTAAATTTATTATTATAATTATAATTATATAATTTTATAATTATTAATAATC ATTTTACGTAAAAGAAAAAACTTTTGTATGTATGTTTCTATGTTCTGTCTCATACATGAGGGGTCTTCAAAGTTATTCAGGCCAAGGAT
LG5	ref-73084	86.611			ACGACGGATAGAACTATTGCCCTTGTTCAAGGGCACCTCAGTCATTTCTGTGAGTATTGAGAATCAACCCACAACCTTCGGGTTACCAGTCTGACTCTCTAACCATTAGG CTACGACCGTGCAGATAAACCTCACTCCAATGGCTTCAAAAGGCAAACTAGCGACTGATGTGAGATGCCACAGTGTTTAGCATCCTTGTAGTGTGTCCGCTCCCGTGCC AGTGACCTGGTTCGAATCCTGTTTGGAGCAGGTGTGAGTAGGACCAGATACACAGGGGAACCAAAATAGTGATTTAGCCCTGTCACACTTCCCTGCAACTCTTACTGG AAAAGCTGCACTATAACATCTGAGCTATTGTCAATCAAAAAAAATGCAGATAGGTTAGCAGCAGTGTCACTATATACGTTTAGTTAGTTACTCCTC
LG5	ref-70517_27	89.961			TTCAACTCATCGACAAGCGTGCATTG[A/G]CTCCC
LG5	ref-45588	91.358			TGTAAGGCTTCGATGCAGCTGCTCGGCCATG
LG5	ref-71442	91.916			ATTTCGTATCTCGATAAGCGTGTCTGTTGATTA
LG5	ref-56866	94.325			GGGAGTCACACGAGTACTCTGCCTGTGCTGG
LG5	ref-31622	94.741			TTGTGACCTTTCCTGCAAATATATACTTCACACTTTGGTACAAAAAGTGACAAAAATAGATTTTTAATGTTATAATAGTGATTGATCATCTCTAAAAATAAATTCCAAAGC AAAACGTGTGGAAAAATATATTAAGGAGTGGGATAAAGGGTGAAAAATAAACATCTTTTTGGTTTGCAATACCTTCGCTTTTGGTGAATTGACCCCACTGCTTTGGGAT CAGCAAGATTTAATATTTGTTTGTTTTTTTTCCAAATTTTAAACAAGTGTTTGTGTTTACACCAATAATAGTTTTCTACACTGTGAACTATTAGTTTTACAAATAGGGA CAGTCTTTGAAAGATAAAAAATAAACATCTTT
LG5	ref-60455_16	99.208			TATTATTGTTAATAAACTTTGAAATATGGCCTCTCCAGCTCTGCCATCTGTGGTATGACTTTTTCAGCTTGTTATGAAGAGAAGACGCCACAGAGATTGCTGACTTTACA TGTTTATAGACTGTGACGGCAGCAGCTTTTCCCCCACTTGTGTTTCACTCTCTTCACTTTATAAATTACTACAATCTTATTTGAAAATGGACACGATT[A/C]AGCTGCA TTTAGGAAGGTGGCCACCTCTACTGCCCAGCAATGTTGTTTATCTGAATGTTTCATCCATCACAGAAAATAGCGATTAGCCCTGAAACAACCCCACTGATGTCTTTAAGACT GTAGGGAGAAAAAGCAAGAGTACTTGAATAAGTTTTTCATGTTTTTGGATGAAATTCCCAGTTTACCATTCACTGAAGTCACTGCTGACCTGAGT
LG5	ref-15973_2	99.86	Chr19	698571	ACTATTGCTTCAAGTTACAAGTTTCTTAAATGTAATGTTTAAATATGCAATGACGCATTCATTAAACATGAAGTAATTTGCATACATTTCCAGAACGATAACGGCACAGA GAAACAATATCATTGGAATCACTTTCAGAGCGATTTTACCAGCTGTAACTTTGACAGCCAATTAGCTTTAAAGATCACGAGTATTTAA[A/T]GAGGCAGACGACAAAAC GCAGTGCATGATTACAATAAACAGAATGATATCATGCATTGATGTGGACGCTGATATAGTGATGGTCTTGGTGTGAACAGGCCTTAAATGTGATTCTCACCTCAGGAAT CGCCTCCATAGTGGTGTCTTCATGGTGGGGATGTACTACAGCACCATCATCGCCTGGGTCATGTGGTACTTCTTCAACTCCTTTCAGGACCCTTTACCCT
LG6	ref-47037	0			ACATCTGTCTCGAATATTATGCAGCAAGCCA
LG6	ref-65552	1.592			CCCGACCACACGCCTCAACCGTTTAGTTTTGACCTCCTTTGGGAGGGTTCAAATCCCCACACACCACCCTTATACACCCTACAAACTCATAACCTGTATTTTGACTCCG AGTTCATATATCATACGCACCTGCCTGCACAGTGTTTCAGTAATCTGCAGGTTGGAGAAGAAACCCCGCAGATTACCGTGAAGTGAAGGGCAACCCCTGACATGAATCCC ACCCTCCAAAATAGTAGCATGCATGCCAACACCTCCTATTGGATTGCATCCATTATCAATCTCACCCCTTAATGAGCTGTTCAAAAGACCTGATGAATTATTA AATCATACCTTGACACGCTGGTCGGTTTGCTTTT
LG6	ref-71678	2.517			ACGTTTACATGCACCGTCATAATGCAGTTATAATGAGATTGAGGCAATATTGCAATTAACTTTAACTCATGTAAACACAATACTTAGATTAATCAATGTGATGAAGCTC ATAAACGTAGCAACCATAATCGTAGTAAACCATGTGATGTACGGTGACTTAATCACATTAAACAGGCATGTAAACACTTTAATGGCATATATTCCTACTCCGAACAAAGTGC ACATGTGCATATGTTTTGGTGTCTGAAGAAACAATGACATGAAGTTCATGTTGACAGTGTTGCATGAATATAATGTAGTACGCTGATGGTCAAAACATTGAAATGGAGACT GAATTGAAATGGTTTCCCCATGTCATGTAAACATCTTACTGTGATTAAGTCCTTACTCTGATTATTGGAATAATCTCATTATTGGAGCACAAAGTAA
LG6	ref-50221	4.751			TCCTGTGTGACGATCACACGCTTGCCTCTAATTGCACTGGATATGCCTCATACCCGGTGCAGTATGACCTCATCTCATAAATCAAACACCTGTGATTGAGCAACTACCTG CTAATGCACTTGCAATTCATGTAAAGTAGCCTTGCTGACAAGTTTGGGTGAGTAAAGGCAAAACACACCAGATATAGTACCTTCAATGTCCTTAGATGGCGATATTGCTGCC ATTTTGGGGATTTCCAACCTGATTGGCCAACCCAACTGAAATGCTTTCCATACCCACACACAGTGGTCTAAATACAAAATCTTTTACTTTTCCATCATCATTTTACAGG

					AAACCCCTTTGAGGTTACATAAAACACTGCTGAAAGGGATACAAATTATATATTGTCTGTGCTGTAATCAGCAGTTTTGGTTGTTTCCTCTAGATTT
LG6	ref-6821_8	4.848			CGTACGAGAGCGACCGCAGCTCCGCCAGAGCGTCAGCTTCAGCGGCTTCTCCTCTCAACCTCAAACCCTCGGTGGTTTCCACGCCGTACCTGATGCACTGGCCTTCTCCAG ATCGTCTGTCAGTGTCCTCCGCCGCCGTCCACAGGTAGTCCCAGCTGCTGTCTCCTCTGTTCCCCGAGCCCGGACCCCTAAAGCACAGCCACCCGTT[C/T]GCCGATCTGGGT GCCAACGGGAGCTTCTACGCCATCAGCGACTCGGAGAGCGTGCAAAACCTGGCATACGCGCTCAAGGGCTGTTCGGCTCTGCAGCGGAGCGCGTCTGCAGACTCTCTTTCC GACCAGGACGACTACACCAGCTCCAGCAGCCTGAGCGGCTGCGACTCTCCCGGCATCGAGGGCAGGCGTCTGCCCATCTTCAGCCGCTGTCTGTCTCAGA
LG6	ref-54967	5.66	Chr20	45439254	AATTTTCTCATAATATCCACTGCAGCATCAGCTCTTTTCTCTCAGTGTCTGAAACGGTTTCGATCAAGGATTTCGGTCTCTCTAAACCCCGCCTTTCTGAGAGCTGCTGTGCTCT GATTGGTCCAGTCTGCTGTGATTAGTCGGAAACCAAACACTCATTATCATATCTGAATACTCCTCAGCACTTGATTTCGAGTGATACGAAACAGTAACGATGGCATTGGATT CAATCCGATCTCATCAAAGTGGATTTGCTTTGGCAGCAGAAAAACAGCGTCTTCTAGACATGAACAACACGAACCAAACCTTTCAGTCTCAGATACAACTACAGTGATTGA GGGCGGGGCAAAGAGACGCTGTTCAGCCAATGAA
LG6	ref-3929	6.163			GATTTTGGATCGATTTCGGGTGCAGTGCCTT
LG6	ref-67990_3	7.218			CA[C/G]ACACACACGACAATTTGCCTCCGGTGAT
LG6	ref-21252	7.415	Chr18	49238492	CGATGCAGAAGACGCCAACACCCCAATGCGGGAGCTTCCCGGCCTCTGTGGAACTACTGTGGCGATTACTGGCTCCATTGCCGTTACACTCTCAGCCTTCTGATCAATAA CAATAAAACGTATGCTATTGAAGAAGACCAAAGCAAGTTCTGCAAATACCTTGAGCTGAAAGATCCCGAGTACTGTTACCCAAACGTCCTCTCTAATGATGAGCTCAATGC CAACCTGGGAGATGTGAAGGCGGATCCGCAAGGCTGCATACAGTTATGCCTGGAAGAAGTCGCGAACGGTCTTCGCAATCCTGTTCGGATGATACATGCGAATGACGGAA CTCACCGCTTCTTTGTAGCCGAGCAGCTGGGATACGTGTGGACTTACTTGCCGAATGGTTCTAGAATTGACAGGCCCTTCTGAATCTGACCAAGGCGG
LG6	ref-67990_1	7.709			[C/T]ACACACACACGACAATTTGCCTCCGGTGAT
LG6	ref-66480	9.2			TCAAGTGAGACGAGTAAAGTGCATCTGTTGC
LG6	ref-24733_18	9.711			ATCTATTTTATATTATATACTTGTTTTAATTTTTTAGTAATTTTTTCTTCTCTTTCATAATTTTTTACAGTTTCTTACCTTTTCCACAGATCCCAGAATTTCTCCAGCACCTA TTTTATTTATTTTTATTTTTATTGTATATTTAATTTGTATTATTTATTTAAATTTGTATTTTATTTTTTGTTACTGTTTTCTCTAAACATTTTCGACTTC[C/T]TTGCAGCCCTG GTTTATTAATGTATTTTAGTTAATTTTTATTGTATACTTAAATATAAAAATTAATACAAAAATTTATTTATTTTACATTTTTTATATGATTTTACTCAGAATAAATATTNNN NN
LG6	ref-49306	9.909			TCATCCACCCGACCCACCTGCAATTAAC TG
LG6	ref-3644	9.918			TGTCATACGCCGATAGGCCTGCATTTGCTGA
LG6	ref-30415	10.129			TGACAACACTCGACAGAAATGCCAGCTAGAT
LG6	ref-60842	10.376			GTGCAGCTTACGAATGCAGTGCCAGTTACAT
LG6	ref-21213_25	11.449	Chr19	2894379	TATCTACTCTGGAATGGCTTAAAGGGATCCTATTATGCTTTTTCACTTTTTCACTTTAGTCAGTGTGTAATGTTGCTGTTTGAGCATAAAAAAGATCTGCAAGGTTACAAA GCTCAAAGTCCACTCCAAAGGGAGTTATTTTATTAGGCTAACAGAATACACTTTTCAAGAACTACAGCAAACGGCTCGTT[C/T]GGACTACAATGCGTTTTTCCGGATCT TGTGAAGTCACAATGTTACTCATTGGGTGAGGCCTAATTGAGCTGTGCTAGAGAAGATGAAGAGTGTTGTTGCTGTTTTTCCACCCCGGAAAAAGTTTGTCTTAAGGCAG TAAAAATTGGTTAAATTTATTTTTAACACTGTTCTCG
LG6	ref-34353	12.067			GTCCCTTTGGCGCAGGAATCGAGTTCAGCCAGGTGCGACCTTTTACCTCTGCGTGACACTGGAAGCAGAAGCAGCAGAAACGGTTTCTATGACAACCACTACATTCCT TCCACCGTCACTATGACAAACACAGTGATGGGCAGGAGGACATGAGCTTCACATCACTAAACAAATGTGCACAAGAATCGACCTGAATTAAGAGCAAACCTTTATACACA CATATACAGTTCTCAGAGTAAATGAGTACAGCCCTTTGAAAAGTAACATTTTAAACAATATCTCAATGAACACAAAAACAATTTCCAAAATGTTGACAAGACTAAGTTTA ATATAACATCTGTTTAACTTATAACATGAAAGTAAGG
LG6	ref-13457	14.325			ATGGACAGCACGACAAATATGCTTTTATTCT
LG6	ref-2306	16.015			TCTCAAGAGGAATTTCCCTATCCTTTTCTTGATGGTCAGAGCTACATTTGTCACGGTGTGTTTCGCTTAGCGGAATTATCTCCGTAAGGCCTGTGTGGGCCTTGGGACCGTT TTTTCGGCACCAGTAACACCATTTTCGGCCTGTATGGGCCCTGCGGTCTGTGTTTCGGTATTAATGACACCAGTGTTCGGCCTGTATGGGCCTCTGTTCGGCATGGGAACCT CATACGCTTCGTACAAAAATTCGTGAGCGGCGAGAGGACCTTAGCTGGTTCTTCTCCGAGTCGGGAATAAGATTATGCTAAGGGGGGAGGAATGGTCTGATCCTCTGA ACTCCGCTGTGTGAACGGTCTGTTTCGTGGCG

LG6	ref-18936_26	17.201	CTTTTGAACCAATAAAACATGCGTTAATGAGAGGCCCTTCGTTAATTA AAAACTGTAAAATAATTATTTATATTTTGTATTTTGGTAATTGGTATTTTCTGAATACCAAACGC ACATTGCACCAGACAGTGTGTGTGATTGATTGGCAGACGCGCTGTAAACTATTCCGCGCAGCGCGTGCAGGTCGCTCGCTC[A/C]CGCGAGGTGGGGGTGCGCGGCGAGG GGAGGAAAACGCCAGACAGACGCGAGCGGAGCGGAAAAGAGCTGCAGGGAGTCGAGCGCTGAACGCCGGGCGGCTCGGAGGTCTGTGATCGCGGTTCTGCTCGCTCGAAA CGGAGCGCACCGGATTGTACGCGCTCGCTGGCTGGAGGAA
LG6	ref-22419_18	17.633	CGTCTGTCTCCGAGAGG[A/G]GTGCAGAGATGAGT
LG6	ref-11897_4	19.2	CAG[A/G]CCAGCTCGATTGTTCTGCCATGTGACTC
LG6	ref-59918	23.955	CAGTTACCCCCGATTTCACGTGCTGATTTGAA
LG6	ref-71082_9	25.522	TTTAGAAAACACACTCAATCCTCCACCCTAACTACACTGATATTTTCAGATAAATCTATAATCTATCTATAATTGTAAAAAGGGCATTTCAGAGGATTATATTTTCTATGT ATTTGTAAAAACGGCTTTAGATGTGATCGATGCTTTTGTGCAAATTCATCTCTGAAGTCACTGACTGTCTGTTGGGTGTGTGAGTATGAAACGATCG[A/C]TCGATGTGTGTGC ACTAGATCCTAAAAATGATGTTTATTAGACTAACACAAGGATGCGCGTGTGTGTGTATGTGTGTGTGTGCACGTGTGTGTTTCCAACACTACGCTGATGTCTTGACG TGACCTAATTGAGTTTATTTCCATACACAGCATATTAATGACTACTGAACAGATTTTATTTATCCAATGCAAAACTACAGTTTAAGAGCTATATAT
LG6	ref-2485	26.244	ACTGTTATTACGAGGCGCATGCGCTTCAAAA
LG6	ref-39150_7	26.435	GCTGCAAAGTGAACACAAAAGTTTCTCTTCTTACCTGTGGCGTGGGTGGAGCCGTGTGTTTCGGGAGGCGTGTCTTCACGCACGCTCAGTTCTGCAGTAGGTGAGAACGG CCCATCTCCCATCTGATTGGACGCCGAGACCTTACCAGATACACCTGACCAGACTGAAGATTCT[A/G]CAGCAGGGCCATCGTGATGCTCCCTGACAACGACACAGTGAG GTGAACATTAGTATCCAAAATAATGAATACACCTATGAATAATTACATCATAAATCTTTTGGGAATGTTTTGTAATGACATTTATCTGTATTCTGTAAATGGGTGAATCTC ACAAAGACAATAAAAAATTATATTCTACATTTTTCAT
LG6	ref-56056	27.041	AGTTTGGAGGCGACATCATTGCTCGCTTAAC
LG6	ref-71014	27.795	GGTGTGAATGCAACAAGGAAAAATGGCCGAATGAAGAATTGGTTCTCCGGTACTACCCTAGTGGCTAGTTCCTATAACTTAGTTCCTAGAACTATATGGTGCGAAAGCCC CTTCTGACACTCTTCTTCTACTGTGCTTCTGACACCTCTCTGAAACGCCACAACCCACAAGGTGGCACAAGTTTCGAACCCCTTTATCTGGAAGTGACACTCAAACC AAAACGATGACGTATTCACACAAACCAAGGCCTGGTTTGTGTCATTGGTCATGTGATTTCTACGTTAACAAAAGTCTCAAATCAGGGTTTCATATGGTATGCCCATTATTCT CGACACAAGCTTCGATGCCTCAGTTCAAATGTGA
LG6	ref-64799_8	29.4	ACCCATATCACTCACAAACAAATCCCCATTACCCAAAATAGAAAAGTTAACACTTTCCTACTCCATCTACTTTCATTGTATGATGGTCAAACCTTGCAATTAATCCGAGAATCAT GTGCGTTTTGAACAGTGGTATCTGGTCCGCACGGATTAACGATCTCTATACTTGACATTGCACATCCAGCGATGTGACTTTCACAGGTGTGCACA[A/C]TGCGATTTCCATG CTAAACCATATATCATGCAGCCCTAATTAGTGCTGTCAAATGATTATAATTTTTTTTTTTTTTTGGATGCGATTAAATCAGATTTTAAACATTTGACAGCACTAATATAT ACTAAACTAAAAGTAAAAATCAATCATTTCAAATGTACATAACAGTTATTCAAATACTACATAAAAAATGTGGTAACACTTTTGTATAAGGAACAC
LG6	ref-30766	30.433	TAACACTTCCTTTAATCCCCCTCTGACTACTTCCACACACTCCGAGACTGTTACTCACACAAAGTGCTAACATAAAGTCCTGATTGACAGCTTGCCCTCTGACACCCCACTG CCTCAGAGAAAGCAAATCCCTTACGACGGCAGAGAAACAACTGCCCTGTCACTCTACGCTGGGAGTCCAGTCAGATCGACTCAGCTGACAGGACGCTGAGTCATTCCGC TGCCAAAGGGGAGGCGAAAACCTGTGTGTGTGAGCTTGTTTAGGACGGGGTGATGATTCCAACATTTTCATGCTTTATCTCTTGACAACCAAGCAGACAGAAAGGAAGGGGCTGTT TGACCGCAGAGACTGAGGACATTTTAACCCCTCCAT
LG6	ref-45946_4	32.455	GCT[A/G]ATACACCGAAAGGGATGCACAAAATCAC
LG6	ref-16681	34.599	CTAGCTAAACGATCAGTAGTATATAAACAAATGATTGCCTTCCAAGTGCTTCCGCTGTACTTCCTACGCCTTCCCTATTCAACTACGGAAAAAATGGAAGTGGCGCTGCAT TCGTTCCGTAAGTAGAATAGGGAAGGCTTAGGAAGTACAGCGTAAGCTTTTTGAAGAATACGAAAATGCAGTTTGTGCGAAGCACCTGGAAGGCGATCATTGTTTATAT AAAGCATATACATTTACATTTTTTTCGAAAATGACCAATCGTTTCGCTAGATAAGACCCTTATTCCTCGTCTGGTATCAATCAAATAATAGCATGTTTTCATTTCAAAATAG CGAAATTTCAATTAATGTTGAGTAGTTGCAT
LG6	ref-67050_26	35.107	CGGCATCTAGCGATGAGGTTGCAAC[C/T]GACGGC
LG6	ref-24052	35.774	CTTTATTAACCGATGTCTTTTGCTTCGATGAT
LG6	ref-45523_30	36.494	GAGTCATTTATCAAATGTTGTGATAAGTGACGTAGAGGACGGATGAAAATGGCAAAGGCTACCTGACGAACGTCAAGCTTGAGCCGGTTGTCAAAGCGGGCTCTGCGCAT TTTACAGTGGGTACCCAGCTGTAGCGAGTTAATCATCCACTCTAGTACTAGGGAAGGGCGCAGACAGGCACTCACCTCGCACACAC[C/T]CATCTGTGCGCTCGCACAC AAACATACAGGAACATTTCTGAATTTCTTGGCATGTCTGAACCTGTTCTGCCACCATTTGACTTGAAATGAAAGCATCTCGCAGTGAGCCACTTCTGAGAGGAACTGCAG TGGCAGAACAGAGACATGCTGTTTATTTTCTTTTATGCAA

LG6	ref-66590	37.86			TATGCATCTCCGATAGCAGTGCTTTCAATTC
LG6	ref-4380	39.062			AAGGAAAACTTTCCCTCAAGTTTGTATAGAGCTGTCACAGTAATACTATTAATAATATAGCAATAGTATACTGTTGCTCTACAGAATAAAGTTGCAGCCGCTTTTCATATT CACTGAGTGACCAAAGAATTACCGGTATGTGAAATCTCAAATGTCGATCTAGAGTGGCGTAAAAGTTGCATGAATTCGGTCAGACCTGTATCTCGTTTAGGACCACATATA AAAGTGGCCCAAATTTGTGCTGTTACACTATGAAAAAACTTACCTAATCTAAAAGATTGAATATGAGCAAAATAATTGGATTGCCTCCAATCTGAATGTATCTGAATAA CGAAAGATACACTGCACTAAATGCATCCACAACAA
LG6	ref-52302	41			ATGTGTTTTACGAGGCAATTGCATTGATAAG
LG6	ref-37666_17	42.533			GAGCCATTCAATTTGCTACTCTGATTGCACTCACTATGTGCAATTACACTGCATGCTCACTCTTGACATATCCAAGGTAAATCATCACCACCTTTCATTTCTTAAGTGTGTTTT GTTGAACTTATGATGTCGTTATCAGCTAAAAATGCATGTGCAGATTGCTTTACATCCTGAACAAGTGAGCACCCGAGTTCGAGTTGCTTTACATTACAGAGAA[C/T]TGTGC CACAGTTACAGTGCAACCGAACTCAGACCACCTACTACAGGTAGTCTCGGGTTCAGTACCCTGGTGCCTCTGGGTCTGCATGACAGCTTTTAAATTATCAATATAAAATC ATGCACTGTTACGAACTAAACTGCCAGTGTGAAAGCAACCTATTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCCTTAAAGCAACAAAAAATTTAATTCCTCTTTA
LG6	ref-30675	43.449			CTGAGGGAGTTTTGACAGTGTGTGTGGCATGTTATCTTCTCAACTAGTCATAGTCAAGAATGAGGATCAAACCATAGAAAAACAGACCGAATCTCACATAGGTAGTGGTGA TCTTGAAAAGTAAGATTA AAAACAGCAGATATTCTAAATGATAGTTAGCACCATGATCCAATCCACCTGTATGGCCATCGTCAACCCCCACACTGGGTGGTGAAAGAGA ATATTGTTCTTAGTAGTACTGAACTACTAGGATGAACCTAAGTGCATAGAGATTAGTGGTCAACTGATATTTTTTCAATGGCTGATGCTGGTATAAAATTGTGAAAATGG CGATGGCCAATACAATAAAATACAAAACTATGACC
LG6	ref-32144	45.167			ATGTCTGCACCGACTTGGATGCCAAGCAGCT
LG6	ref-49029	45.577			ACGGGGGTAACGAGTTTAGTGATCCATCCA
LG6	ref-13947	46.179	Chr18	19147436	TGTCATTGTCTCGGCGGTGACACATCTGCTTTTGGGATACGATCCGATAGATTCTACGGGACAGAAAAAGATATTGATGCTAAGACAACGTACACAGTGATAACGATCTT CGAACTGGTAATGAATACGGACTTTGTGTTGCCGTAAAAGCCTATAAACCTACAGTTATTACTTAATGTCAAGGGCAAACACAATTACAGCTTTGCAACTGACTGTGATGC CTTTGCCCTTTGAAACATTTATTATTTGTTCTTCTCTGAGATGCCAGGAGCCAAACAGAGGAGCAAAAGACGACGGAACTCTCTATTGCAGTCACGTCAGGCTAGAGAA ACCTACCGACCAAGTCAGGGCTTTTGATGAGTCATTCTAAGGATATGGCCTTCAGCCAATCAATCTTCTTTTAGACAAAAACACAGTCATTTCCT
LG6	ref-54843_17	46.776			CCATGAAATAATGCCGTTTTTCTCTGCTCGCTTCTCGACGACTGGTGCTTCCCTCAGCACAAGTTTGGTATCGTTACAAAGCGCAGCATTCAAACCTTTGTGAATATTCATA GCATATTCTCGATGGCATAAGTCTGCACCAATGAAATGTGATTTTCAAACCTCATGCCGATGTAAACAAAATGATCTTACTTGCGCTGACCGACAGATCCGAAGCA[A/G]AT GCACAGAAACGCCCTCAGGCGACGTGCGATCCCGATATACACATATTCACAGAATTACAGTATTTCAAAATGTCTGTCTTGGCTAGTATTCACGAAAAACATTATCTGTTAT GTCTTAAGTGAATGTTTGGTTAACTGTTGGGGGAAAAACATCTCACGTATAACATTATATTCGATCAGTGCGGTACAGTAGGTCTTAATATATAGGCTGTTT
LG6	ref-8211_32	47.046	Chr18	15151287	TCTTAATGGCTGCATCACGATCCTTCCCGAAGGGCTCAGAGTCGTACTCATATGACAACCGGGTGATATTCCACTCCTATGCAGAAAAAAGAGAGGGGAGAAGCG AATCAAAGAAGTGGCACAGCATAAACACACAGAGCATGGCTTCACAGAAAACAGTTGACTAGTCTCTAGGCAGTCTGTTTCGCTGACCTTG[A/T]ATAGTCTTGAAAGACA TCTGTGGGTGTGCCCTGATGACAAAGAGGCGAGAGTTAAGTTTGCGAAGGCTGGCGTCCAAGTCTCAAGACACTGCAGCAAAACCTGTACATAAAACACAAAGAATA ATCCATAAACATTTAATCTAAACAGCTAGTGATGAGCAAATA
LG6	ref-5826_16	47.637			TTCTGCATTGCGGAAATCATAGGACCCTGTATTGTATTTTGTATCATATAAATGCAGCCTTGGTGAGGATAAGAGACTTCTTTCAAATTTTACTGACCGCAAACCTTGTGAC AGTGAACATTGTGATATTTTTGTCTATTCTTCAAACAGTCACATGAGACCATGTGTGACTGCTGTGCACC[A/C]TTCTCGTTCAATTGCTCTGCATAGTGATGCTCACTTT CAAGTGGAATTGGCTCCTTATCTTGTGAGTGACCAAGCCATAAAACCAGGAAGAGTTAATGTGCGCCAACAATGCTTAACCAGATAACAGTGCAAGTGCGGGAAAACTG CTAAAATTGTGTTGTTTTCCGAGAACGATTACTCAA
LG6	ref-54816	48.2			ACTGATCAAACGATTGGTCTGTAGTTAGTC
LG6	ref-3022	48.232			CTCAACCACCTGTAACCACTCCAAAACATATTTCTTAGAAGCTATAACTACATTTAAAAATAACCTGCTGAGCCCAATGCACATATTTACATACTGGCTATGATCTAATGTT AAATGAAGGCCATGCCTTCTTTCCTGGACTAAAGATCACATTAAGTACATACTACACTCAGACGCTGGCACTGTAATCGTACCTCCATAAATAGTGCATTCTTTGAGCTTC AATAAATAAATATAAGTCACACTTTTAAGTATGAAGTTGTATAATTTTATTTGTTGAATGTAAAAAATAATAATAATTGTATGAAATGTTTATAAATGGCCTGTT TCTTTCTGGGGCCTCAGGGTGGCAGTGTTGCCT
LG6	ref-73037	48.988	Chr18	13720304	TCTCATCCCTGCTCTACTAGAAACACTGTGAGAAAAACAACATGTTCTTCTCAACAGATAAGACAGAAGACATCATTTGACACTGCACAGAAAACCGTCCCTATTACAACA CCAGCCTGTCCAAAAGCAGTAAACACGGGCTCTGTTTTTGACGCTACATTAAATTGACCAGATCTGACTTTGCTAGGTTAGATTGGTTATTGCATCTCGACAAGAACGCC CGCGAGCCTCCGAGGAACTCTTGAACCTCTTGGCTGTGTATAGGTTTCGTTAAAAGCACCAGGTTTAAATGATCCATGAGCATCAGATGCAGGTTTCTGGGTGTGGGGCATT GAAATGATGGATTGATCTGGATATTTACTCATTCAAGCTGCTGAAATGTGCCGGCTCATGCAGCGCTGAAAGAGAGAAATGCATTTGTCCTGTGCA

LG6	ref-31950_2	49.432			C[A/G]TTTTATGCCGACTTCAATGCCTATTTGACA
LG6	ref-69120	50.107	Chr18	9760749	CAATGCTATAAATCGCAGCCGAGTTATATAGCTATGATGCTCGTTTAAATGAGATACTGTTTATTTTCTTCCCATTGCAATAAAGTTAATAAGCGTGCGAGCAGGGATGGG AGGCAGGTCGGGGCAGTAAGCGGCGAGTTACCCAGGGATTTTCGGCTTTCACCCGTTGCCAGCAACCGCGCTCTCCGCGGCAACGACGAGTGTCAAAGCGAGGCGCGTGC AACAGGGCGCGAGACTGCGAGAGAGCGCGAGCTCTATAATAGGAGAGGGCCTTGTCGCTTTTGTTCCTTGGTCTGCATGAAGGTCCATTAGCACCCATCCATCCCATCGAACG GCGGATCCAACAGGGCCTAGAGGAGGTTTTGTACTGATGCACCACCGCAGCCCTCTGATGGAGAAGAGATACAGTGACCCTGTAGCTTCAAGCACAG
LG6	ref-34174_9	50.505	Chr18	21668714	GTTTTTGTCTTTCCAGCACTGTGTTGAACAGAGAGTTGGTGAACCCGGCCAGTATGAAACAGGCCCTGATTGCCTCAGCACGCAGGCTGCCAGGTGTCAACATGTTTGAG CAGGGCCATGGCAAACTCGATTTACTCAGAGCCTACCAGATCCTTAACAGCTACAAGCCACAAGCC[C/T]GGCATGTCTCTCGCACACACACAAATATTGCTTTCCTCTCTT TGCCTTCACATTAGCATTGATGTATTTAGCAGACGCTTTATCCAAAGTGACTTACAAAAGAGGGGAAGCATCCTTCTCTAGCTTTCTGCTCGCATAAAATGCTCAGTTTCT TATTCATGTATGCCAAATTGGATCCATTAAAAATGTAA
LG6	ref-46338_2	50.83			G[C/T]AGTGTCTTCGATGGAGGTGCCATGATATGA
LG6	ref-27765	51.247			AATCTTTTCTAATGAATAAAATCAGCAACCTCTCGAGTTTGTCTACTTTCAAATTCAGTTTCCTTGTTTATTTGTATTCTTTTCAGCCTGGTGTGGCATTTGACACAAATA TTTCTATTTGATGGATGCATTCAGATTCTGGTGTGTTTTGGTGACTCCTTTTCACCTTCTTAATCACACTGTGAGTATCACAGTATGAGAATGGTTTGATGTAACTGCTCAAC ATTTTGAATTCACAATGAGCTCACATATCACAGTATGAGGATCGTTTGAATTCATAATGAGTTCATGTATTAGACACACTGTATCACGAATATTGCTCATGAATTTATGATG AAAAATTTGTTTGACTACTTGTACACTGAAAAGATACAGACCAAAATGTGATAGATAGATAGATCTGTATGCATTAATGTACTCATAATGC
LG6	ref-28728	52.037	Chr16	4298174	AAAAAGCCATAAAATACTTGCAAAAAAATCATTTTATCCCTGTTTTATTGATCACAAATGTGAAAAAGACAAACGTTTCAGCTCTCAAACCTCAGTGTGAATTCATTAT TTTATGATACTGTCAAAGACTTTGCAAAGAGATTACTGATGGATGGAGCAGTTACTCTGTATATTAGTATCAGTATTACACCTGACAGAAAAACGTCCAGCCATGTGCA AAACAGCGATGCTTATTTTAACTGAAATTTTGATGCTTGTATAGTAGCCTTAAAGGGAAAGTTCACCCAAAAATAAATGTTGTCACTACTCACCTCTATGAATTTCTTTCTTT TGCTGAACACAAAAGAAGATATTTTGAAGAATATGATTTAACAGTTAATGCTAATTTAAACAAAAGAAGATATTTTGAAGAATATGATTAAACAG
LG6	ref-15654_16	52.369			AGAGGAGTTCAAGATAATGCAAGTGAGAGAGAAGTGCTGCAGTTGGTCTTAACATAGACAATTTACTCTGTTTGAACACTGCTTTGAGCATCTTCTCTTGCTTTGGCATATA ATCTCACTGACATTTATCATACAAAATGATATCACACAAGACATATTTTTTAAACATTAATAACTCAATTGGCTTTTTCTCTTTACATTAACCTCCAGCGACAC[C/T]AGTGC ATCTATTGTGAGTAAAGTAATAAATGTTTGTCTTTGAAGTGGTTTTGTTAATAGTTTTCAATAAAGGTTATTTTAGACATCAAAGTGTGTACTGACAGAATAGAGGCCTATA TTTTGCATCAACTCTGAAATTTCAAAAAATCTGTCACATAAGTAGCACAAAGACGATAAGTTGAAGACATTCATCTTTATTCTGAAATAGAGAATACA
LG6	ref-68385	52.785			CATTCATTTTACCATGGTGAATAAGCAGAGGGTAACAGCTGCTTCAAACCATTTTGAAAGTTCATACGACTGCCACTAGGGGCATTATATGCGATCAGACACTTTAGT TTAGAATTAATTTACATACACCTGTGTTTGTATTTCTACAATGAATTTGAAAACCAAGTCTTTGGTGCAGTGCAGTCAATCGTCTTGAGCCAAGGAATCAGAGAAAAA AGAATTTTGTCTTAGCCCTTACGGTTCAAAGCTATTAGCATAAACATGAGTGCATCTTTGAATAGTTGGTGGCGCTAAAGAGATTGAGTTAGATACTCCAAAATTGCTGT GGTTAAAGTTCAGACTGTCTCTATCTGTGTGCCA
LG6	ref-2268	52.831			ACAATATGTGCGATTTTAGTGACAGGACCAAT
LG6	ref-32621	53.27	Chr18	14484609	CATTAAACAAACCCAGTGATTTATCACAGGCTGACCTATGGTGACACTAGGCTCTCCCGCACCTAAGGGGAGATTGATGGGACCACCAACATAAAGCCTTTGAAGTTGTG ACCTTTCATTGTCTTTTCTCTGATTTCCCTCTTTCTTTAGGTTTTATTAGTAGTGGAATGTGAAAAAGCATTTGGATCCTCCATTCTACACTTGAACAGTGCTGTGGTTTTTG TTGGTAACTGCTTTAAGATCCCAATGTCCATGCCTGTGATAATCTGGTGAGTCCAACAGGTGGGCACCTACAACCAACCAAAGTAACAAATAGATGTATATTCTAAATAC TCCTAAGTGTATTGTATTCTATTTTAAACATGT
LG6	ref-24330_26	53.661	Chr5	15874094	CTTAATCTTTTCTTTTCAGCCATTCTGGTGTAGATTTGCTGGTGTGCTTGGGATCATTGTTCTGACTCCTGTTGCATGACCCAATATCGGTCAAGCTTTAGTTGCTAGATAG ATGGTCTTATATTGACTCTAGAATGCTTTGGTATACAGAGGAGTTCATGGTCGACTCAATGACTGCAAGGCACTCGGGT[C/T]CTGTGGCTGCAAAACAAGCTAAAAATCA ACAACCTCCATCTGTGTGATGGACAATTGGTATGAGGTGTTTGTGCTGTTATGCTGTGTTTTACCTAATTTGGCGCTGTGCATTATGGCCAAACATCTCCACTTTGGTCTT GTCTGTCCAAAGGACACTGTTCCAGAAGTCTTTA
LG6	ref-66674	53.759			GTCCATCGCTCGACGACATTGCCCGGCAACA
LG6	ref-17287	53.975	Chr18	4697407	ATCCTTCTTTATTAAGATCTCAGCTAGATGGCGGCTTTGGTGTAAGGGAGAAAAATGACAACACAGGAAGAAAACTATTATTTCTTCTCTATTTCAATAAAAAGTGACCATT GACAGTACTCAGAATTTAGCTCGAAAAATGAACTGCGTCCCATGATCTCAAACGCATTATGGATCCAGCAAGCTTTCCGGCCTCATTAATGCTGGAACATCTGCAGTCCAC TCACAGATGGCCCATGGGACTCCAGTGACGCCTTTAAACAAAGACGCCCGGTGGAAGAATAAAGGTTGGCTGAATTTTCTTCTTTTATGTTGGTTTAGTCTCTGTTAATGC ACGCATTTACACTGGGAGATTGTCTATGTTTCC
LG6	ref-37692	54.662			CGTTTGAACCCGAAAGCGCTGCGGCGTGAAG

LG6	ref-15055_24	54.677			CTTTAGCGACCGACTCCCATGCC[A/G]GTGGACCC
LG6	ref-26146	54.92	Chr18	10953188	TTTCGCTCCCAGCATACACCAATATCTGTAATAACAGGTGGCTACTGACGAATTCGAAAATTCACAATTGTCAATGCTACAAACACGCGTGCCGGTCACTGAGGGTGTTC TGTGAAAACACTACAGAAGTCCATCACATGCTTATGTGTGAACCACACATAAAAGACTTCATTCTCTGTGTCATGGAGGTCTGATGATTATAGTGC GTTATATTATACAGGGG AGGAGTGTGATTGGAAAGAAACAGCTGAAC TTTTTCAGTCAGTAGTTAAGGTAGAAAATGTATTATGGGAAATCAAGTCCAATGCCTTGTGCTCACTGAAAACGTAACA GTTGATTGACCAGACATTCTCTGAAAAACAAGACTGG
LG6	ref-14655_8	55.129			ATGACATAAAAAAGTCAAACACTTCAGAAACAGTAAAACAATACCGAAATCACGCCATGAAATGTTTACAGATCTTTTACACACTTTAAAGGGGGATAATAATAATAATA ATAATAAAACACACACATAGCACATACAAAAGCTGAGGAGT TTTTAAACGATCGCTCACAGTAAACAAGTCTCGAAAACGAACTCACCCACGTCCATCC[C/T]ACGATAACG ATGCAATGTTGGAATCACTCACGGCACAAATTCAGTGT TTTCCAGTCCCGTTCGATCCACCCCTGGCACACGAAAGAGCACTTTGGGCCTTATATTACAAAGAATATAACTA GTCTCCAAAATGACGACACATTTTTCACGCAAACAATTCACATGCAGCTGCTTCTCGCCGTGTGCGATGCTCCTCCCCTCCTCCTTCCGCACGTAACCTCACGT
LG6	ref-61766	55.149			AACGAGCGAACGAATGATATGCAGACAGAAC
LG6	ref-72067	55.482			TGCTGCCACACGAAAAAGATGCCACATCTT
LG6	ref-15319	55.57			AGAAAGAGAAAACATGACAGAATAACACGACGGATATCGCAGTCTGTGCAAAATTACTTTTCAATACCAACCAGATACGATACTGAATTTGGCAGAACTAAAAATTTTTT TTAAAAATGCCATTTATCACGTTTTTGGAAACCAAACCTCTCATTTGCAACTTGGATATATGCATATGCAAAATGGATACACAGAAAAATGCAGGTTAAACTCGCAGCACATG CAGTGATGAAGCTTTGATATGTGAATCATGCGCTTCTTGGCTGAACATAGTGCATTTTCATTCTCAGGAATGCAAAACAGGTAAGGGGGAAAAAAGGTGAGAACATTGCACG GGGCTGGGGCATGCTGCGCACTTAATTTTTAAAGTTATTTGCTTTACATTCTCATTTGTAGTTACTTATAGGGTGATAAAAAATAAATGAAAAAATCC
LG6	ref-42188	55.596	Chr18	11832437	CCAGAGTTTGACCCAGGTCTGAATACTCATCCACTCTCTGGCCACGGTACACAGGCCTCTCAACAGGAGGCTGTTTGTACGCGCTCGAGTCCCTCTGGCCGGAGTGCAAT AAATTAGCTGGACTTTGTTCCTGCATGTTTGTGGAGCTTCTTTGTCTTCCCATGGAGCGAGAGAGTGGGCGGCTGCTCGTTGTGTTTACTGCAAGGCCCATCCTGACCAC CGATAGGATGTTTATCATTCTGCGGCTCTTGTGTGACCCACAGGAGCACGTGGGAAGGAAAAATGAGGAGAATGACATTGGATGGATGAGAACCAGCTGAAAGAATGCA GAGAGGAACATGTGCTACAGGGATGGGAATGTATACC
LG6	ref-51112	55.74			TGGTCCCAGACCTCTCGCTCTCTTGAACCAAGTAGTCGACCGCTGGCATGTCCGAGGGTTCCTTGACCAGGGGAACAGTGGGGGTGGTAGCTGAGTACGCACTGGAAC GGGGTGAGTCTGGTGGTAGGCTGCCACAGAGAGTTTTTGGGCATACTCGGCCAACCAGGAAC TGGTTCCAAGAGTCCGTGGCGCTGGCAGAAAGGTACGAAGGAAGCG CCCTATCTCTTGATCTTCCACTCCGCTGCCCCATTCGCTGTGGGTGGTATCCTGAGGAGAGGCTAACGGTCACACCTAGGAGTGTGAAGAAGGCCTTCAAGATAAACTGT GATCCTCTATCCGATACGATGTCTTCAGGAATTCCAAAATATCTGAAAATATGATTGAACATTAGTTTCAGCAGTCTCCATGGCCGTGGGCAGTCCTTT
LG6	ref-40966_19	55.904	Chr18	9821613	TTCATCTTTATTGTTAAAAACAATATTAAATTATACATTATAGGCAAAAACACCAGTTCAAATGTCACTGAAAGTGCAAAAACACTGATTTTCAGGACACACAAGCCACGCTT TTCATTATATCAAAAGTTTGTGCGGAGCTATATAGTCCTCAGTTCA TTTCCCGCGCTCTCAATGCCATGCAGCGTA[C/G]TCGTATCTGTTCTGTGATATTCGGCGAGAAGTG TTTGATGCATATGGATGTAGAGCCGCTCAGACAGCTGCGACTCGGTAGCAAACAGAGTGTGCCGAGCATCCATCGCTCTTGCCCTGCCCTCATCAGCGGGCCTCTGGCTAC CTCACACACATGCAGTTATCGACAGCCCTCGCTAAT
LG6	ref-41336	56.031			AGATCTCAAACGAACTTACTGCTCGGCAGAGA
LG6	ref-34704	56.063			TGTTGTTGCTCGATGCACATGCTATTCCCAT
LG6	ref-19618_2	56.246			T[C/T]ACTCTGGACGATAGGGCTGCTCTTGCTCTT
LG6	ref-57199	56.343	Chr18	35795414	TTTTTTCTCTGCATGTCATGTGGGGCTCTGTAATGAAGGGACAGAAAGCTCTTAGATTTTCATCAAAAAGATCTTCATTGCGTTCTGAAGATGAGCGAAAAGTCTTACGGGTT TTTGAAGGACAAGAGGGTGAGTAATTAATGACAGAAAATTCATTTTTGGGTAAACTGTCCCTTTAAATTGGAAGAAATCAAATAAAATCTCTAGTCGTCGACATTTATGCA CTCTGTTTCACCTCATAGCGGCTCTCTCATGAATTGGACACTGAAGTTTAACTTTGTCATCTCCGCAATGCCTCCAATGCTGTGCGTTCTAACTACGTGGTATATAAAATCTTA TTTTGCCTGAGAAGTCACCTTGTCATTGCCGTATGCACTGTACGTGATTCA GTTGTGCGTTGGTGTCTGAAATGAGGAGGCAAAGTCCTTAG
LG6	ref-45591	56.504			GCGGTGATGCGGGAGCACATTGAGCTGTGATCAGTGCAAAACAACGCGATTATACACATTAATCCATCATCTGATATGTAGCTTACAAAAGCTTTATAATTTAAATATATA AAACGTTAAATATTCTGCTCGATTTCTTATGAACAACCGCTTTGTATGAGCTTAGGTCATTTCTCGCAGCTTCATCGCTGTCA TTCATCTCGCTGTAGCTTTTCATGTT GTTTCATGTGAGTCATATGACCACCGACACGTGATCCAGTGAGAAGAGGGCTGATGGGATATGTCGTTTTTAGCCAGATAGGCGTAATGCATGATGAAGTTTTCATTGAA TGGTTGTTTAGTGTGGATTATTACTACTTTTGA
LG6	ref-70875	56.823			AATGCAGTTACCTGAAATGAGCCCAGGCCACAAGCATGTTACCAGTACCTGAAGCTTAAGCAACAGCATGTTGCCAACAATACCTGAAGCCTTAAGCAATGAGCATGTTG CCCTTACCTAGATGACCTAAACAAGTATGTTGCCAATACCTGCACATAAGGCATAGCAACAAGCATGATGCCAAAAGCTTAGCACACAACAGCATATCCCATGAATGACAT GCTGTCTGAAATGAAGAAAGTGAAGATTGAGTTATCAAAATGAATCGACACTGCTTCCTTAAGGTTTGTATCCGCACTCCAAGTTCAGTTCCTTGATGAATGTTACTACCA

					CCTGCTGGTATTGACAGTTAATCCTCTCATGCAGGTGCAGAAAGTGCATGCTTGTGTGGCTGTAGTCTTGTGGTAAACCTTCATCCGTGTGAGTTGTCTTA
LG6	ref-7063_32	57.179	Chr18	2465680	ATCTTCTTCTTTAACTGAGGCAACGGCCCCATGGAGAGGAAAAATAGGGTTTTATTGGTGTCTACAGGAATGGGTACATTGAATATTCCTCCTCAGGATGTCATATATAAAA TATGGCGGGATTTCTAAGAGGTGGGTGGTATGTTATATAATCATGTCAAAAAGCTCTTATGACACGTGCAGGGGGGTCTGGAAACAACCAA[A/G]TCCTGTTAGTGTGATG TGAATGAAGGAGATCCATGGAAACTAGAGATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAGGGCTGGAAGAGAACAAGAAACAAGGTTGGTGGAAATTAGATGAGACACAG AGTCAGAACAAATATTCAGAGTGATAAAGAGATGAAGAAACTGACA
LG6	ref-41310	57.428			CTCTTCGATACGACCAATGTGCTGTTTTTCCT
LG6	ref-56412	57.59			CCCTTTAAAGCGACATACTTGCCCCAAGTGG
LG6	ref-32452	57.695			TAAAGGAAAGCGAAGTTTGTGCCATGCAATA
LG6	ref-21625	57.936			GGGTCTTTCCCGAAGTTTATGCACTTACTGG
LG6	ref-9982_19	58.248			GTTACCGATTATAGATCTTACGTTTTCGATAATTGCAAAAAGATTAGAAAAATAATCTATAAAGGCAGACACAAGATAATGTGAAACAAGCATTATTTTTGATTGACAGCA TGAGCAAAATTCTCTGGTAATTAGCCTTGATGCCGAAAAGGCTTTTGACTTTTGGCTCACCCCCACATGCAATGCG[C/T]TCGCTCCAATGCTCTCGTTACCATTACAGGATCA TAGGTACCTGCGCAGTGACACTGAGAGCACGAGCACCAAGACAACAATGAAACAATCTGCCCTTACCTTTAGCTGAGGTAGCATAGACATGCCTAATGAGTCACCTATG ACAACAGCGTTGTGTTCGCTCTCGCGAAGGACAGGATAA
LG6	ref-55589_29	58.412	Chr18	5166572	AGATGACACCAACTGATGAATCCCAACACTGACGGTGGATTTCAACTCAGCGCCCGCCTCCTGTTTCGCCTCGACAGCCACGGCGCCACCTGGACCTTCATCTCCATCTC CTCCATCATCTGGTCCACCTGAGCGATCTCGGTCTCCAGCTCTTTGAGGTCCACCGTGTGCATATTGCGATCGGGTTCGTACTTC[C/T]TGTTTTGGACACTCATTGCTCGAGC AGCCACGGTGGTGGTGTGCGGGTCATTCCCGTCTGGATGAGGTGTCTCGTTGGCACTTTGAGAGGGAAATCCTGTCTATCTCCAAGGATCGCCTCATGTCCACCTCCAGG AGTTCCATGTCTGCTGGTGAAGAGCACCCAGAGGCG
LG6	ref-33812	58.69			AGAAATGGATCTTTTGTCCCTCCAGCCAATGCCTCCACTCTTCAAGTGCCAACCTTGATGGCCAGAAGTTCTCTGTTGCCGATGTCATAATTCATCTCTGCCGGGTTGAGCT TGCGGGGAGAAGAAGGCACATGGATGGAGTCTGTCTGGGATTCCCCTGCTGCTGCGAAAGTACGCTCCTACTCCTGTGGTTGAGCCGTCGACCTCCACGACGAAGGATTGTCT AGGATCGGGATGGACCAGGAGAGGAGCGGTAGTGAAGGCTTCTCAGAGGGTGTGTAAGGCCTCTGTGGCAGCTGGTGTCCAGGACAGAGACT
LG6	ref-56522	58.718			GTTTAATTATATTTTATTTAATATTTTGTAGGAGGTACAGTTTCATCATGGCCTGCGTCTGAATGGAGATTGAAGTGTACTGATCCCAGCAAATGTTCTGACCATGATTCCA GTTTGGTCGTTTCTTTGGGAACTGTTCCACAAATGTTCTTTGTGGGTTTGAATTTTTATTAGCTGCACGTAAGTCGCAGTTGGGTGAGTTTGAAGGGAAAAAGAACAACA CAAAACAGATAAAACACCTTTTAAGATAAGTTGTTAGTGTTTAGTGTTTCTGCATTTAATGAGGACCAGTTAATTTTGTGCTATTCTGTAATGTTTATGACAAAGCTGCAAT CAAAAGTTTAAACTCTGATAATATTATTTAAA
LG6	ref-5145	58.925			TGTCTTGCTGCGAGCCCACTGCTGCATTGCT
LG6	ref-21018	59.011			GATCGGCTCACGATGCCACTGCACTGACATT
LG6	ref-31875	59.324			TCAATGCCGCCACATGTGCACAGCTGTCCAGGGAGGGTCCCCGAGGGAGCTTCGCTTCCTATGTGGAGTGGGTGCTGGCATCCTGCGGATCAGCATTATCGTCGAGGTTG CTGCCAGCCCCACTCCCCATCCAGTGCCAGCCAGAACCATCCAGACGTGAGGATGAACAACCTGAGGCCACCGCAGGTAGTGCATGGAGACCGGCGCGACTGATGTG CCCACTAGAGCGATCGGGGGTTACATCGCCATGGAGCCTGAGCAGCATGCACCTGACCAGGTGTGTGAGCCGGCCGAGCCATCCATCGCCGAGGGAGAGTTGGTGGACTT CGAGGGTTCTGGAAGTGAGCCCCACCCACCCACGTCACTGCTGGACTCTAGGTGTGGAGAGGACATTTTCTAGCCCCAGTACTGTTGCCTGAACCTATCT
LG6	ref-25282	59.357			ACGGGAAATTCGAGCATGTTGCCATTGCGTT
LG6	ref-57833_28	59.427	Chr18	33276381	AGGAACAGGAGGAGAAGGAAACTTAACTCCATATTGTTTTCTCGTATGACTGGTGTTTTCTGTACATTATAAACACACCAAGCACTGCTAATGCTGCACAGGCCCCGAAT GCTGAAAATGCCCATAGGATTATTCCAAAGGCTCCTGAAAGGATAAAAAATTCTAATGTTTTGGGAATGCACTGGTCTCGGGCTTG[A/C]TTTGGCCATGTTTCCTTTGAAC ATGTCAGGCAATCGTTTGAGTCTGTGGAAAAATTTGTGAAAAGGGGCAGCATAAAATGTTTTTTTTTTTACATTAATTTATTGATTGATTAATTTCTATATTTGTATTA GTGTTCTGTATTATTGCTATTCAAAATTACTTATT
LG6	ref-43459	59.893			TGCTTTGCAATGTATTTTCACTGTGTGAGAACATGATGGGTGGCGTGAGAGCGGCATGGCTTGTGCGACGTAGCAACAGTAACCTAAGAGGGAAGGGTCTTTGCAAAAAG TTAATTGCAATTTCAAAATCATTTAAATCTTTCTGGACTTGGCCGGACTIONGACTCAGACTCGGATGCTAAGGACAAAGGTGGACTCGGACCCAACACTAGACGACAGCGTTC CCCGGGTCTGAACCTTAGCTGACGACCATGCTTGCTTGGGCAGCTGAAAGCATCGGGCTTGAGTAGAACCTCCACTGTGTCCCAGCGCTCAAGGCTAGATGATTGGTTC CTGGGGGCTGCACGCATTGATCGTCAGCATCCCCCTGCCAGTTCCCTTTCTTTCCGGTAGTGCATGAGGAAGTCACCAGTTCATGAAAGGCACCTTTATC
LG6	ref-4859	60.292			ATGACACAGTCGACGGCGCTGCTTCCGCTTT

LG6	ref-70213	60.55			AGGGTATGCGGGGATGCGTCCAGTGGAGTGCTCTGTTGTGAGGCAGTTGTGTCCTCAGAGCGCCGCCACCTGGCGTAGAGATCCCAAGCACCTGTCCAAAGCCTGTAAGTTCATATCCACGCTTATGGGCAAGGCTTACAGAGATGCAGGTTCAGGCTGCTTCTGCCCTTGCATGCCATGGCCATCCTCCAAGTACACCAGGCCAAGGTGTACAAGGGCAGTGTGACCCAGGGCTTGTGTCAGGAGGTGTGCACTGCTAACAAACCTTGCCCTATGGGCAGCCTCCACCCATCCTGAGATGGGCGACCAAGAGTCAGAGACGTGAGCTCTCCAGGAGATGGTAGCAGGACCACTCCTTCCCCAGAGGAGGGCGGGGTAATCCTTTGTTTTCTTTCTGTTTCGCCACTGGCCTCTTGCCAGCGGTAC
LG6	ref-3927	60.721			TTGGACTCTGAAGAGGATGAGGAAGCCGAATTTCCGCCCTCCGGATGGTCGTTTCAGGCTGAATCGAATTCAGAGCTAACAGCCATGCTTGCTGGGCCGTCTGGGCATCGGGCTCGAGTGGAAACATTGGGCTCCACCATGTCTGAGCTCTTGAGTTGGATGATTGGTTTCTGTCCAGGAACGACATCTCTGGTTGGACCTGGCCGAAATGAAGGATGCGACAAAGTTCGATTCTTGTGCGCCCCATTTCCCAGGCCAGCCTCTTC
LG6	ref-70496	61.305			AAGGCATGAAATGTTATTAGAAATGTCTCTGCATAATGCCAGACTGGTTTTATTGTGGATCTGCTTCCAGATGTGCATGTTGATGATGTACTGTTAACACTGAGGGTAATTATTTTCAGACAGTGTGATGTGATTGCTAATTGTGGGTAATGAGTCCAGGTTGGAATTATGGGTGTTATGTATTTGCCTCGGAATAATGGGTAGAGCTCAAAGCTGTTACAATACATGATTTACAGTGCATTAAGAATTGCATTCTGACACTTTTGCATTGCTAGAAATAGTTTCATGCACCTTGCGTAGTCACTTTGGAGAAAAGCATTAGCTAAATGATTAATTGATTACAGTCTTTGGGCACAGCATTTCAGGAAAG
LG6	ref-30839	62.117			ACAAACGAACCGAAATCATTGCTCTGAAAGA
LG6	ref-58548	62.377	Chr18	7660146	AGCACAATTATTGCATCTTGGAGCCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTAACTGAAACACCATTATTTCAAGTTATATATTAGCAATATTAAGACCTGCTATGACAGACTGTAGCTTGTGGACAGAATTTATTAGAACAGAAAGGACCTGTTAATCACCACCATCCACAATAATGGGAGCAATGTACTCGGAATGACGAATTCCAAAGGAGAAGCTGGGAGCTTTGATTCTGTGAAAGTAACCTGTTGAGAGAGACAAAGGAAACAGTTTGTAGTATACTAAAATACAGTAGTTTAAATAGAGAGCAATTCTTAAGTAGAAGCTGAATATATATACACTACATTACCATTCAAAAGTTGGGGTCTGT
LG6	ref-57160	62.994			ACCACAGCAACGAATTTGATGCCAAATGAC
LG6	ref-35047_28	64.568			AAATGTGCAATTCATAATGCAACGCAACATTCTCAGGGCTGCCACAAGGGGTACTATAGCGGGCATTAGCACCTGTCTTCTCTATGCTCAGTTCCATATTTGGAACAACAGTTTAAAGAGAATTTCTTAGTGAGATAGGTTAGTAAATGGCATAAGTAAGCAATAAGGTACTCGAGGCTAGTGCTATATCGTGAATAAGTCACAGACGAAGGGGTGCGAGGCG[A/C]TCTGCTTCGGCCCTTCAGCCGTGACTTATTCACGATACAGCACTAGCCTCGAGTACCTTATTGCTTACTTATGCCATTTACTAACCTATCTCACTAAGAAAATTTCTTTAAACTGTTGTTCCAAATATGGAACCTGAGCATAGAGAAGACAGGGTGCTAATGCCCGCTATAGTACCCCTGTGGCAGCCCTGAGAATGTTGC
LG6	ref-38335	65.189			TTTTGCCATATCGCCAGCCCTAATCCGTAGTATGTCATAGGGACATAAATGATTGAGAAATGGCACCATTTCTTGAAAATGACCTAGTTGTTGTATTATGTTCAACTGTTTTTTACTCTTCTTATGTCAAACCTCTATTCTGTTATCACTTAGCATTTGTAATACAAACATGTTGCACTTTCATTGTAAAGCAGTGCTATTGTTCTTCTAAGACGACCCAACACCTGACGTCTGTATCTGCCCTCCATTTCACTGTTATTGACCAGGCAGCTGCTCCTATAGACAGCATTGAATTTAAATGTTTTCCATAGAGGCATAACAAAGAACTCGCTGAGAATCCACAGTCACTGATCTGAATGC
LG6	ref-72600	65.497			ATTTTAAGCTCGAAGCTAATGCATCTCAGCT
LG6	ref-35327	66.206			CGTAGCCGTGCGACATGGCTGCATATATCAG
LG6	ref-23333_29	67.015			TAAGCCGACCCGAGGCTCATGCTAGGGA[A/G]GGA
LG6	ref-17807_30	67.869			TTTACCGCAGCGATTGAGTTGCTTTAACC[C/T]AG
LG6	ref-17807_29	67.884			GTTTAGTTGAGTTGAGTTAAAACTACCCAGCTGGTTGGGTCAAACATTTACCCAAACCATTGGGTTAAAAACAACCCAACCTGCTGGGTAAAAACAACCCAAACGCTGGGTTAAAGCAACAAATTGCTGTGTTAAAGCAACCCAATCGCTGGTTAAAAACAGCCCAATTGCTGGGTAAAGCAACTCAATCGCTGCGG[C/T]AAAACATCCCAATCACTGGGTAAAGCAACCTAATCGCTGGGTAAAGCAACCCATCCCAACCCAATTGCTGGGTAAAGCAATGCAATCGCTTTAAAGCAACGCAATCGCTGGGTAGCAACCCAACCTGCTGGGTAAAGCAACCCAATCGCTGGGTAAAGCAACACATT
LG6	ref-23448	68.081			GAGAGACAGATTTGTTATAAAATTGCAGTTTTCGCATACATGCTAAAAACCCAGTATGGACACTGCTGCAGCAATACAGATTTATAATTTATAATTTTTTAATAGCTCAAGCTGGACCCTTTCAGAGCAATTAATCATTGGGAAAATCATTTCAACTCTCTCTTGCCCGATCTCGTTCCCTTCTCCACAGCTATGTTTCAGGAGAGGTGGACGACAAAGCCGCTTCCTTCACATGAAGGAAAGGTGGAGAATCAGTAAATAAAGAACAAATCTGATCAAACCTGAGAATTCAGATATATTTAATAAGACATTTCTTTATGTGCACCTATTTTTTGTAATGTCTTGAGTTTTTTTTTTTTTTTATAATGATTTTTAATGCTGATTTTAATACTAATGTCCTTACATCAGTGGTGGTCAGATCGTGACCTTGG
LG6	ref-4327	68.644			ATAGCATTAGCGAGCTCACTGCAGATAACTA

LG6	ref-45426_31	69.144	Chr18	49382184	GAAGAGAAAGAAAAAGAAATGAATGAGACTACATGAGCAGGAAGTGACAAAAAGAAATGAAGAGAAATGTGCTGGACAGAATAGGAAAAATATGAAACCTGTACA GAAAAAGATAAAAGGAAAAATAATAGAAAAGAACTAGACAGGACAAGGACAGGAGATGTACAGAACAAAGGAATTGGCGGAACAGGAGAGACAACAATAAACCTCGAA CCCGGTGCTTGAGGAC[A/C]GCATGTGGGATATGATGTATATATAGCGAGACCACCAACATGAACAGAGAAGAGGAAAGATTGATGGCAAGTACAGAAACATGAAAACAT AGACTCAGAGAAGGGAATGGATAAGTGACCGATGTGTTGTGAGAACAAAGGAAGAGATCAGAGGAAGAAAGTGGAGTGTAGAGGAGGAATGATGGAGGGGGAAAGCAAT CAC
LG6	ref-26164_25	70.044			TCAGCCTCGAGAGAGTGCCTGTTCCATATAATCAAGGTAACGTGCAGGTGCCTTTGTTCCCTTGATCATATTGAAGAAACCTTGGTTCATGTCCAAAGGCCCTGTGCTAGGA GCATCGTGTCAATCGCAAGATAATATCGACAGATGCATCCCGCACAGGGTGGGGTGCAGTCAATGGAAGGGCACTCAAATCGGG[G/T]TTTGTGGAGCGAACATCACCTCCTT GGCACATATACTGCCTAGAGATGTTAGCTGTATTGCTAGCCCTGAGGCAGCCTGGAGATGTGGAATATTATGGGTCTGGCCCTGAGGGGGATCACTTCTTAGATGCAGGTC TCTCTGCTGAGGTTAGTAGAGACCATTTTAAACTCTAGAGC
LG6	ref-5576	70.975			TGTAAAGTACTAAAACCTAAGTTAAACTGTGCGGTCACATTAGCGAAATTCGCATAAGTTTCATTGACAAAAAAATTAGCATAATTAGCATCATTAGCCATTAATCATCA ATACTGGGATAGAATAAAATATGTGTCCATTTCTCTATGACAGATGCATACGTAAACATATGTAAAGTGCTAAAACATTGTGTTAAATGCAGTCACATTAGCGATATTTCCGGC GAAGTTTAAACATGCAAAAAAGGTTCCATTGTCAATCATTGGCTGTTAATCATCCATTTAGGCTAATGAAATCATGACGGCATAGATTTAATATATTATGTGGCCGTTTCTCT ATAACAGATGTATATGTAAAGATATGTAAAGTGCTAAAACCTTTCAATTTAACTGCAGCATAAAAAATGAAGTCACATTATTTTCGACAAAATTATGC
LG6	ref-20427	72.257			GATGTCAGACCGACACCGGTGCCGCTGCAAT
LG6	ref-20039	74.308	Chr18	35735740	TACATGATTGCTCAAGCAAAATCAACTCTTAAAAAGATACCTAAGGAAGGGGCCCCAGATTTTATCAAATTTTTTAGAAGCATCGATCCTGGAAAAGCAAATCCTTTTCGAG CTTGAGGGCGGCAACCATCTCCGCCAACCATTTTATGAAAAGTGGGGGTAAAGTGGACTTCCACTCCATCAAAATCACCTTTTAGCTACCACCATACCGAGACAATTGC TGAGAAAAGTGTCAATGCCAGTGTAGAGTCAGAACACCCAAAGCTAATTCAAAGTCTGGACTGATATCTTCTCCAAAAACATTTGAATACCACTGAAAAATATTCTTC CAAAACTCAGAAATCTCAGGGCAAAACCAAAAAGTACGAGCATGCGTGCCATCTGAGCTCTTATATCTATCACATAATGGGGAAACTGAAGGGTAAAT
LG6	ref-33957_31	74.481			CTGAGAGTGGCGAGAGAGCTGCAGGCTGCT[C/T]G
LG6	ref-48120	75.801			AATATAGAATATTCTGCAAACGCACCTTTTCGCATGTTGCGCCTCCCTTGACTCAAACATCACAAAAGCTCTTACGGTTGCTTGTGAAGACACGTCTCAACAGGTAAATGTA GGTACTCTCAATAAAAAAGTCCAACATTAGAAAATACTTTTCGCTGTGTTGCTATGTGTATGAGTAAGCAACTGAGTAAACTAACTGAGAGAGAACGCGAGTGTCTTGC TTATTAGAAAATAAACCCATTCAATGTAAGTGCATTGGCCAAATTTGTTTTTTGTACCTGAAGTCACCACTATATATATATATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT GTGTATCCACCCCTTGTTACAGGGACTCATTATTCCACTTCTCTTCATCAAACGCTGTGTTAAATTTGTTCAATATATGTATACATTTTTTTTATGTT
LG6	ref-59930_4	76.335			GTG[C/T]GCACAGCGAAAATGCTGCCTGACATGTT
LG6	ref-62129	78.888			ATATACAGTATCTGTGTCATCATCTGCAACTGGTCTGTTAGCGTTTATAGTGAAAAGTCTGGCTCTGTGAGACTAGCCAAATCTAACTTTGACCCTAAAGCCTGATCTGATC CTCACCATGACCAGAACAGCATCATGCCAACTCTATCTACTGAACTCTAACCTCAATAGCAAAATGGGCAATGACTTCGCAGACAGCGTTTGCATGCACAGGTACCTCCTA AACCTAAAGACAGGCTTCTGAGGCAGCATAACAATCTAAAATTTTACAACAAAATAGAGAGGCCTTTGGTATTAAGTAACTAGGCAATATTACTACAGTACTCATTTTATAGAA ATTAAATTTAAAGTTGAAAAAGTTATTCAAAAACA
LG6	ref-2572_1	80.767			AGAGCCCTCGCTGCTAAAAAGGGGGGATCATGGTGCTGAGGAGGTTGGGCAGCATGAAGTAGCGGAGACCACAGTGGCTGCCAAAGGTGGTGGTGCTCAAGCAATTGAG CAACAGGTGGGATGGAGAGCTTGCTGTGGTACTCTGGATTGAGGAGGGGTGGCTGCGAT[C/G]CTAGAGTTAGCAGAGGAGTCGCCTCCGTTTGCTGAGGCCGGAGCCTG ATGCCATGTGCCATGATAGGGGATGAGCAGGGAACAGGGGAGGAGCTGCCTGTTGTCCAAAACAGAGGAGCCATGTCTGCCGCCAGGAGGCAGAGGAGTATTAAGCTG TCCACCGGGGAGTGTCCAGTAACATTGCATGGCATCACGAGTGA
LG6	ref-29102_17	83.861			TGGTTGAAATCGAGAG[C/G]TGTGCTGATACTTTT
LG6	ref-15698	86.742			ACTTACGGAACGAACGTGGTGCCAGTAGTCC
LG6	ref-31095	87.993			CGGACGTATACGAGGGGTTTGCCTGACGAGC
LG6	ref-28451	88.277			CCTATTGGGCCGAAAAGGCTGCCTAGGTAGG
LG6	ref-49206_1	93.122			AATCGGGGACTTCACATGCACTGCTGTTTTTTTTCTACTGCCCTCGCACACAAAATTGAGAAGATTTTGAATTTGTTTTCCTCTCAATTGATCTACAATGCTTATAATGGCAAA TTTTAAGCATCTATGAAACTATTTATTATACCTCAGAAGTGGCATTTATGTTAATAAA[A/G]AAAAGCAAGCACCTTTGTGCTTGTGTGCAGCAGAAGCACAAACAGGAGATCC ATTTGGTGGTTCTTCCAAATATTGTCTTGACAATAATGGGGCTCAGAGTTACGAAGGTCAGGATCCACTGCTGTGTGAGGTATCCATTACGACTCTGACCGCCAAACAGT GATGTGTGCGCTGCCGCAGAGGAGAGCAGGTCTGAGT

LG6	ref-55698_26	94.782			AGGGCAGGACTTTATCCATCAGGTTTGCTATTATTGATGAATATTATTTTCCCTTATTCACATGATCTTGGTTATGTAAAGTTGTTCCATATTATTAAATTGTGATGAAGGATGACTGTAATGTGAGCTGGTGTCTTTATATTCTAATGAACAGCTCTCTTGATATATCTCAGATCCCAGCAGGAGGATCGTCTC[C/G]TCTTTTCACAGTAAATGATTATTGCA TTTATAGCTTGTGACGTTGTAATGCAAATGCTGCCATTTTCACTAGGATTAATTTACAGAATATGATGTTCCAATAAAAAATAATTTTAGTATGATCTCTTTACAAGTCCTTCA ACTGTTACTTTTTAAATGTCCATACTAGAGTTCT
LG6	ref-8883	95.284			TATCATTTAGAAAAAAATAAAATGTATATACTTTTAAACCACAAATGCTCGTCTTGCTCTGCGATTGGCCACGCATTACGTAATCATGATGGAAGGGTCACGTGGAAGT ACCGATCCAGTGTCTACAAAGCCAAATGCCCTTTACAAAAGAAGGTAAACAACGATGTCGGACGATTTTGAAGTTGGAGGAGAAAAATGAGGAGTACTGCGGTACTTCTG CCTACCTTTCAGTGTGATTATGTAATACGTGGCACATCAGAGAAAGTGCAAGATGAGCATTATGGTTAAAAAGTATATTTATTAGAAAAATGACGAATCATTTTGGTA GATAAGACTCTTATTCCTCGTCTGGGATCGTGTAGAGCCAATTGAAGCGGCACTGAAACTGCAATTTGGACCTTCAACCCGTTGAACCCCACTGAAGTC
LG7	ref-8010	0			CAGGTTCAAGCTGGCTTTAATTATCCATCTCTACAGCAGCTCTCCACCGGCTGCATCAGTGAGGACGTGTTATATTGCACAAAAAAATTAATGATTTTGTCTATACCATAA CCTACACTTAACCTCAACAAGGCCCGCCCTTTATCTGTGTATGAATTATTTAAATGAGGAATATTGTAATGTGTTGCTTCCCTGGAAGAAAACTCAAGACTACATTGGAGG CATTTAAGGGAGTTACCATCCATCCATTATCACACTTCAAACCTACTTGTAGTTGCTGTTGATATCAGACACCTCCAGGCGTTTGCATGTCAAAGCCCATCCGCTTCACCT CCACCTCCATCCTGTGCCGCACATGATCACCT
LG7	ref-42014_30	1.757	Chr5	63093423	TTTCAATTTAAATGACTTTCATTATAAATGTCTCTGTCACTTTTGATCTAATTAATGCAGAATATCTAAAAACCTAACTTCTTTCATTGTAACACCACTTAGTTTTAAAT GTATATTGTCTAGAGAAATGTTCCCTCTTATTTTCATTCTCTCTTGTCAAAGCATTTCCACCACACCATCGTCTAATTACACGGTGGGGGAAGCGGCGACTGGACTGCTCA TTGA[A/G]GCTTGAAAAATGACCTACAATTACCAAGAGCAGCATACTGCAACAAGCTGGCATAGTGACTTTATCTGCACTGCTTCCCTGCACGAACAAACAAGAAATATC CCATCTGAGATCCCTGTTCCCTTACATTATGTCCCCTGTGCAATTCAAGAGTGTATACTCATGTGTTAAGACAGTAAATGCTTTCTCGGAGGGTGTAT
LG7	ref-15779	2.82			AAGCTTCAACCGACTGAGTTGCATTTTGTTC
LG7	ref-15212	3.782	Chr21	21999231	AAAACATCTAAACATTTTGACCAGTACGGCTCACACGATGGCAAAAACTTGTTATTTTGGTGGCGCTGGACAAATTACTGACATAATAATTTTGAAGCATGAATTAAT GGTTTGGGTGAGTAACTACATTTTGCAGACATGCAATAGAGTTTGTATGATACAGCGAACAGTTGTGACAATTGCACCTACAGTTTAGAGAATGCTAATCGAAAAATGTGC CAAAGCGATTGAGAAAACTGTAACAATTTGAACTATTGTCTATGTCAGTGCAGGCTTCCACGTTTACGCTCTGAACGCCAGCTCAGTATTTTGGGTGAACTAACCTTTAA GAGAATGAATGTCAGATCCAGGGAGAACTAAACTATTAAAACTTTTTTTGTAACTGAAATAAAACTGAAATAAAATAAAATAAAATATAAATATTA
LG7	ref-27330	4.769			TTTGCTGGGCGAAGAGCATGCACACTGTTC
LG7	ref-50594_4	5.146			GAACATGTCCCGCCCAAAGTCGTCCGCCTCCTCCAGAACCTCTACGACTGCTCGACAAGCTGTGTACGCGTTCGCAATGAAGTGTCTGAGGAGTTTTCTGTCCGTACCAGT GTGCGGCAAGGTGACGTAGCCTCCCGCTTTTGCAATCATGAGGAAGAACAAGCAGGGAGTCCAGTATGGCATCGATGGCTATGTGATCTTAT[A/T]TTACCCGACGACAG TGCCATCCTGGCCAATACGGGTACGGAGGCCACCGACGCCCTCTACAACGTTGATTGTTTTGCCAAGCCATACAGATTGAAAATCAACATCGATAAGACCAAAGTTTCAGTC AGGACCACTTAAGTCAAAAAATTTACCAGAGACAAACTTTTTAGTCAATTTCTTTATTGGCATATTTTGCTGAAGTTACATTTGGCGGTATGGCTCTGTTCT
LG7	ref-68949	6.021			GAGAAAAACGCGACGTTTGTGCTTGTGTTGG
LG7	ref-41860	6.207			TAAGGCATCGCGAGGGTGTGCTCAGTGGTT
LG7	ref-48399	7.523			CTACGCCATACGAAAAAAATGCCTGAATGTA
LG7	ref-63045	7.715	Chr9	30213960	CCATCTCTGCTGTCCAATCCATTTAACTTTGTGTTGCGCCATGATTGCATTTGTTATGCTTCAGTCTTCTGTCACTACTTTCGGATTGGATATTGTTTCGTTTCATGTCAT AATCTCCAGAGCGTGCGCATGTTTGTCTTCGGGGTTCCCCCACACCTCAGGATTTCTGATCGTAAATATTCAACATGTTGAATATTTACAATTTGCGATTGGGGCGCCTCC GACATTCTTCAGAGCAGACACCTCACACCACAGGAAAACTGATGAAGATAATCTGTAGAACCATCAAGATAATCGGGACATTACCTAGGATTGTGCGAAGAGGAGAAATC GGCCCAAAATCAGATCGATTGTCTTGTAGTGTATACAAAACAAAGGAGAACATGTGACAAACAGAACATGGTGCAAAAACAGACATACATGTGAC
LG7	ref-43855_27	7.733			CCTCTCAGAGCGAGCGGTATGCACAT[A/T]CAAAA
LG7	ref-43855_23	8.171			GATCCTGGCACAATCAGTCCAGGGGACTGGTTTGTATCTGTGGATCTGAAGGACGCATACTTCCATATTTCAGATGGCGATGCGCCACAGACACTTCCAAAGTTTCGCTTT CGAGGGCATTTACCAGTATTCAGTGCACCTGTTCAAGGCTGGCCTTAACCCCTCGCACATTCTCGAAGTGCGTAGATGCAGCGCTTCCCTCTCAGAGCGAGCGGTATGC G[A/G]ATTCAAAATTATCTGGACGACTGGCTGATTTTAGCCATTTCATGGGATGTGCTTATCAGTCACACAAATTCGCTGTTTGGCCACTGGAGTACCTAGGGCTGTGTTA ATATGCAGAAGAGCATGTTACCCCGAGCCACTCGGTGGTGTATGCGAGCCCGCCTCTCTCAAGAGCGCATAGAGACCATTTCATCAACTGTGTGCCTCTTC
LG7	ref-67543_9	10.365			CACCTAC[C/T]GCGATACTTCTGCATGACCTTTC

[illegible]

[illegible]

LG7	ref-25512	59.139	Chr5	6550997	GTAAGTGCAGAAAGAAAAGGAGTTTAAATTGCTGATTGAAAGTGGCTTTATTTATGGTTATGGATTAGCTTTAAGAGCTGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGTGTGTCTTCAGC TGTTTTTGAAGGTTGTGATGGTCTCAGCAGATCGTGTGGAGGCTAGAAGTGAATGGGACATTATTCAATGCAACTCTTCCGCTCTGTGTACAGCATTAGATAATCACATAT TTAGCCATCTGCATGTTTGAAATGTTGCAGGATCTTTTGTTCCTTAAACATTTTGTCTCAATGTGTTTAATCAGCAGGTGTTGGGTGATTTTCAGTGGGTGTATGAAGT CAGATTTCTCAAGTTCACACAGGTGTACATCTA
LG7	ref-69599_16	59.486			AAACGCGGAAGCACAGAGGATAGAGCAAAACAAAACAGGGGGTTAGACTTGGGGTTAGACTTGCAAGAATGGAATATAAACAGTTGTGTATAATATACCGTTTACTGT ATCCTTCAGACTATGAGATCAGAGCAGCACAGAGTGAGGACCGTTTCTGACTTCAGAGATCCAGGGGCCGCACT[A/G]CAGTCGCTCTCATGCCTGACATACCACTGAGAC TATAATTACAGGCAACATCTGTCATGTTTATCTCAAACATACAGTTATCTACCTGAAATGCAGCTGACCTGTACAAAACTTCTTGAGTTTGTCAAAAAATACACCGGCTAC GACGTCAGAAGCCTGCTATCATAGATTTGTTCATGTGAAAT
LG7	ref-52655_5	61.581			AGAA[A/C]TCTGACGACTTTTATGCACTATGCGCC
LG7	ref-648	61.763	Chr5	22520184	AATAACTCTCAGTGAAGTGTTTACGATCCCAGCGACAGTAAAGTGAATCAGGACCGGGCCCGACCCCTCAGGTCCGCAAGGATACTCTCCATGGTTCGACATAAAAAATCCG GTTATGCTCCTGGTTCTACTTGAGGAAGTGTGACGATTAGACGGGAATAGTTTTTCAGTCTAGTTTTTCCCCAAGCTCTTCGTGTAAATCAGTAACTGTCCCCGCTCTGTTTGT GGTAATTTCCCTGTATTCACTTCCGCTTCTCTAAACAACCTGGAGTGATGTCACAGTCATGCGCTCAGGTCAGCGATCGCGATGATGTCACGACTCTGTCAAAACAGCGAG CGAGATATATATATACACACACACACACACACA
LG7	ref-6736	62.888			ATCAGCTGCAGAATTAATTTGAGAAACAATGTTTTTAAGCTGTCTTGGTGATTCTGTCTTTGGCCATGAAAACCTTCTACCATTAATTTAAATAGGAGAAAATGCAATTAGA CAAAGCTTTTAGCATTCCATTGTGAAAGAGTACAGACATTGCTTTTGCACAAGAAACACAGAAAACCTCTTCATTCAATATTAGAGTAAAGCTCTCACGCTGTAAATGCA GGAAAAGTGATGACTATGTTTTTCCGAAGGCTTTTCTGTGTTTAAAGTAAAGAGTTAGTAAAAGAAGGATGTTAAAGTCACAGAAAAATATGAAAATGTTCCAATGGTGTG TGTTTAGTCTGTGATTCAAAAGCTTAGATGCTTTTGTGATTGTAGACATGATTTATTCAGTAATATGATTATGAAAGCTGAATCTGTCCCCAAACA
LG7	ref-7086_32	63.048			CGTGACACACGAAGCTGCTGCTCATAGAGC[A/G]
LG7	ref-30769	63.076			GCCAGATAAACGACCTCAGTGCTCAAAGAGC
LG7	ref-7086_3	63.152			TGCCTCGGGTCTTCCGGTCTCCAGCTCTGCCAAGGCACGAGGATCCCCGGCTCCGTCTCCGGTCACTGATCGCGGTCACTAAAGCTTATCATTACATCTGTTTTTAAGCAT TTCGGTTTTAAAAATAATTGATTTTAACTGCTAAAGCGCAGTAAGCAGCAAAAGAGAACTCAATTCGCTATTTGCGCGCACTGACAGACG[A/T]GCACACACGAAGCTGCT GCTCATAGAGCATGTGAGTACAGAACCAAGTTCTTTTGAAGCCTAATATGGCTTGAATGGTTAAATATACATGTGTCAAAACACCGTCTTTTCAAGCATCCTTGTAACAC AGCCATTTATGCTTAAAGTGAACATAAACAGTTAAGAAAACGCACAAGTATATTGGATCAATGCATTTGGTCTTAAAGCAACAGTAGCCTAATAAACCTC
LG7	ref-8960_23	63.513			TTATATGGTCGTTGTCAATTATTCACTTTATGGGGGTAATCTTTGCAGATGTAATGTCTAAATATTTAAATAAAAACGTATGAACTGTTCAGTTAAATAAGAATAATAAAG CGTATGCAATAGTAATAATAAATGTATATAAACGTATATATAATAAAGGTTTAAAACTAATGTGTGCATAAAATTCG[A/T]CCTGCGCTGTGTCTCATATCTCGCGATGGT TGTTGAAAAGTACGAGACTGAACGGCGTATAAATCCGCTATTTTCAGTTTCAAGTGCCTATTAGAGATATCATGGCGGTTCTACTGGTGAAAAAGTGCGCGTCTCCGCTAT TTCTCAAAACGCTTTCAGCTCCACAATTGAGGATGCCA
LG7	ref-56665	63.756	Chr5	32194248	TAGCACAGACACCTTTTCCTTAATATGAGCCTATTCAGAACAAAACAAAACAAAAGCGTAACCTTTACGCTCATTAAAGCCGACATCAGTTAACCTTGTTGAATCATTACAGTT ATTTTAAAGACGTGTCCGTGCGACTACAAACCAAGCTACAACGTATTTTAAACGGTTTTAAATGCCTCGTCGTAATGTAGTACAAACATACCGCGCGACCGAATTACCTGCG TTTTAGCGACATTTAAAAATACGCGAAACGGCTATATTCTGTCGAAAACAGCCAAGACAACGACCTGATAATAGCCTATGTATGTTGGACGTTGATGTGTGGGCGTACTGC GGTGCAGTATCTCAGATTGAGAGGAGTCGAGAGGTTTCGGCTACAGATGAGAGAGAGAGAGAGACCGGAGAGAGGACAGGGAGGGGAGGGGTGGAGG
LG7	ref-71081	63.923			TGACTGAAGACGAGAGCAATGCTGCTGAAAT
LG7	ref-26515	64.834			AAGGATCATGTGACACTGAAACTTCTCTTTGTAAACAACAACAGAATTATAAACGATTCTAATGACGAATGTTGCGTTCCCAATGCAAATTTAAACATCACAAACAAAGT AGCATTTACAGTGAATCGAAAATGAAAACAGCAAGCATGCAGCGCTCAGACTATTATTATATAACTGCATCACAGCCGTTGCGAATTCTATATTAAATTCTCACCACCA TTCAACCGGGCGAGTAACACGTTTCAGCACTGATTGCACTCGCTTTTGGCGCGTTGAACCATTTGAACTCTTTAGGGACTGTTTATATGTGCGCTCTAAAAACGCATAGAA AACGCGTCTGCGCCGCTTTCTCCTTTTCCAAAGCA
LG7	ref-26731_15	65.665	Chr5	28841318	AGGGCACGCTTACTCCATAATTGTAGAGAGGCTCATAGCTGTGCAGATTCAAACACAAAACACACAGCTGCATCTTCCCTGTCTTTTATTTTCTCATCCAAACACAGAGA CATGAATGAAACATGCATGACAGACAGTGGTAATCCATGAAGCATCACAAATGTAAACTTATCCTGGGGCTAACATGCGCTTTCTAGACATGAGGGAGCGACG[A/G]TGTT GCTTGGAACAGGTTTGTATACTAAAAATGCATCTGCGTGTCTCCTTTTCTGTAAATTATTACTTTATCAGAATGTCTAGTGGCTGCTTAAAGCCTCAGTAGAAGCCATAAGA ATTATCTTTTAAATTGGCCACACTCTAGATTAAATAAGTGTTGTTTTAGAACCTGTATTGACTCATCAGGGGAGAAAGTAAAGGGCTTTTCCAACCACT
LG7	ref-13754_32	66.577			GACCACTCTGCGATACTTTTGCATCTTTTTT[A/T]

LG7	ref-30687_14	66.609			TGTGGTGGAACGA[A/G]AGATTTGCATCATGGATG
LG7	ref-2174	67.216			CAGCCAGCTCCGATCTTTTTGCTCTTTACTA
LG7	ref-25847_9	67.479	Chr5	17767734	ATAATGCCACAGTGACTCACACTTCTAGTCTGGTTGAAGAGATACAGAAAGACAGCAATTGAAAATGATATCCTTACAAATAGGCCCTGCTGCAGTAAACATTTGGTGTCTGTCCATTAAAGGAACCGTTTTTTTTTAGCTCAAGTATCTCAGATAATGAGTTCAGATTGGGCCCTTAGAGCAAGTAAACCGGCTGTATCTGTATC[C/T]ACGAAGGCCGTGCGAGCGATACAGCAGTTATCTTCAGGAGGTCTGTGATGAATCAGAGCCGGTCTATGTGTGTAGTGCGGAAGGCATTGCCGACATTCATTCTGCGTGCAACAAGAACAGCCACAGTCTAGCTGCTGGAACATGCCACTTCACAATCCATTAATCACCACAGCCCTTCTGAGGAAATAGCAAATGAGAAAAGTACAAAAAAGGAGGAGAAA
LG7	ref-14407	67.911			AAGAGTAATCCGAGCCAAATGCTATGGTCCT
LG7	ref-35033	68.308	Chr5	32645817	AAACAGTCAAATACACGCAGAAATATATGCATATATGTATATGTGTGTTATTTTTTTTCTCATCTGTCCTGCCTTTATCCTCTCCTTTTGCAGTCGCAATCACCAGGATCCTCTTGCTGTGGCCTATCACTTGATCATAGACAACCGCCGATTATGAGTGAAGCTAAAGACTTCTATTTAGCCTCCAGCCCCCAGACAGCTTTCTAGACGATCTGCCTGCTCATCACTCTGCTAAGATTACCCCTGAAAGAGTGCCATTCTAGTGACCGAGACTCAACCGCGTCTCGACACACACTGGATGAGCTTAACCCCCAAAAGTCCAAGCATCTCGGTGTTTCGCCGGGCCAAGTGGCACCTGGGAATCCGTAGCCAGAGCAGACCGAATGATATCATGAGTGAGGTCTGTCGTGCTATGAAGCAGCTGGACT
LG7	ref-26270_24	68.542			GATGTAAACACGAAAGCACTGCA[C/T]TGCGTCAA
LG7	ref-30426_14	69.29	Chr5	20437083	CTAGCTGTTATGCATGTTCTTTTTCTGTCATCTGCCTTTGGCAATAATGCATCGCCAAACTCCAGTGTCACGTTTGACTGACCTAGTGAGCAGTGTCGCGACAGCTACAGCTCCCCAGACAGACAGTGAGGCATCAGCAGCCAGACAGCCCTTACTGCCCACTATCTGCCCATCACACCCTCCCCTTCCCTGCCCAACCATCCTCGAG[A/G]CCCCTGCGTCAGCACATTGTGAGTATGTGGTGTCAGTGTCTGTGCTGGCATTACTGGCACAGCAGCAGAGTTTTTTTTTATTTCTGGGAGTGTAAGGAGGAGCAGCATGCTAGTGGACTAACATGCACACAGTGTTGATTCTCTGGTCATTTGATCACATCACCGTGTACACCTGGGCAATAACATGGGTCTCAAATGCGTCATCTGTGAG
LG7	ref-37020	69.516			ATTTTCTGGCCGAAGACGTTGCATTGGCCAG
LG7	ref-29269	70.55			GCAGGAGACACGAGAAAAGTGCAGAAAAGTC
LG7	ref-17810_3	71.017			GTGATGGCTGGTTGCAGGCCATTACAAGAATGTGGACTTAAATGAGACTCCAAGACCTCCACTTACCTGCTGATTAGAGTTTTGTAGCCACAAAGTGTGTTCCACAACCTCTCCGACCTGATAAAATTAACACACAGGACTCATAGTAATTTGCATATGAAGTTTTTGAAAACCTTCTCAGTTGAGATGTGACATTAGT[C/G]AGCTTGACGATGTTGGTGCAGAAGAGTATTGGTGAAGTGCATGTTGTGTTTTGATTACCTTTGACCCTTAAATAAAATTTATATTATAAAATCCATATGGAATTCAGCACACACTTATAACCATGTGATGTAACCTTTAAAGCAGAGGGTCATTGCAATGATGGAATCCAATAGGACTGACGAGCAGGAAGCCCATCTAATCAGATTACAAATAGACTGCAAATC
LG7	ref-18307	71.355			ATTCAATAATCGAGCTTTGTGCGTTGTACT
LG7	ref-57745	71.56	Chr5	25431162	AGGTTGTGATAGAGGGTCCGAAATCTCTTCCTGGTGTAATTGCAGCGATAGGCTCCACCCATGAGGTATTCAATTACCAATCCGATGTCAATCAGGCTGATGCGGTAGTCAGGGGCAGGTTACCCTGTAAACAAAAAGGTTATTTATGGCAACACTGAACCCGTGCCAACAGTTATGGCTATGAAAATGACAAACGGTAAAGTCAGACACGAACACGTCCTCAACTACATACACCCCATCCACTCTCACTCCACAAACACACTGACATATTGCTAGTAGGAATCAAGATAATTGAAGAAGATTGTCTGATTACCTTGAGGTAGATCCAAGTGAACCTTGATATTCTTGCTTGGAAAGAACACACAAGGTCAGTGAGACAGAATCATATTAAAGGGACAGACATCCCACTGAGACCAAGCAAGTCTA
LG7	ref-18990_27	72.213	Chr5	21103824	AGCTCCTGCTGCCACACCCCCCTTCTCACGAGCGCTGAATGGTACGTCCCGGTGATGCCGAACGTGTGACAGTAAGAAATCCGTGAAGACTTGAATTTGAATCCTAACCGTTTCAGAAATACGACGCTCCCTCCGCGTGCAGTGTGCTTGTATATGAGCTGCCGCATCCCTTTCACTCAGCATCCGCTCTCGCGCGTTTCCAGTAACCGAGCACCGTGCTTCT[A/G]CCGTCTCACCGAGTCAACGCGTCTCCGACAGAGGCGCTCTGCTTTCTGAAGGATAAACGCCTGGATTTCGGTGCCGGACCCCTTTCCACATATCTACAAGAGATTAAATTATCTATCCGGGATTTTACACTGAATCATGCTTAGCATTGACCAAGGTAAGCAGCAGAATCCCGGTAACATAACCGGTTCTCCATAACTGCGT
LG7	ref-46773_30	72.783			ACTGGTGTGACGACCAGTTGCCCAACTG[A/T]TA
LG7	ref-68362_8	72.988	Chr5	37799153	GGGGAGGGGGGTTTCAGGACACTTTAAATTCCTAAAGTTTCAGTTTTTTTCATGACTGTAGAAGACTCTGATGCAAGTTTGATGTAAGTTTCATATATGTGTTTGATTACAGAAATACAATATATGCTCTGGTGCATCTCTGTCGCTGCTTTAGACACATGTATACACACCT[C/T]AAGCACTCCTTTCGTAAGGCGAGTGCTAGTGGTCCAGCCTGGTACTCCTCTCCGTTTACATAACTGATGGAACCTCTTTCCTCATCTTCAACCAGCACTGCCAGCTCACTGTCACGACTGCCAGCATGCTCCTGTCATTGATGTTGGCTGACCCTGAATAACAACAGGAGAGGAAGGACATTTTGAAGAACTTTA
LG7	ref-64250_23	73.619			AGGCTTTTCATGGAGTCCCACTGGCCATATGTGACCTCGCCGCCATCAAACACATGTGCCTCCATTGTTTTTCTCAACAGCATGGTGTGAGGTGTTAGGGGAGGCTGCCTGTTTTATAATCTATGATATTTGTGAGGAACCTGGTGTAACTCTGAATGTAGACGGCAACGTAAGGGCACAGCAGTGTGTATGCCATGAACTAAAGCGACAAAACCTGC[A/C]ACCTTACCATAATCCAATTCACAACAATCCTGGAGATGAGTTGTTTCTGCTGGTTGCTTGTGAAATGCAATTAGCTTGTCACCAGACAATCCCTTAAACCTGGTGCAAGTGACCAATGCAACTGAATTTACAGCCATGCCCTCAAAAAGAGCAGACGAAGAAGAAGAAAAAATGCTAGTATACTTCACAATTAATTACAAAGAA

LG7	ref-51424	74.033			TTAAAGGATACGATCCTCGTGCTTCGTTCTG
LG7	ref-43796_27	74.192			TATATAGATTTCGAGGCCGGTGCAACA[C/T]GCAGC
LG7	ref-43796_26	74.232			TATATAGATTTCGAGGCCGGTGCAAC[A/G]CGCAGC
LG7	ref-31115	74.349			ATTAAACATTAATATAATGTTATTCTAAATGAATAATGATGAATATGATCTGGTTAGTTAAATGATTTGAAATGAAATCAATATTCAGGGATTGACTTGATTGGTAGTATA GAACCTATTGTGTGTATTGTTTCTGTCTACCTAGTATACAAACAATGTATTAAATGTTTTCTAATCACACCATACATGAATGTGTAGACTGGCAAGAGGAAACATGTGCAA ACCATAAACTTTCACTCTATGGTGATTAAACTTGCAATTTATCCACAAAGCGTGTGGGGCCTGGTCCGTACGGATCACGGTTCAACGACTATCCGTTCAACCCCTAAATAAT CTTGTAATGTAAAAATGAAAAATATTCTAATAAAATCTGGTCTTCTGCTGCATTCTACAAATTAACCTCCAGAAAAAGAGTAACCTCCGATTGAT
LG7	ref-51011	74.531			CAAATGGGTCCGATACCTTTGCTGGTCTGAG
LG7	ref-50790	74.538			CACAGTCCCTCGACCGACTTGCTGCTAGAAC
LG7	ref-45127	74.582			TTTAAGCTTACGAACCTGTTGCTATGGCAGC
LG7	ref-13409_1	74.654	Chr5	55539088	CCTCAGTGGCTGAAAGGCTGTAGATGGAGGTGTTTTGACAGAGATTGAGGGAGCTGTGAAAGCCCTGGAACATTGTGTGGATGTCTGTGGAGATTGAGAGCAGATAATA GCCTCCGTGTTGACATTCCCTCTCTAACTGTGACCAATTAATGATGGCTGGCTAAAAGAGCATTTCATTAGTTTTTGCCCTTGGCTGTTG[A/C]GCATGCTTGCAGGGCTCT GCTGAAAACAGATTAGGACATTAACCTCATGAAGGGCTGAAGGACTTGTGGAGTCATGCCTTCAGGCTCTGCCAGGCTTCAAAGAGCATGGCGCTATCGTATCACTTGCTCC ACTCTATCATCCGCCGGCTGCCAAACGCATTATCACATGGCTGCTTTAAAGGTACAGACCATTGCTTTCACCTGGGCTTCCTTTTTATGCATGGAGGAG
LG7	ref-25895_17	74.702			TTGAAGGCTGTTTTGTAGCGTAACTTTTCTGGACTGATGTTGATGTGCTTACATTTAAACCTTCTAAATCCTTAACCCATAGAAACTGTCTGTATGACAGACATTCATACTTA GAATCTCTAGAGAGGAACCCGTCAAATGAGATTCTACAGATGGTTTTATTTGATGTATCTAAAAGTGCATTT[A/G]CATCGGACTTGTACAAACTAAATATACGCATAATAC GCAATCCTTCACTGTTTTATGCTGGTTTGGTGCTTGTGCGACAAGTATAGTGTATATGCATTTATCATTTACCAAGTGCTTTTACCCAAAGTAACCTTTTAAATGAGGAACATC ACAAGCAATCTACCATAACAAGAACCAACAATATTT
LG7	ref-38289	74.79			AAAAATGAACAACAGAAAAACAGAAATAACTAGCATTTCATGCAATGCTCAAGTCGCACATACAATAACAGACAGTTCAACAGGGAGCGCGCAGCTCTTAAAGAGGCCACAC CATATTTCTGCTCGTTACACTGCCTTTATTAGAGAGAAGAATATGTTTCAGCCCCCTCTCCTCGAAGCTTAGAATATTCAGTGTGATTACTACCGAAGCTTCGAAGCTTG CAAACTCTAGTAATATGTTTTCTTAATATTCCAATTCAATGATTCTTGATTTTTTCCCCCTGTACTTCAAGAAAATGGAGAATGCCAGTAGTGCCAGATAAAACCAGAGTGC CTGCTTTGACGGAAATGCATATTTTTGACAGACATTGCATGCATTGTGCAGTGTCAAAATAAAGGTAAAAATAAACAGATTTTTTTTATGCATTGCAT
LG7	ref-64250_26	74.841			TGAACTAAAGCGACAAAACCTGCAAC[C/T]TTACCA
LG7	ref-32462	75.025			GATTCTGGATCGATTTCAGATGCGCGATGACG
LG7	ref-380	75.107			ATTTTGGCTACGAGTGAAATGCAGGGCAGTT
LG7	ref-40095	75.422			GGGATACACACGATTTATGTGCTGTTTGCTG
LG7	ref-68130	75.695			TTGCCTAACAGTGTTAATAATAATAAAATAATTTACACTCTGTTATTATTGCATCCTGTTATTTACAACAATACTGAGGTGCAAATAGTATGTATCTGCCAGTATAAAAT TTAAAAAGCATCTAATTACTATTTACACTTATTGCAAAGAACTGCTACTTTTAGCCAACATGATTGAGCAATGGAATCGCTAAACACAATTCTACCAGTTAAGAAGTCCAC ATTAGATAGTACACTTTGATTCAACATGCAACAAC TAGATGCTGATGCAGACACGTTCTGACAGGCTGGATGTACACAACAATAGTGCAGACACATGATTAAGTAAAAAC GTCTTGTTTCCTCCTTCAATGAAAAATACCCTCAGCG
LG7	ref-56080	75.906			CAGAATCTGCCGAAAGCTCTGCAGATGTCCA
LG7	ref-61476_1	76.084			[C/G]TCTTTACTCCGAGCGTGGTGCAAGGGAAAGA
LG7	ref-47455	76.25			ACCTCCCTTCCGACCCCTCTGCCGCTCTCC
LG7	ref-22806	76.74			TCGAGTTCTCACTCTCTGGTCGATTTCAGGTGCAGAAGTAACCTCAAACCTGTCTGGAGGAATATCTTGCTCTTCTACGTCATGTAGACCTCGCGCACAGCACGGCGCG GCATGTTTCGACCGTGTTAACAGACAGATAAATCAACGCTTGCGCGTAAAATCAGAGTGGTGGACCGCGCAGCGCCCTCGCGCCTACCGGGTCAGCGTCACAGGTTAATT GAATCTGAAAAAAGCTGAGAGCTTGCTTTGTCTATGGCAAGCCTTTTGGCATTTATTCCTTAAAAATAGATTTATGTGTTACTAATGCTTATTTTTTATTTACTAGTGAGT TATCCAATGGCTATATTTCAATTTTCGCTATTGCT
LG7	ref-4842	77.104			CATCCAACATCGAACACGCTGCAGCTCCTGA

LG7	ref-26695_30	77.364	Chr20	6217262	AGTGTTTCTGTGGGAATTTTCCACAGAACGTGTTTTGCTCTAGAGTCCACTCTATCCGACGCTTGGCATTGTA ACTTGTGATTTGAGGCTTGCATGCAGCTGCTTGGCCATGG AAACCCATTCCATGAAGCTCCCGCTGCACAGATTTTGTGCTAATTTCAATGCCTGTGGTAGTTTGGAACTCTT CAGCTATGGAATCAGCAGAGGGATCCGACTTTTATGCAC CATGCG[A/G]CTCAGCAGTCTTCCGCTTAATGGCTGAGTTGCTGCTGTTCTCTAAACGCTTCAGCTTTCTA ATAATACCATTACTCTTGACCTTGGTATATCTAGCAGGGATG AAATTTCATGAACTGACTTATTACAAAGGTGGCATCTAACACAGTATCATGCTGAATTCATCTTCAGAATGAC CCTTTTTTCACAAATGTTTGTA
LG7	ref-53362_24	77.718			ATTAGTCTAGCAGAAAAAAGTCTACACACTTCATCTTTGAAGAAAAACCTCTGAAAACTCTACTCCAACAG TCACAAAAACAAAAACAAAAAATAATGGTA CAAAAGGTGTCAATGGGGTGGTACCCTTTCAAAAGGCCATTTAGGTATAGGTCCAAATAAAGCACAACTGCA AACCTTTCGA[A/G]AAGGGTATCGCCCAAGTGACAGTTT ATTTTTTATTTTTTATTTTTTTTAAAGTGATTAATGAAGAATTTGCTAATGTCTATCAAACTGAACAGTC ATAACATTACCAACATTCACTGGAAGGAAAACTCT CACACCCACACAAACAAACACAGATGCTGTTTCAT
LG7	ref-53362_31	77.718			ATACCCTTTTCGAAAGGTTTGCAAGTTGTGC[C/T]T
LG7	ref-38960_5	78.318			CAGAGCAGAGAAAGGAGGAGCAGGAGGATGACCCAGAGCACAGACATGAAGAAGGTCCACAGAGGAGCCA ATGGAGGGAGGAGCTATGGTGAAGCCTTGGTAGAGAGT CTGGACGTAACCAAGTGAGATGACTGACTGAAGTGGAGATGGTGGAGGTAGAGACCCAGGCAGAGCCGAAG AGCCAGGGTGGAGCCAAAGGCATCGA[A/G]GGCCACGAT AAAGCTGCAGGTGGGCGTGACCAGGGTGCAGGCATGGGCTTGGCAGACTGGGACAATGGTGGAGCTGGAGG AAAGGAGTCAGAAGGGTGGAGTCTCAAGTCGACAGCTGC TGACTCAGAAGTCTGAGGCAGAGCCAGAGCTACGATGGTCCAAGGTGGAGCCAGAGGGACGAGGGAGCCCAG CAGACCTGAGGGATGACAGTCCATGGTGGAGCTGAGG
LG7	ref-35602	79.024			TAAAAAGTTAATGCTCTATCGCATTATAAAATAGCATACCACCTACATTAAACCCAACCATAAACCTAAT CAACAGTGTTAACAAAAAGCAAGCGTGAGATAAAAAACACAT TTGCTGAATGTTAGCTTGCCTCTACGAGCTCTTTATCGTGAATTATGTTTCACAGGACTGAGCTTTCCGC ATCACAAATCGCAATTCGTACCAAGCAGGGTTGCCAGGTCT GTGCAACTAAAGTAGCCCAAAAATAGCCCAATGTGATTTCTCCGTCGGGCACCAATTTCTCCACGGCAACA ACTTAAAAGTAGCCCAAACTGGTACCAAGTGAGCTA CCGAGCAACTTTACATGTCATACATATGGAGCTGTTT
LG7	ref-63676_2	79.502			A[A/T]AATCAGCCCGACGCACTTGCCAGTGCCTTG
LG7	ref-54327	79.51	Chr5	37912406	CAAAGTCCCCAGTGGAATATGCCAGACTGTTGTTGTACTGCACCTTGATTATCATGATGCTGACACGTGAG TTAAGGAACAATAATTGCTCACAACTGGATACTGAA ACAACAAGCCTAGAAGGTCAAGGATAAAGAGAAAGTGAATGAATGAATAAAAAACATTACCACATCAGACT GTGATAGCAGATATCCAATTGGTCGTATCATGAGTGGTCTG CAGGACAAGAAGACATTAATCCATGTGGGTTGCAACAGTTTCTTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCACACACAC ACACTTTTACTCACACACATGATATGTTCA TCATATAAAATTTATTTTCATGACGATATCAATGCAAATATAGCACTACAGTGATTCCAAGGTACACCGTAT CTTACCATACCAATATATTATGGCAC
LG7	ref-18145_8	80.336	Chr5	40383653	CATGCTTTTATGGTCTTTTTTTAATTTTCAGAGATGGCCGCTCTGAAGGCAGGCAATGAGTTACTAATGATA AACGGTCACTCCCTGGTTGGTCTCTCACATCAGGAAGCTG TAGCTATCCTGCGCTCTACTGCTGGACTCGTGACGCTGGTGGTGGCCAGCAGGGTGAGTTTGAG[G/T]TTG CAAAACAATCGGCCTCATACCCTATCAATAATTGTGTGTCA AGTGTCTTCACACACAAATCATGAGCTGTTCTTGATGTGTTCTTCATATAAAGTGTGTCAGCTGTTCAAGC ACATAAAGATGTCACAGGCAGATGCTTGTAGCAGCTAAAA AATTGAAGAGTGAAGCGCTGATGGGCTCGCCGCTCGGC
LG7	ref-60454	80.902	Chr5	43192688	TAAACATATTACCAGTAGATTTAAAGCATTTCTACCATTCTCCGTAGGATTACCAGGAATATTCTACATGGA AAGATTCTACAGGCCACCTTCTTGGAGGTGCTCGAAGA ATTTCCCTCTCTAAAAAGTCCCCACCGCTTCCTTCTCAGCCAGATTCTCTGCTGAAACCCCGTCTGTACTC TGTCAGCTCCTCACTGGACCGTCATCCAAACGAGCTGCACC TCACGGTGTCTGTGGTGGAGTACCACACCCAGGGTATGATACTAAACATATAACAAACATACAAAATAAAAC ATTGGGTAATTGTTTTATAATCAACACCATGTTTCAC TAGGCATGAGGATAACGTCTGTGTTCTGTTTATCGTAGGAGGAAAGGGCCCAATGCATTTTGGCACCTGTAG CACATGGCTTAACACCATTAATA
LG7	ref-55812_7	80.985			CATCAT[C/T]GCTCGACGACATTGCCCGTCAACAT
LG7	ref-55197	81.853			GCAGGAGGCCAGGCAAAGCTCACTCTCAGCAGCAGGAGTATGGGCGGGGCTCCAATCCATCCCCTCGTACT CCACAAGCACACCAACTGGGATAAGCGATGTTGCTGGCT CATGCACCTGGTCAGACTTTCCGTTGGGCTCAGGCTCCGGGGCAACGATTGGCTCAGGCGTCCACTTTGGC GATGACATCGCGGCAGGCTCAGGCTTTGTGTCTGTGTGG ATCCTGGCATGTGCTCCATGCAGGGTGTGAGAGGTGGCTGGCAGGGCTCTGGGTCCGAGTGCGGCTGCTGAT GTTGTCCGACAGTGAATGCCGATCCGTTGTTCCAC AGTACCACTCTAGAAATGCTGCGAAATCCCTGCGAG
LG7	ref-34723	82.038			TGTTCGGCCATCTCTTCACTTGCCCTATAGTTCTCACTCTTAGTTGGTGATGTTGCTGAACATTTTCCCTTC AGGATCAGTTGATTGTCTTTCTCTCTATTGATCCAATAGTTT TGCACTCCCCTGGGTTTGATTAGCAAAGTGAGAGGGGACAGATGGTACCACTGTGATTTTTTTCCAGAGCACT ACTGCAGATAGAATAAGGATGCAAATAAAATGCTTT GTCAGACCAGTCTTTAAACAAACAGCCCTAAGTTTGTGATGCTTGTTCGAATGCACGTCCTCAAATTGCTAA ATATGAGAATACATACAATAACCAGTGGTCCAAAGT TTGTTGCTATTGTTGTTGCTTTCTGGCATTTTTTTAATTTATAAATCCTGAAATCAGGATTTCAATCACTCA AAGGTAACATTAGTATAAACATT
LG7	ref-43198	82.112			GCCGTAAAAACGAGTCCCATGCAAGCTCCAG

LG7	ref-65771_10	82.75	AGACCCACCCTGCTTCACACCACGTTTTTTTTTTCTTTTCACCTTACATTTAAATATTTGATTACAGTTTAGAACGTCTGATAACCAGAAGCTAAATCTATAAAACAAGTGACATTTTCAAGGGCCTGCAGAAACTCTTAACAGAAACAAACATATTTAAGCAATCTTAAGCTATATTC[A/G]GCATACAGCTCGCTTTCAGGGTAAATTTTGAGTTGTTATGCATGACTCTGCATGAATCTAGTTTTAAACTTTGAATAAAACAATGGGTAGGAAACCACCAAAGAACTAAAAAAGGTCAAGAAAAAGAAACTCTTCTGTCACTGTTATAGATCATTCTGAGATGGCCGATGTTTTGTCTTGGATGATGTTCA		
LG7	ref-31524	83.337	TGCAATACGCTATCGTTTGC GCACGTGAAAAATGCGAAGGCGCCCTCTGGTGGCCGATATCTTTTGAATTTCTCATAGACGTCTAGGGCTGTGATTCAAACAGTCCCAGTAGITTCGTTCCGATCGGCCTCCGTTAACCTTGTTTGATAGCTGCTCAGAATTCATTGGCCGATGGCAAACATGTTTTTCGAGATACGTCAGTGTCCTCATAGACAATCATGGCACCTCGGACAAAGACACTGCATACCAATTTCAAGTCGATCGGACTAACTTTGAGCTTGTTTTTGATAATTATTGACAATCAGACTCCAGAGAATCTTGCTGCACTGATTTGGCTCCGACCGGGCCAAAAACCTATAGGACTAGT		
LG7	ref-247_15	83.987	ATGTTTACTTCTCACCAGATGCTATGTTAAATATCCTATTTTTTTTTTTTCAGGTTTAGTTTTTTTAAAGTAATTTTAGTACTTCAATTTAACTTTTATTTTCAGTTAGTTACCAAGGCAAGAATTTTTAAGTTTAAACAACAGCAGATCAGACGATAACAGAGGAACGTATTTTTAAAGACTTGGCGTAAGCTAACAGCTGTAACGGCTAACGAC[A/T]TTGGTGCTGTCTGTAGTCAAAGGAGTTTTTCAGCCATATCAGAGATGTGACTCCATCAGCTTGGAATAAATGCTGCTCTGCACACTAATGTGACTGACAGTAGAAATATGAGGAGGACGTGCTTTTGATATGACAGATATTCTTGACATTGCTACAACCAAGCAAGTGAATAATTACTTTTGTATCACAATCCCTGTGAGTCTAAATGGAATTTGC		
LG7	ref-62012_17	84.793	AGTACCTGAGCGAGCT[C/T]AATGCATTATAGTCC		
LG7	ref-62012_14	85.345	AGTACCTGAGCGA[A/G]CTTAATGCATTATAGTCC		
LG7	ref-1028_25	86.059	CGCCAGCATGCGAGGCAAGTGCAC[A/T]AACAATG		
LG7	ref-8569_23	86.451	CAGGCCGATTCGACGAGAATGC[A/G]CACGAAAAAC		
LG7	ref-60058	88.58	GAGCCTTCTGGAATTATCATTAGCCATAGTTTATTATACAATTTGACCTTCATCTAAGCTGTTGCAATGGATATTGAAGATTAGATTTGCATTAATTTCAATTCCTGACAGATGTCTGCTTGCTAAAGCCTGATGTGCTTTTGCCACAATTAGTTTTTCTTGGTGCTGAGACTAATTTTCAGGGATAATAAAAGATTTCTTTTGTGCATACGACACATCTGCCAGTCCTAGATAACATGGATCACATTGTCTATTGACCTTGCTGACCACTTCTGCAGTAAGATCTCAGCAGTTGATGATATGTGTTTCATAAGAGCTCAACAGAGAGACATTTAGTTTAAAAATGTTTATACTTGCAGTGCCCTCCATAATTATTGGAACAGTAAAGACAAAATTGCTCTGTTAGCTGTGGTGTCAGACATCTATAAATAT		
LG7	ref-72858_10	91.902	GGGCAGATTATCAGACTTATTTTCACACAGTTCCATGCACAATGCTATGTTATGACCTCAAAACAATTTTACCATAGTGCACGGTTTGTAATACTAATAGATCTTGACATTGCTTCACATGACTTTACTTAAAGTAGTAAAAATTGCTTGCTCACCTACTTCAGAATTGCACCTTGTTGTT[A/T]CAGAGTGCTCGAGTCCTGTCAAGCACAAAGTCATGATAAAAGAGCTCAAAAACCTTGTAAGCAAGCTAAAAATGGCACGATTGCTTCAGCAAAATGTGTTTTTTCTCACGTTTATTAATGTTAACACTTTCGGTTAGGTTAGGGTTGGTGTTACGTTATTTTCAAACAGAGCTTTAGGGACATTTAATTT		
LG7	ref-16542_10	93.398	GATGAAGAACAAGAAGAAAGGACGTGCTGAATGAGAGCAGAAAAATAATGAGGTGACAGAGAGCAACACACTTGTGGAATCATTATTAGAAGGACTTTTTTTTAGAGGGACTAAAAGCATAATTTTTGCAGGAAAAAAAAAAAAACATCAACCACCAAATTAGAGTAAAAGTCACCTTT[C/T]GCATGTCTATTCGGGTTACTCAACAGTTCACCTTATAAGGAACAGCAACATAATACATGCTTTAAATGATAGTCTGACTGATGTAACCAAAAGACAAACACCACCTGCAGAAGAAAACCTTTCATCTTAATGTATCACCATCATTTTATCAATAGGCCACTAAAACAAAAATATGAACAAGACGTGGCATAA		
LG7	ref-51670	94.48	AGCAACGAGACGACGCAAGTGCCTGCTGATA		
LG7	ref-5857	95.418	GCCAAAATTCCGAGCCCTCTGCCCGGACAGC		
LG7	ref-63323	96.52	CCCAGATGTTTATTGGAATCGAAAAAGTCTAAACAATGCCGCTCTGTATTATTTAGCAGCTTAAAAAATGGTTGGAATATTCTTAAAAATACTCCACATTGTGTATGA AACTGAAAGATTGTCTAGAGCCCTGGAGGATATGATGTCATGCCTGACTAATGGACTCCCTCTTGCCGCACAACTCAGCAGACAGTTTGAGAGCATGTTTTCATTTTCAAACCTTGGAAGCAGTTTGGAATTCAAAATGAGACGAGCAGCAGGAGCTCGAGGCACTTTCAGCAGTGAAGCTGGGCTTTGTGTAGATTACGCTGCCAGATCTTTGAATTCCAGCATAAAGTCCAGTCCAGATTGACCATTTT		
LG7	ref-8532	97.806	TGAAAAGTGTGCAATCAAATGCCATACGTTT		
LG7	ref-46131	98.787	GAGCCCACCTCGATGCCAGTGCCAGAGCCAA		
LG7	ref-39264_8	99.431	Chr5	64876800	ACACATCTATGAATTTCTCATCCTGCACCTTCCCAAAATACATAAAGGAGAACCTCATATCTCATGGCTCATTTGTATTGTATTGCAGGAACGGTGGCAATTGACCTGCAG AATCCAGATCCCCGGCTGACAGCAGTAACTGGCTCTGCCACGGAGAACGGAGCTGGGAGTCGTAGACCCAGCATTGCCCTGTGCTGGAGATC[C/T]CCGATTCTTCTGCCATCTGCCTTGATCTTCTCAGTGACCCCTCAGAAGATGAGACCAACCAATCAGATGAGGAAGGAGCACTGGCCTTAGAGTAAATAATGTTGTCAAAAGTACAAAA TGAATGAGGTTTCTCAGGGGAAGAGCAATAGAGTCATTTGTCTTTACTAAACAATACTTGGAGAAAAATAAGGCTAATAAAATGGCCAGTGGATGATAAAAT

LG8	ref-6384_1	0				[C/T]GTTGATCCACGACCATGGTGCCTGTAGTCC
LG8	ref-68142_30	4.689				ATTTAAAGAATTTAATGTGAGTTTGAATATTTATAGCCGTATTGAAAGCGACAATGAATAATTCTTGAAAAATAATGAAACAAGAACGTTCAAACGTGTGAACAGACAAGTG TATTCTATGTGAATAGAGATTAAGTATTTTTAATATATTTTTAATATGTTAATATGGTGTCTATATTTTGAATTTGATTATGTACTTAACCATTTGATTCCGAGTGCAGTGCG CTTGCA[C/G]AGACTCCGCCTACACGCTCTTCTGATTGGCTGTGATTTTTGATAAATTTGAATGCAAGTGCAGTGCGCTTAGAGGCTCCGCCCCACATGCTCTTCTGATTGG CTGCGATTTTAAATTGATTGATTGCGATTGCAGAGAGACTCCGCCACACACGCTTCTGATTGGCTGGCTTTTTATTATTATTGTTTTTTTTATTGT
LG8	ref-68142_32	5.352				CATTTGATTCCGAGTGCAGTGCCTTGACACA[C/G]
LG8	ref-4420_3	7.444				GAATCTCTACTGTCCATTCCAGCCCAGATCAGCGGTGACAGACAAATGAATGCAAGGACATCCGCATGGACGCTCTCGCTGTATCAGCACCGTCTCCATCTGTTACGCCGTCAG CTCATCTCCACCGTACGCTACCATCACCTCTCTGACCCTTGACCTCTGCTCACGGTCACTTCAGCGCCAGACTCATGTATCGGTACAGGA[C/G]CATTGACCGACCCAAAT GCTGGATCAATGATGATTTCACAACATGGATCATTGATTTCACTGCTGTACAGAAATGGCAAGTTTGAGCCGCACAAGATTAATATGAGCTTCAAACACGACCATGTG ACTGAATGAGAGGAAACTTCAGCTCACATCTGGGTCTTAAAGGGACAGTGTATCAGTTCACAACCTCTGCAAGATAGTTCCTTTAAAGTCACCATGAAATCA
LG8	ref-4420_7	7.466				GACCAT[C/T]GACCGACCCAAATGCTGGATCAATG
LG8	ref-61780_28	8.604	Chr6	58065571		CTAGTTAAATTTAATTAGTCTACATCCTATAAAAAATATATCATTTAAATATTTTCAGATTTTATCCTTTAATTATATAATAACTGCATTATTAATTTACCAACAGGCATT TAAGGCAATTTAATAAAGAAGATTTGAAACGTTTCCTAAAGGTTTGCATGTGTTATACTGACAGACGCATCTATATCGCTGTG[C/T]AATGTTTAGCCTTGAAGGAAAGTCA GAAAGGAAAGTGGTCTTGAATATCAGAATACAGGCAGCACTCTAATCTGGTTCAGGTCCATCTTGCTCCAGCGATAAGCTTTGCCAATATGGTATCCGTTTCTGCTTGTTTC CTTGGCCGGTTGCCACGCTCCATTGTTTCCCTCC
LG8	ref-36960_16	9.76	Chr6	57647898		TGATACCATAACTTTATTTTAAAGCAAACCTCAAGGTCTTATGTCTCGGAGCATGTCTGCATGTGTTCATACCGGTTAGGACTGTGTCGTTTGCTGCTGTCATTGGGCTCCA GCAGGAGTTCGGAGGAGTCGGCCGGTGACGGGACGGTGGTGTGAGCAGGAGGTGTCGTGCTGGGACAGATACTGCGCTGGAGTCTGTTTGGCGGCCCGAGC[A/G]CAG TGCAGCAGCTCCCTCTGCAGTAGGGGCAGGTGGCCCTGTGTGGAGGACACAAATCTCACTGCATAACAAGCATCAACTAAATGGAAGATTGCTAGTAATCAAACCCACTTT GGAAGCAAGTGGTCTAAACTAATCAAAGACCACCACATTTTTTGCATTTTCTTGATAAGAGTGGAGATAAAGGTCAAAAAGATTCTTCTCTCGACAGACTC
LG8	ref-57461	12.494				ATCATGCCAGCGACTCTTATGCATGAGATAT
LG8	ref-28278	16.898	Chr18	22402061		AATTGCAGCAGTGTGCCAACTATTTTCAATGGAAAGTAGCTAAAGCCTGCTCAAAAAATTGCTAAATGTCACTAGATGACTTAATGCGCCAACTGTTGATACTTTACATC AGTTTTCTCTCTAATCCGTGCTCACATACTGTATTTAGTTTCTGTTTAGACAACGCTATGTTGGCAACACTGAATTGCACAATCCAAGCAACTGAGATGAATGCATTGCA GGTTCAATTCCAGATATCTTCTCTCTTAAAGGTGAAGCATGATGTTAAAATACATCCAGTTTTTGTTCAGTACTACTATTAATATGCCATACATGGGTTTATTTCTCCCAA AGTGTGAACATTGAGCCTCTCAGGCACCATCTAAACATTGAGAACTGCCTGCTCAGATCTGTCAATCTCTTTCCAGCTCAACCTATAGCGTGAGT
LG8	ref-61591	22.514				AAAGATGAAGCGATGCGAGTGCTTTTTTTGA
LG8	ref-39362	25.429				AAGACAGACTCGAGCTAATTGCATGAGCTTG
LG8	ref-8251	29.324				ACTTTTGCATCGAAATATTTGCCAGGGCTCG
LG8	ref-43495	33.865				CAAACATATTAACCTCTGTTACCATGCCAAACACTCCTATTTGGGTGTACACTTGTCTATAACAGAATGTGCAATGTACCCACCCATTGTGTACTGAATTTTAACTGCTTCC CTAAGGCTGGAGATTTTCATTTTGTCTGGCTTACCCTACAGTTTCGTGGACTTCATGTTGTCAATTTGCAGCATTTTCGTATTCAAGTGTGTTTTAAAAAAAAGTTGCTGAA AGCTTTTGTGTGCATCCCGTCTGGTCAGGAAATGGCATTAACTGCACACATCTTGAAGAAATGATCCAGAAAAAACCTACATAAGCCAAAAAATGAGTATTTTATCATATTTTCCCTTGAAAATGCAAA
LG8	ref-14408	34.561				TGTTCACTAGCTCAAGACGTTAAGGATTGTGTGTCTAAATAGAAATTGACTTTAAAAAATAAACCTGCCTTGAGAAATTTTCACTGGAGTGAAAAGTCTGACAAATGACC TGCTCTTCTCTGCTTTCTAAAAATAATGCCACATCTGCCCCCTGCTGGTTGTATATTAGCATCACACTTGCACTGCTGGTCCACCAGGATGTTGGATTGAGGTTTAGGCTTGAG AACACAAAGAAAGAAAAATAAAGTTTGTAGTATGGCAAGATGAACTGCAGAAAGTGATTATGGTTTGAATATTCTTGAAGCAATGAACCTTCTCAACTCCTGTCAGAGACA CTCTGGGCTCAGAGCCAATGAAGGAGAGGCAGGGA
LG8	ref-23753	35.463				ATGCAGCGCGGACTCCACTGCAGATCTCTG
LG8	ref-16790_32	35.81				CCCCATGGCACAAGCCCAGACCGCAAGAGGTACCGTAGCCAGAAGTGGTGAAAAAGTTGCTTATGTTCAGACATTGTGCCTTTCTAAGAATGATCTAATCTGAACTTAT TAAATATAACTCGCAGTGCATTTATATACCAAATCTTCATTTTGAGTTAATTCTCACCTGAACTACTGATCCCCGGGAGCTGGGTGAAAAATGTGTCTCCGAGTGGCGTGCA GCGATGAG[A/C]AACAAGCATGTGATTTAAAGATTGTGGGTCAATTTCTGCCTGGTACAACCTTTATAAAAGTGTGTGAATGTTGTGTCACTTCAATTCCTTTATTATCTGA GTAAGCATTGTACTAATCTTCCTTCCCTGTGTTTTTGTTCATTTTGAGTTCATTCTCATCTGAACTTCTGTTCAGTTTGAGTTCATTCTCACCTGTACT

LG8	ref-16391	46.073			TGGTCCTGATCGAGAATGTTGCTTCTCTTTG
LG8	ref-24745_31	46.619			TTTACTGCCCCAAGTTGCTGCCCGGAGGC[A/G]T
LG8	ref-71550_19	47.197			AATTAATTTGCGAATCAC[A/G]TGCGTGCCGAACT
LG8	ref-71550_23	47.21			AATTAATTTGCGAATCACATGC[A/G]TGCCGAACT
LG8	ref-69899	47.917			TAGTGGTGTTCGAAGTAGATGCATATGGGAA
LG8	ref-50683_27	48.053	Chr17	24434816	TGATGAGAGAACATTGTGTTTGGTACATTTTTCATCTTCAAACCAAATTTGGATTTTGGTTTAAATCCCGTCTGGCTAGCATGCTTCCCATAAAGTTTATGCATTAGGTCTGT AAAGGTGGAGAGTAGGTGGTCTTTTGCCTGTTTGAACGCATTTGACCACATGAGCATTTATGCTAGCAATCCAGTCGAATGC[A/G]TTTTCGACTACCTCTGGAAGTGGTT GAAAGTGGACAAGCTCAAAATGTTTACAGCCCGTTACACCTGTATTTAGCGTTGTGATCCAGTCAACCAAAACGCATCTTACTACAAGGTATAAACAGAGCCTAAACTA TAGGGTACTATAGGGTAAATTCAGGATGATTGGGACA
LG8	ref-66907_19	48.431			TAGGGATGCGCGAGACGA[C/T]TGCTCTGTAAAAT
LG8	ref-66907_15	48.509			TAGGGATGCGCGAG[A/G]CGATTGCTCTGTAAAAT
LG8	ref-54299_17	48.692			ACTAGCAAGACGAAAC[A/G]CGTGCAAATGATAAC
LG8	ref-54299_32	48.707			ACTAGCAAGACGAAACACGTGCAAATGATAA[C/T]
LG8	ref-39898	48.962			GCCCAGAGATGTGTGTGACGAGTGGATGAGTGGAGTGCCCTGGGTCTGTATGACGTACTGCAAACAGGTGGACAGCCAGCAGGGCGTTGGTAGAGGCATTGGATGAGG GCACAGAGGTCTGAGACCACTGGATGGGACTTACAATGATGTTCTCCGGGAGAATAGGGTCAGGTTCTTCGTTGGTCTCCTCCGAGGTATAGAGAAGGAACGAAGCGTCT GCTTTCACATTCTTTGGGCCAGGACGATAGGAAATGTTGAAGTGAAACGTGTGAAAAACAATGCTCAACGAGCTTGGTGGGGGTTAGTCTCTTAGCATCCCTCAAGTAC TCTAAGTTCTTGTGGTTAATGAGTACCGTGAAAGGGTGGTTAGCGCCCTCTAACCAATGCCTCCACTCCTCTAGTACCAGCTTGATGGCTAGAAGCTCCC
LG8	ref-13830_9	49.422			GACGTCTG[C/T]GCGAACGGGGTGCACGAGGGTAT
LG8	ref-71595	49.976			TTGAGACGCGCGAGCGCGTTGCGCGCCTGTT
LG8	ref-38882_6	50.657			CCCAATGCAGTGCATTTTCTTGCCCTCTTTTGATTGACAGGATATATCAGCCGATGCAAATCATCGATGCAAAATTATGAAATTATGAAAAAATACTAAATTGTTATGA AATCAGTTGCTAAAATTACAGATGCACCGATATATCAGCCAATAATCGGTATCGGCCGATAAAAGCAAATTTTACACTATCAGCTATCAACCA[A/G]TGCCGATATCAGT GCATCTCTAATTTTAGCCACTGATTTTATAACAATTTAGCATTTTTTTTTTTTTCATAATCCCATTTTGCATTGATGATTGAGTAGCAAATTTCTACTGTTTGAACAGCAA ATACAACCATAGTCTATAAATACTTTACAATTTAAATCTGCATCTTTCGTGCATTGCAGTAATTTGAATGAAAAGGCAAATTTGTGACACAAGCTTTGT
LG8	ref-43905	51.001	Chr6	38933135	ATTTTGTGATTTGGTAAGAAAAACAATTACACTTTTTTCTCACTTGAATGTATTTTGACTTTCCAATCCAGAACAACCTTTTACTGTACATTAGATGGTAAGTGTGGCACCAG ATAATAGCGCGTGCCCTGCCTTTCTTATCTTCCAAATACACACTTTCCTTTACGTGACTCTGGCGGCAAAACCAGTCATTGTGGTTATTGCAGACATCCATTAAGATATCCAT CATTTGCATGCTCAGCTTATGGATTCTAAATGAAATGATCGATAGATTTGTTCTGTAGAGAGAAGAAAAACAACCTTTGATGTAGTGAGAAGAGAGGAAGCTCAACAGGAGG GGCTTCACAGTTGGCAGTGTGAACGTAAATGTA
LG8	ref-68005_14	51.505			CTGCCTCCTAATGTCCTTCTGTGCTGGTTCTCTTGTGCCAGTCTTTCAGTGCCTGTTGCTGAGTTCTAAAACTATTTACACGGCGTAAAGGTGGATGAAACTGTCACAC CTGTGCACCAAAAAATTTACAGTCTACCACTCTCTTTTCGTAGTGCTGTGTGTCAGAGGAATTAATCGCTTGCAAACATCTGGGGCAATAGAATGCATCGA[C/T]ACCTCTGC ATGGGTGTACCAATTGTTGTTACGAAGAAAGAGTCAGGTAAAAATTAGGATGTGCGCTGACCTCAGAGAGCCGAATAAAGCAGTGATCATGGACTCTTTTCCATTGCCACA CACAGATGAACTACTCTCTGCTCTAAAAGTTTCTACTGTTTCTCTACAATTGACCAGACTAATGCCTATTACCAAGTGTGCTGTCATGAGGACAGTCG
LG8	ref-58408	51.548			ATTCTGATGACGAAATTCATGCCATGCACAC
LG8	ref-11594	51.792			CCAGTCTGAGCACTCTCGGTTGGATGATTGGTATCGGGGCTCGGAGCGTGACTCACAGCTGCACCGCACCTAGTGCTTTCTTTCACAGAAGTGCATGAGGAGTTTACAA AATCGTGGAACACACCTTTTACTTCTGGTCCCACTTCAAGCTTCTGCCCTCACTATCTCAACATTTTTTCCACCTTTTCCAGATGGAGAGTGCAATTGCGGTGCAT TTATGGATGCAAAATCCCGCCACTTGGTGGAATTGTCCTAGGCTCCAGTCCAAAGCCTGTAAGTTAATATCGTCTCTGACGGCAAAGGCTTACAGTGCTGCTGGAAGGGAT GCCTCTGCTCTGCATGCCGTGGCCATCCTGCAGGTCCATCAGGCCAAGGCACTCAAACAGCTGCACGAGGGTTGTTCTAGGCTAGGATTGATGCAG
LG8	ref-27015	52.863			TTTTGCAGCCGACATTATTGCATTTGTAGG
LG8	ref-55271	53.375			TCTAGTGAACCGGCAGTTTACACAGAAGTACTCTTATCTGTACTTTTTCACAGGTAAATTGAAATTGAAACCGTTGATTCATTGCTTTCTCACACGCTGGGTCTCTCTCGTG AGCATAGTTTATTTATTTAGATATAAAGAGCAATATAGTCTAATGTTATTAGATTGCTCAACAGCAGCACTTCTTTCCGGCCCGGAACAGCTTTTCTGCAGTGGAATGC GTGGAATGGTTCGAGAATGGAGACAGGCCGGGAACCCGCACTGTCAATGGAAAAGGGGTATCTGAGGGCAATGTTTGCTCTTTGGCTGCCAAATAAGCTTAAATAAGCAG

					GGGCCTTTGCAAAAAAAAAAAGAGGCTGTGATCAGA
LG8	ref-28745	54.083			TATAACCACACGACTCAATTGCACCCATGTG
LG8	ref-68729	54.38			ATTACTTCTTAAACAGCATTTGCTTGGTGATGAAATGTGCAAGATGAAATGAGAGTGAGGTGTTTTCCACCTGGCAATGGTTTGAGAAATGTTGTAGGTCACCCAGCCAT TGGTTCTGTAATGAAACAAGCTTTTATCTGTAAGTTACAGCTGTGTGCACAAGGCTTTGTTGTACCTCAGCATCATCTTCTTGGGTCTCTGACAGTGGTGAGAGAGAGAAAGA GAAAAGTATGAATGTGAAGAGGCTGTATCCCCAGTGGGCTTTTATACTGAGAGGCTCTTCACAGCCAGCCTAATTATAATGTTCAGAGTCATTGTGTCAATTATGCCCCCTT CCCCCTTTTTTTGTGGAAAAATAGCTGATGAGC
LG8	ref-61585	54.38			AGAAAAAAGCGAATCATCTGCGTACTCAAT
LG8	ref-47586_26	54.741	Chr7	42037467	GTTTTTCATTAGAGTAATAATAAAGAAGCTCTCCTACATTCATTGTCTCACTGTGCTTGGAAAAC TGCAACATCAAAAAAAAAAAGAGAGAGAAATTAATAAATGTATAG GTATCGGTATCGGCGAGTACTAGAAAAAAGTATCGTACTCCTGCTCGGTCCTTAAAAAATGGTATTGGTGCATCCCTATCGGTG[A/G]ATGTTATGGACAACGAGCACAGG TGCATTTTATTGATGGCATTTTGAATGCACAGAGATACCGTGACAAGATCCTGAGGCCATTGTTGTGCCATTATCCACGACCATCACCTCATGTTGCAGCATGATAATGC ACGGCCCCATGTTGCAAGATCTGTACACAATTCCTGGAA
LG8	ref-66922	55.379	Chr6	32970944	TACATCAACGGGAATCGTATTTATTCAGCTTTTAGATTCAAAAAATGTAGTGTAGTTGCATGATAATGTGGCCTTGTGTATTATGTTCCACTGGTGACACCTGTAGGCATC AGATGGGAAAAAATATATATTTTTTTTTTATAGGAAATTTCCCAAGAAATCTCAATCACAAAATTATTGCTCTTACAGAAGATACGAAACCTACTCGATAACATTTTCAG CAGAGTAACAAACATGTTTTACAATTTGATGACATTTATTGTTTATTCAATGCCTCTGTCTGTATCCTCTAGGTCTACCAACAATAATACTGATCATCTGGGTCTAGCAA GGAATTTTTTTGATAATAGAGGGTAAGTCCAGATTGATCTAAACTCATATAGACACAACTTCACGTTTCTGACAGTAACACTAGTGTGTGATA
LG8	ref-41037	55.442			ATCCAGTTTAAATGTCTTCCACGATGGGTAAAAGTAAAATGAATATAAAATAAACAAATGTAATCTTAATAAACTACTACAATAGCAATCTGAACGATCAAAATGCAAAAGTG GCTAATTGTATATATATTCAGAAATTGGTTTATACTTAAGAGAGCGTAACAAATTACTCGTGAAACAGTCACTGGGGTCGTCTTGTCTTCCATAAATTTCAAAAAAGATCA TTAATTGATTCAAAAATATAGGACCGTCTGGTGGATGAAAAATAAGAGGGAAGCTGAAAAGGAAAGCAATTTAGAGCAGAGCAAGTTTTACATGTGTTAAAGAAAGAT GAAGACAAAAAAAATCTTTAGAATATTGTGCACTGA
LG8	ref-68035	55.671			TTAAACACACAATTAATAATTCATTTGATATCTTTGGCTTTGAACTGAACTTTTTTTTTCTTTTCATTTGTTTTATATTGTGTTGTATGTTTTATTAAGCACCTTTTTTGTGC AGCACTTTAAAACTATGTTTAACTGTAAAGAAAGTAGGTAAGAAAAATCAACACCATGGAATCGCATCAGTATCAGGACTCAGTTAACAGGCATGATGTACAAAACCAG CTGTTTCTCACATCCCACACAGCTCGCCTCCAATCCCAAACCCCTCTCCCCATCTGAAGAGCAGCCACTCCGATCTAGGAGCTCTCCCACTTACACCACCACTCTTACTA CAAAGAGTGAAGGCACAGATCCTCAGTAAAGA
LG8	ref-51877_31	56.159	Chr6	31204299	ACATAAGATGACCTACTTAGGTCTGGGGCAGGGCGGGTGCGTTAAATCGTTTATTTGAATTATTTTCCATAACTAGTTAAGTAAATTAAGTGTTAAATTGACAGCCCCA GATTATTTTAATCGTTATTTATTTTAATCAGCTTAAGATATTTGGCAGACCCTGCAGTTCCTCACTGGGCACTCTAGTCGCAGACAAA[A/G]CCTATGATACAGTAAATATCT TTATCTTGACCACGAGAAGATAGTTGTAGGTCTTACTGGTFTTGTGACATCATAAGTGTGACAAACAGCACCCTGACAGGAACGCAATGATCAGTAGCAGTATGTATGCT GCAGGGTCGCTCCTAGTAGCTGGATGACAAAAACAAAG
LG8	ref-32815_17	56.222			TCGCGCGAGGGACTCCGCACGTGAGGAACGACAGATGGTCAACATTAACGTCTACAGCACTTCAAGGTCATCTGCAGTCATTAGGAGGTAAAGTGGGCATGATTGTGCA TGTCTTTCACCAGCTGGTGTAACACTAGAGTAATACCCTTTCACCGGGTGCTTGTGAGAATCAAGGGTGTTTAATTGCTTGTGAAGAGAGGTGAAGGGCCGATAT[C/T]GT TGCAGGAGTGGGTTTCGATTACTGAGGCCGGTGAGCGCTGCACTAACAAACCTCACAAGAATCGATCATCTATATTGATAGACGGTTGAATGAGCTCCCCAGTGTGACAG CTATGTGCCTGATCCAGATTTGTACACTATCAACTGTAAATAGTGTGCAAGATTGGAATTAGAGCATCCCAAATCGTAATATATTGAAAATATTATACCAA
LG8	ref-36216	56.733			CTCCTGAACACGATGTTGATGCTGTTTACTT
LG8	ref-48409_24	57.357			TATTTAGATGAAAAC TGCAATTTTGGTGGCCTGAAAACGCTAACTTTGAAAAACAGGTTTCAAAGGTCAAGTTTTTGAAAACGATACCATGTAAACTACAAAAACATGCG CAGTCTATTCTTTACAAAGTGATATCGCCAAC TACTGGCTGGCAGCATAATACAGTGTATAGTCGTTTTTGCAGATCTGTGTGAACAGGATCATTTTCGACAGCATTGCT G[A/G]CTGTACGCAATAAATGCACAGAAAAAACTTTCCATTTTTAGTACATCGCTGTCAATGTAGTTGTTGCTTTCTAAGGGTATGTTTACATGACAACGATGTA CTAAAAAAACCAAAAAGTTTTACTTTGCGTTTTTCGCGTACAGACAACAATGTTGTCAAAATGATCCCCGTTCACACGGATCCACGAAAAACAATGCTG
LG8	ref-45322_17	58.19			GGCTCCTCCATCCCTCGGGCTCCACCGTGATCCTTGCTCACACCGACGTGCGATCAGTCCTCCGGCCCCCTGGCTCTACATCAGCCACTCGTCGCCATGACTCCACCTGGT CTCCCAGTCCTTTGTCAACAGGTCTCTTGGTCCCACGGATGCGCCTGGGCCCTCTACATCTCCAGCGGCATCGC[C/T]GTTGGTTGGGCTCAAAC TACCACCTTGGCTCCTCC CTCCATCACTGCCGCCATGGATTGCCTCCCTCATGGCTGTCTCCTGGGTCACTTCTGAGGTCTTGCCGGCCATTCTGTTCTTCCCTGGTCTGCCATCTTCCACTCCTCCATGGA CCCTTCCACCATCACTCCTCCATGCTCCTCCAC
LG8	ref-33372	58.297			ATCCAACAGACGAAGTTAATGCTGGTTCTGA

LG8	ref-9407	59.193			ATTATCTTGCCGATGCTGATGCAGCTCTCTC
LG8	ref-47967	59.569			CCCTGGACCTCGAAGCATGTGCTCTACCACT
LG8	ref-57855	60.216	Chr6	27524668	ATTGCGTTTCTTTGACAGAGTGGCAAAAAGTTCCTTGTTCTAAGCAAACTTTGGACAGAGCAGAAATAAAGTGGAGCAGACGGGAAAAATAAAGTAACGTATACACACCCA GGAGTTTCTTGACCTCTTCCTCGCTCATGAAGACGTTTACATTCGGCCTGTTGTTATTGTTTATGCCTGGCGCATTGCTCGGGTTGGCGAGGCATCGGGCCCCCTCGAGAAG CAGGAGGAGAAAGAAACCCCTAGTCTCCACAGTACCGTATGCTGCCAACCCCGGGACACCGCCGACGCCGCGCTCCACCGAGCCCCGCGCTGGCAGAAACATCACAG CCCACCGTCGCGTCAAAAAGTCTTTGAGATCGAACTG
LG8	ref-40411	60.88	Chr3	36455863	TATCGCCTATATATATATAGTCCTTGTGTTGAAGTATCAGCTAGATGAATACAGGTAAATGATGTAAGTGGGTTGTGTTTTGAATTATTTAAAGGGATAGTTTACCCAAAAAT GAAAATTCTGTGCATCAATTACTTAGGGGTAGTTACCACTGGCAAAATGGACTTTCATAAAAACTTGGCTGCCTATGCAGAAAGAAAAGAGGGGAAAAAAGAAATTAGTGC TACCTGACTAGAGAAGGGAAAAAAAAGGCTGTTGTCTTCTTTTGCCAAATAGGTAAAACTTCAACACCCATAATGCACTGTACCATAATATGCATGTTGCCATCCAAGG CCACGCCCCACTAGTCTGCAATGTATATGCTTTACCAGAGTGAAAATACCACCTTGCTTTAGTAGGAAATAATTCTTAGCAAACTTTTAGTTATAATGGT
LG8	ref-22710_6	61.361	Chr9	1601283	CTTTTATGACCACAGTGTATGCATCTTGTGATGGCTACTTCCAGAAGGATAATGCACCATGTGCACAAAGCTCAAATAATTTTAACTTTTTCTTAAACATGACAGTGAGTTC ACTATACTTAAATGGCCTCCACAGTCACCAGATCTCAATCCAATAGAGCAACTTTGGTATGTGGTGGAACGGGAGATTCAAGGTGTGATGGATGC[C/T]AGACGAAAAATCT GCAGCAACTGCGTGATGTCATCATGTCAATATGGACCAAAATCTCTGTGGAATGTTTCAAGCACCTTGTGTAATCTACTTCATGAATAATTAAGGCAGTTCTGAAGGCAAA AGGGGGTACTAGCAAGGTGTACCTAATAAAGTGGCCGGTGAGTGATAAACATATTTGCCTAAGAGTTTTTCAGTGTTGTAGATGAATAATCCCTTCCTT
LG8	ref-22710_7	61.579			GGATGC[A/G]AGACGAAAAATCTGCAGCAACTGCG
LG8	ref-434	62.214			AAATGGTAAACGATACCAGTGCTGATACTGG
LG8	ref-411_16	62.423	Chr6	26111082	AGAGCCAGGTGCGCTGAGATAATGTACTGCCTCCCGGCTCCTGTCTCAATGCTCTTCCTCTATGACAGATGGGTGATAAATATGCTTGTATCTAATTAATCAGTAGAGGT TATTGGGATCAATCCATCTCACCTGCCCTCCCCACCTGCCCTCCTATAGTCCTATCAGCCATTAATCTCAGCTTTGTTTTATGTTCCGATAATGTCGACA[C/T]TCCTGCC TGCTTGAATTACATCAACTTGATTACCACTGAGATGCTGCCACCTGGCACCTGTTTTTTGTTGTTTAAAGGTTAAAAAAAACGGTTTGACCTGCGACATAGGTTCC TGTAAACTTTAGCATCATGCAGTTCATTTGACTCTGATGACTTCCTGCAATTTTTTTGAGCATGGATTCTGTTTAAAGGTAGGGTAGGCAATATT
LG8	ref-69403	62.665			ATTGTTTGCTCACCTTAATGTTGTTCCAAACAGATTCTTTTTTCTGCAGACCACAAAAACAGATATTTGAAGAATCTTTCAAATACATAGTTCAAGGCATGAAATTCTAACT GAACGCTGATTGGTTATTTCAAAGCCGTGGCACCAGCCAATCTGAAGTACTCCTAAATCCACGTAAACCATATATATCGCACCTAGCCTGCGATCGGCATGAAAGCTTCTG TTTTCCCTCCTCCTCGTCTCCAGCTCCACCTGAGATCTGCTACGGGGGTTCTACCATTTTCTCGCAGCAGCCTGTCCTTTGTGTTTTATTTTAACTAAGCTGAACAAATT ATTGCTGAAAAATTATTATTTGCTCAGCAGC
LG8	ref-9210	63.039			GGAGCAGGTGGAGAACAGCATCCTTTACATGATCAGACATGAAGTCAATTAGATGTGTGAGGAACGAAGAAAAGCATATGAATGCAAGGCACGGAGCAGGGGTGAGGC AAGTCTGATGGCTAAAATGGAGGTCAGCAGAGGCAAAGTCAAAATAAGATTTCATCGTAAATGGAATGCAGCAAAGAGCTTGGGGGAAGGAGGCTGGAGACTTTTCAT AGATAGAAAAAAAATGTAATTGTATGGTCTCAACAGTTGATTTTAGAGTGTAATGGAATCAAATCTGAATTACTTTGTATCCAAATAGATAATCCTCTAATTCTAAAT AGAGTTATCAGCCATATTTACAAGCATCATAAGCATTTTT
LG8	ref-41495	63.169			CAAAACGATTCGAAAACCTTGCTGGAAGCTG
LG8	ref-37382_17	63.349			GTGCTAGACCGATTG[C/T]TTTGCAAGTTGTAAT
LG8	ref-26840_7	63.631			AAAGTATTATCACCACCTAAGATTATTGGGAACATCAGTGGTTTTTGTGTTACAATCTGAGGGCAGTTATGAGATGAATCTTTATTGGTAGATGTGAGCCTCACTTCCTTCCTT TCTGATGCTTTGCATGACTGCAAAACAGCAACAGTAGGCCTTGTCATTTGCTGGCAGACTTTTCTTATCTGAGCGCTGGAGTCTGGCAATCTGAT[C/T]GGCGAAGAGCTTG CACCTTCTGTGCTAGATTTAATTGAAGCATTTGGTTTGTTATATTAGAGCCTGTCATCTGACTCTTATACCTAAACATGAAAAAGTGGTGGTTCTTTGAAACAGCAATTTCT TCAGCTTTAGTGCTTGTGTTGCAGTTCACAACCTGACACCTACATAAATGCTACTAGTTATGTACTCTTTATCAAAGTTTAGCACACAGCAAAACAAA
LG8	ref-39679	63.728			ATTTGCTCTGATTTGACTCTAGCCACAAAGTAAGTGAGTAACCCATTCTGTTGAGACACCAACAGCACATATCTTTAACAGCTCTCTGAACTGACGCATCAATTTTTGTGTTA CTTATATGTAATTTTAATGGTCATTAATTATATGGACTAACATATGGTAGTTTACCATGGCATGTAGGTCAATATTTGTATTATGTATAATCACAATGCGATGTCTGTGCATT AACACAATGCACAGATATTGTGGACCAAAAAACGAAAAACAAATAAATAAATAGGTGTGTAGAGTGATTCCAATAACATTTGTATGTTTTGAAATTTATTTGTTCAGGAAC AAGCATTCCTTCCTCAAAATCATAAGTTTTTGGCAGTCTATAGAAATATATCCAAATATGCATTGATTAAAGACAGTACAAAGCAGTTCAACAGAA
LG8	ref-68151	64.166			GGGATCATTTCGACACCGTTGCTGCCTGTAC
LG8	ref-30062	64.55			CCTCCCGAGTCCCCACCTCAATTTGATGGCTCCCCACCACTCCTGTCCAGCTGTCTGGATGTCTGGTTCCGTCCAGAGACCTTCATCCTCCGATGCTCTGCCAGCTTC

					CTGGTCCCATCTCATTTGCTGGTTCTGTCCAGTCCCTTGGATACACCAGCTCCACTGGTATCATCCAG
LG8	ref-4422	64.605			AGTCAGAGCACGAGATGTTTGCAAACAATAA
LG8	ref-60017_32	64.969			AACATTGCTACGAACCAATTGCTCTAGACTT[A/C]
LG8	ref-38994	65.149			AGATCTGCTACGATGCTGCTGCAGAGCAAGT
LG8	ref-29047	65.486	Chr6	46834151	CCTACTGAGGACTCAGTTTTTGGCCCCAAGGTGTCCTTTATCAAAAGCGATGTTTCATCCCCGCCTGACAGCGGTCAGAATGTATTGGTGTCTTGCTGGGGACCTTAAAAAC ACTTGTCATTACTTCTCATTGCCTCTAGCCTGTGGTAAGAATCAAATAAATTCAGTTTCACTGAGAGGAGTTCCAGCCAATCCCGCGTGTCTCGTGCGAACCCCTGTGCTT GGCATCTTACAGGCAGCTTAATGAAATTAATATATCGGATTACCTTCAGTGATTGATATGCTACATCCAAATGTAAACCATAATCTACTCTGCTGAAACTTGGACATCAGC AAATCTGATTTATTGCAGGTACTTTAAGAAGAAGTATTGTCATCTCTCCTTTCCCATGAAATTATAAAATGAACCTTTTGGATGTCAGCCATTATA
LG8	ref-21664	65.748			AGTTTTCTCACAAATGACAAACAAAGGATCATTTTTACCTCAGTTTTCTTCCATACTCAAACGCTGGTCACTTCAGCTATAGAAAACAACATAAAAAATAAGTAGTAAATA ACTAACGCTTGACGTCATTTTATTTTGTGTATCAGTCAAGACATGTTTACACATTCTTAATTCCTCCGCCCTTTCTCTCCTTGTGTGAACAAGATTGACTCACATGCCA AATGAATTAACGAAAAGAAATGCCCTCTCATCAGACGGCCAACAGACCCTCGTTACGAACGAAATGTCGTGTTCACTGCCGAATCTTTGTAAACAAATCGTTTAAAA CGCCGACTCGTTCACTGAAGGGGGCGAGCTCGTTCGTAAGTCCAAATGCTCCTTACAGCCACACTGGAATGCTATTGGCTGGAAGTACAGAGACA
LG8	ref-70052	65.842	Chr6	45068286	ACAGAATTGTCATTATTGTGTGAACAACCTTTTTAAAAAGAGCAACACAGAACTCCAGCATAACAATTTACTCCCGTTTCAAACACACAGTGCATGTGCCATGAAACCA CCAGCCCCAAACCCAAATGGAAGGACTAATATGATAGAAATATTAATAAATTTGTGTGAGGATGGGTGCGTTTGAGCATGCATTAACCTCACTCAAACCTGTGATGCTCATGC ATTCACACTGTTTGATGTCGTATATAAAACAAGCCTTGTGTTTCAAATAGTGGAATGTAAGACTCTGAGTCAGGCAGTTCAACCTCATTTATCATAAACATGTCTCGGATGAT CTGCTCAAAATATTTAGATTATAATTGTCACTACAAACACTGTTCTCAAAGAGATTGTTTTAAATTGCATCAAAAAATGATTAATGAAACAAGAA
LG8	ref-47022	65.918			GAATGCGAATTTTACCAGGGGAGCCCCGCCAAAATGCCTTTGGGTTAGTTTGAAGGAGCAATTTGGGCGGGTTTGTGTGTGAAAACCTGGCAACCCTGGTTGTAGCTGAGGC CTGGAAGAGTTTGTGTGTGCGCATGACAAGAAGACGCTGTTTTAGCGCTATTAATCCACTTTGCATGCACTTCATTGCAAGCACTTCATGCAATTTCTACGCTGAAATTC ATATGGGAAAAACCAACGCCACTGTTACTGTTCGTATCACTAGCTATGTTTCTATCACCTTGTTTTTGTGTTTTTGCCTTTTTCATGTATCGCATCAGAAACAAATAATAAT GGAAACGTCCGATTTTCGTGAAAAAAATTTCCCT
LG8	ref-73427	66.112	Chr6	23212178	TGTCCTTAAAAAAAAAAAAACAGTTCAAATGAATCGATTCACTGAAATGAACTCTCTTTACGCTACTAAGCAACGAGGCCAAACACAGCGTGCCACTGTTGCCTAGATA CGTGTGTTTGGCTCCTGAAGCTAGCAGCCTTTTCAACACATATCAGAAGCTGAAAGTTGTATCACGATGGCAGAAGACACGCAAGAAGTCCCTCAACTCGCATTAGAAGCT GTTATTGGGTTTAATGGTAAGGTGAACTGTGAACCTCTCGCATTTGATTGTTGGTCTTTAAATTTAAACAATACTCTCTGTATTGTGAAGATGAAAGTTATTCAACGGT ATCAAAGCATCTACATTGTTTATACAGGGCATGTG
LG8	ref-60419_29	66.285			GCTTCACAAACGAGGTCAATGCAACGCT[A/G]GAT
LG8	ref-60419_2	66.286			G[C/T]TTCACAAACGAGGTCAATGCAACGCTGGAT
LG8	ref-57516	66.31			TGTGCTTGTGGATGAATTTGATTTAGTTTCATTATTCCTTTTGTTATTATTGGTGTGTTTCCAGATATGTCATAACATGCAGCATTTTTGAAGGAGCTGCCATTTTTGCCACAT TGTGCACTATTTTTGATATACTATGCTATCATTGGTTGTTTGATTGGGCTTACCCCAAGTGCCTCAAAAATATCTGCGGTTGGTAACCTTCCATGTCGATCAGATTGCTTCTC CCAACAGTGGCATATCTAATCTGCAAGACTCTGAATGTAAAGCCAAGCCTGTTGCTTGAAGTGAGAGTCTGTGGAGAGACTGCTGTCTTAATCTGATCCCAGCTGTCCG GACTTTCCTTCAGATTGGTAGGAAACTTTGCAATGTTGATTTTGCAACGTTGTTTCATCGTACTTTTCGTACAGACCTTCAATGTTGAAGTA
LG8	ref-11563_25	66.772	Chr6	34242308	CACGGGCACATGTGAAACCCCTTTTTCACATATGCCAATGTGTGTAGAGAGGCTGGAGGGGCAAATCTGGAGCCTGTGAAGAAGTGGAAACGTTGTGTGCACTGGCAAGGC TTTCCACGCCGCTTAATGAAATGCTTAATGACCTGAAAAGAATCCCTAACCCCAAGTCACTCACAGTCAATTTGAGCTGACATGCACTGTTGTTGCTCGAACCACTTGC TC[A/G]ATTTTATTTCTTTTACAATCTTTTCTCTCTCACTCTGTTTTCTGCTCAACAACATCCATGGGGCTTGAGTTTTATGCTAAAAATGTTATGACAGGAGAAGTTGGT GGGAAAAGGCTCTCAAGGGTTTAAATTTTCTAGAGGTCAATCTGTTATTGTGTGTTTTATGTGTTGCTGATGTGTCCTTTGGATAAATACATAAAA
LG8	ref-40712	66.972			GCACTTTGATATTCTTCTCGTTATTTCTCTATAGCGACTAATAAATCGGAAGTCTCACACATTACAGAAAAACACCTTATTTCCGCACTGAAAAATAAGGATGGACTAAACA TGTAATACGCATGTGCATGCCGTCGCCGTTTTACAGATTGTATTTTGCAGTTTACACGTACATGTTAACGGTATCGTTTTCAAAAACCTTCCACTTTGAAACCTGTTTTCA AAAGTTTGCATTTTAGGCCACCATAATGCCGTTGTCAAGTAAATGAACAGCCAAAATGCGTAAAAACGTTTTCAGTTGAAAATGGTGTGTGTAAACAGCCCTCAAGTTC CTTTGGTTTTTACGCTCCTTGTTGTGTTATGTT
LG8	ref-10740_32	67.14			GCGAAGCTCTCGACCGCGTTGCTAAATAGGC[C/T]

LG8	ref-29210	67.324	Chr7	3608351	CCCCCCGGTGGGCGTGGTTTTTCAGATTATAATAAATGCGCTCTGTCTCTATAGTTTCCCTAGCGTGTTTTACACAGCATTGAGTTCCTTTTTGAAAGGGAACGTCTCAGGTTACGCATGTAACACGGTTCCTTGGAACGGAACGAGACGCTGCGTCTCTTTGCCATGCTTCGGGGCCCGCCTACTTACAGTCCCTTCAGATGATAAGCGGATGACATGCTGTTTGGGCACCCCTTTTATACTTGCGGGTCACATTATGATGATGTTATGGGCTGTGCGCGGTCAATATGATATTGCCGAGATTGGATATGTGTTTCAGACAGCGTTCCCGCGGAGGCGGTTCCCTAACGTGTTTTACACAGCGTCTCGTCTGATGCTAATTGTAAATCATCATTGATGATAGTGATCCTGACAGAATTAACTTTT
LG8	ref-56899	67.404			CTGTGCTCATTCCCTTTTCCGTCATATTCTCTGCTGTGTCTGCCCCTTGTTGTGTCAGTAGATTTTTGTGTGCCTCATCTTATGTGCTGTTGGATCTGTGCTGTGTTTTGTGTTTACCTTTGTTTTCTACTGTGCCAGGATGCCTAGACGAGGAGTTACACAGCTGGCTGAGTGCTCGTGTTCCTTAGTCTCGTCTCTTTCCCGTCCCGATGGGCATGCACCTGTAGTGGTCTCCACAGCCTGTGTCCGCAGGTGTCTGTACAGACGGCTCTGGAGCTTGACACATTGCGCTTGCCATGTGTGTATCACTACACTTTGGATGTTGTTTATTACACAATGTGTCTAATAAACTGTTGCATGAAACCTTTTGAGTCCTCCATTCTCACATTCTGACACATCGGACACACCCAATTCAAGCCTTGGGG
LG8	ref-32838_24	67.451			GTGAATGGGGGTCAAGCTTTTGAAGCCCAAATAAATGCATCCATCCATCATAAAAAATAATCCATAGAGCTCCAAGAGGTTAACAAAAGGCCTTCTGAAGCAAAGTGTGGGTTTTTGTAAGAAAAATATCCATATTTAAACTTTATTAACATAAATAAAAGCTTCCGGCAGACGGCTGGCATATGCATCGAT[A/G]TGTGGCGGAAGAGTAACCCCTGACC CGACGCATGATGCAATGATGAACCGGAAACACAGAGGATAGAGCAAAACAAAACAGAAAAGAGGAGCTTGAGTTTGTTCACAGCCCTAATTGTTTAAACCGCAAGATCTTACGATACTCATACATCTACGTCATAGTACATTGCATCA
LG8	ref-55454	67.74			CTCTGATGTGTCGAAAGCATTGCAAAAGCCACTAAAGACCGCCTACTCTGTGCCTACTGGCCTAATGCATAAACATTATGGGAAGCACGCTAGCCAGATGGGATTTAAACTTTGTGCGGTGAAGACTCAAGTTTGGTTTGAAGGCTAAAAATGTACCAAGCACAATGTTCTCTCACCATTCCCTGATTTCTAACAAAGCACTCAATGCGTTTCAGATGGTCTTGCA GCTGTGTCAGAGCAGAAACGAAAGCTATGCTCTCTGTATGTTTTCCGTCGCTCTGCGTAGCGTTTCATATGTAAATATTATTTGTCCATTAGATCGAAAGATCTTAAAGAACCC ATACATTTACCCACCCATAGACCCTCCCTCAAAGAAATCGGTTGAAAGTGGACAAAAATAGATGGATTAAAAATAAAAGTGTAACGGGTATCTGTC
LG8	ref-43053_28	67.813	Chr6	27422984	TTCAAAATCCATGACCCTATTCAAGCAGCCCTCTGCATTATGTTTATCATGACTTACGCTTATGTCAATAACTCTTGTCATGTTAAGTACATCTGGCCCAAAATATCATAATCATGTTTCAGTAAACCTGATTAATGTTGTGGAGTATCTGTTGCAGACTGCTGATCTTGCTGTGCAAGGCATCCCTCTCGGTTCTG[A/G]CTTCGGACCTATGTATTTCTGTGC AATAAAGCATTTCAGGTCAAAGTGCAGCTTCTTGAACAGCCATGACACACACCAGACAAGACAAGTGCATCCAGACAAGTCATTAAGGAAGACTACCCTTCCCAAATAATG ATTCTAGCAACACCATTATTCTACTGTATCTCTGCTC
LG8	ref-3624	68.055			GTCCAAAAGACGAACTCATTGCATACATTGC
LG8	ref-28618_6	68.228			ACAGAAGGGCAGAGACACTGGACGTATATAAGCAAGGTGTTTATTTTACAAATCAGATGAGCAACATTTAAGCAGGTGAGTGAATGGTGAAACTTCAGGTGAATGGTGAT AAATGGAATGGTAATACTGTCCATTGTTTTGTAGGTGAAGGATGAAGGCTGAATGCAGGTTTCCAGACACAACAACGGAGCTGGACTTCACACAC[A/G]AAGGCGATGAGT GTGCTGATGACGTGCAGGTGTGCGTGATTAGTATTCGGGTGACGGTGAAGCCTGGCGTTTCTGTGACAGACAGCACTACTTATAGGATATAACCGATGTGTTTATGTGAAT ATGAGGTAAGACATACAGTACATAGTGACATACAGTACATAGTGACAATATTTGGTGTGATTTGACCACAAGTGCAATAAGCCATGAAAAAGAGGCAGCTT
LG8	ref-24547_3	68.535			TAAAGGTGACTTGACTTGACATGAGCATTGTCTCTACTGAGAACAGTATTGCAACGATTAGCAAATGCATCCTTAACCATAAATCTGGTGAAATTTGAGTTTGGTAAGGCA ACAATTACATAAAGTGGTAAGTTAGTCGGTCAAGGTCAAGTGCAACCTGTCAGTGCAAAATTCACCGCTATTGTTGATTTTCTGTGCCTA[C/T]CACACGACGAGAATTAT GCCGCTTTTTAAGCATGGCAGGGTATTATCGTAATTTTTGTCAAAATTTTCAACTGTTGTACATCCCTTACCAGTGTGTTAAGTCTGCCAATGATTCGTCTGGTCTGAT TCTTGCCAAACATGCTTCTTGCCCTACTAATCAGTGCACCTCCCGCTCCGAGTTCTCTCGTCCATTTAAATTAGAAGTGGAAGCACTGGCGCCGTAGTC
LG8	ref-2783	68.657			GCCCAACGAACGACTCCTGTGCCTGTTTGTG
LG8	ref-59821_3	69.087	Chr6	1740915	ACATTATACTGTATATTATTCACTATCAATCGCCTCTTACACTAAATGTAATAAAATCAGAATCATTCTCACGTTTTGGTGATTCCCTAGTATTTTTGTATTGATGTTTTAA TCAGGCCACTGTCCAATCGGCCAAGTAAAAATCTCTTTTACTTGCCCCCTCAAAAATGTGCGAGCCCTGCTCAAGAAAGCCTTCAAT[A/T]TTTACCCGATATAGTTGCAG ATCCGCTGGTGATCATGGCGGTCCGTCCCCTCCGAGACCCATTCCCATAGACATAGACGTCCCCAGCGTCCCTGTGCTGATTCCCCCGATACTGTCGGCTGCCGAGTGACC GTACTCCCCCTGATCAAAGTGCAGATTATAGTGGATCCGGGGGAAGGTGCTGCTGGAGGACAGCTGGTTGTTAAGAGGCATCAGGCAGTCGGGTGG
LG8	ref-67683	69.27			CGGAATTTGCAAGCGGAAAGACTGAGCACTGAGCACTTCTCCAAAAAGGAATCCTTTTATTTTATTTAGTATTTAAAAATGTTTGTGTGCTGCTGCGTCCCTGTGTGTGTAACAA GCAGAGTGTACGCGTGTGTGCGCCTGCCTATAGGTGCATATAGGTGCACACCTCGTTTTTCAGACCAGCACGCCCATCGGGTGAACAGATGGCCGTGAGTGCATTTGCTAT TTAACAACGTGACGTGGACGTGAAAAATGATAACTGCGTCAGGCTGAAACTAGCAAAAAACACTTGTGCGCCTGGTGTGCGATTGCGCCAGGTGTATGATAGGGCCCA TTAACCTGCAGTTGCGAGTTATAAAGTCCGAATTGT
LG8	ref-40017	69.473			GCTTTGTGTTGCAACATGTTGCAAGTGATG

LG8	ref-27381	69.706	Chr6	42188792	TCACGTAGCTTTAGTAATCCTGAAGACATTCAAGTGTTTGATCAGGGTTGTAGCTAAACTGCTGCTGCTGCACTCCCCTTCCTACGTCACAAGGGGAGCAAAATCAGAACG GCTCGATTTTTCACATGCTTGTAGAAAAAGGCTTACCAAAACAAAGTTACTGGGTGGTCTTTTTCACATTTTCTGTGCTGGTAGATGTACCAGAGACCCGATTATAGTGCT TAAACACGGAAAAAGTCAGATTTTCATGATATGACCCCTTTAGGAAAGCCAGGTTCTGTCTTTTGCTTAAGTGTAAGGGGAGGTCATAAAATAGGCTACTTGCCACTTCAG CCTATAGAAGCCGTTTTTTCCGATTTTGTTTTTTCTCTGTTTTTTAATACTGCATACAAATTCATGTATTTTTTGTTATATTCTAATAATG
LG8	ref-35931	69.719			CATACACAATAATTGCATGCATTCAATTCATTTAACTATATTAGATTAATAATAATTGCACTGTTGCATCAGATTTTAATGTGATTATTTGTGCAACCTACATTTTGAATA AAGGTTTTTGGCAGAGAACACAAATCTGGCTTGTTAATGATTTTTACTTGTCTCTGATTGAAAAACAATGAACTCGCTGCTGTGATAAAGATTTCTTTGCAAACTCAGC GGTGAGTTCAAAAGCACTGGAAGCAGCCCAGATCTAAACTAGAACAAAGCACTTTCAAGTATTTCTGGCTATAGTTCAGTAGTTTTCTTAATTAGTACAGTATAGACTCA GGTATTATATTGTGGCTAGCAGCCAAATGCATG
LG8	ref-27700	70.114			AAATTTAAATTATTTCAATATAGACACACACACAAGGTGCAATAATGAAACTCTGTATTTTCATATGATAGTAATGAGAATTAGGGGGTAAATGAGCATAATTTTCCTGA AAATAATAATTAATTTATTATTTTAAATTTATTAAATTAATAATATCTTTGTCTGATACCTACGATGGCTGCATTCCACTCGACTTTTAGACATGCACTCGCAAACCTCCCAAAG CACTTCCCTCAGGGGAATCCCTGCCGCCATTTTGTGCGTTCCACTTTGTGAAATGGATGAGGGAAGTATATATGGACAGACCCTCGCTCTTTTCGATTTTGGCCGAGGGAGC AAGTCTACTTCATATGTACACTTCAGGCAGCTC
LG8	ref-45771	70.252	Chr6	5956210	AAGTTTATTGGGCCTAACTTATACATTTTCTAACAACCTTTATGTAAGTAGAAAAATTTACCATTAAACCTTTATCTAGAATGCAGAAAGTTTCCCCCAACCAGATCATCA TGTAGCATCACATGTTCTATATAGCTGACATTAAACACATCCCTCCTGCTGTGCGACTTTCCAACGTGTTCTGCATTTAAAAATAGTCCTCCTGCTGTGCGACTTATATGCAGC TTTCCAACGTGTTCTGCATTTAAAAATAGATAAATGCATAATACTAATGAGAAAAATGAACACAGAAACATAAACTATCAAGCAGTTTCCACAGTACCACAGTAATCTGACA TAATAGTTTGGCCTATTATTCAAACGGAAGCAGCATGTGTGAGGTATGACATCACACTCAAAACTCAACAACTTTTGTCCGTGGGTGCCATCCA
LG8	ref-4540	70.558			ACACCTTTTGAACACCATGCTAATTGACC
LG8	ref-67884	70.783			TTCTGTCGGAGACACTTCTGGAAGAGTTCTTGGTTCTAGTAGACTGAGGTAGAGAGAACGGCGTTTCCATGTTGCTATATATATGTAATCCATCCCTACAGTAAACACTTTA ACTGCAACAAGTAGCAGTCACAGTTGTATCTTCATGTATCATGATTAAACCGTTCCTATTTCTCGCTTTGGATAAAAACTTATTGCTCTACATTAATAATGAATACCGTGCGC GTTTTGTGCCTTATCGCGCTTTTAAATTCACGGAATTGTTATGGATTTGTACTAACATGGAGCAAGGTTTAAACGGTCTAATATTAAATCTCGCGCCAAGCAGAAAGACGATT GCTGCTGCTCATGGGATGCGTCGTCTTAGATGCCTTCTCACGTGACGTTCACTCTCCCATAGAGACAGAGCGCGTTTATTCTAATCTGAAAACC
LG8	ref-38161_2	71.275			C[G/T]GTAGTAAACGATCGTTGTGCGTGAGTCGT
LG8	ref-47955_1	71.829			[C/T]TTAATGAAGCGACAAGAATGCTTTTTGTGCG
LG8	ref-47955_4	72.033			CTT[A/T]ATGAAGCGACAAGAATGCTTTTTGTGCG
LG8	ref-31917_8	72.985			GTTTGGGGTCAGATTTTCTTTTTGAAAGAAATTAATATTTTTATTTAGCAAGGATGCTTTAAAGGGGACCTATTATGCAAAATTCACTTTTGCATGGTGTTTGGACATAAAT GTGTGTTGGCAGTGTGTGTACACAACCACCTATAATGATAAAAATCCACCCACTCCTCTTTTTTAATCCCCATAAATCATAAGCAGTGTCTCA[A/G]AACGAGCCGTTTGC AGGTTTCTGGCAATGTGACGTCACATTAGCCACAGGCCCGCCACGAATGTTGACAGACACTGCTGTTTAACATAGAACCGCCCTGAGCGAGTTCACAGCGTGTGTAC GCAGTCCGCCATTACTGCACTGACGAGAATGTCTCCAAGCATTTTAGGTGTTCTGTAGCTGGATGGATTAATCCACATAGCTCTCTCCATTACTCCC
LG8	ref-36996_1	75.611	Chr6	5657560	GCCATGACAGAAAAATCAAAGAGCAGCCATGGCTACCGCTTCCCCTGGGAGAGATTACATTCTGATGGGTCGCTCTGAAGTATTTGTGGATGAAGGTGAGAATAATACAAT AATCAAGGCATTAGGAGCGCATCCTTTCCGGCTGGTCTACTGGTAGAGAACGACCCGTCGATACACACCACCTGCTTTCAATGAGTTGCGC[A/G]GGCTTACCGAAGC TGCCCTCCGCCGATAAAATTTCCCTCATTCATGTTTTTAAATGCCATTATAGTTTTAGTGGTTGCTGTGCACTGTGACCTCCTGAAATAGATAGATATTACAATTCTATT CTTACTCTCTGTCTCGCTCCCTTTTTATCACTTTGCACATCTTATCAGCTCTATAACATTTGCCTTTTTATCTGCCTTTTCAGTAATGCATTTTCCTC
LG8	ref-21089	77.32			TGAGAGAACTCGATGCTGGTGCGCGTCGTGT
LG8	ref-44406	81.071			TTCTGAAATGCGAGCTCCATGCCATCACCGG
LG8	ref-4706	83.738	Chr6	3900335	ATAATTTTAGTCAGCCTCTCACGGACGGGCTGCGTCCAGAGTAAAGGGGGGAGATGAAGGGGCTTCAGTAATGTGTGCACTGAAGCATTTCAGCCCTGTGAAAAACAACT GTAACTTTCTCAATGGAGGGAGGCTGCTGGGGGCATGACGGCTGTGCACGAGTACGTATGTGTGTGCGGCATCTGTATCGAGCAGACGCAGGGAAAGAAAGGGTTAAAA TTCTCTAACTGTTCTTAAAACTGAGGCTGGTGCACCTCAGATGCGTACATCAGCCTCAGTAAGTATTTGAACACTGATGCTACACTTAAAAATGTGGGATGCCACTGC ATTGATACAAAAATAAGAAAGCAAGTAACATCTGTGCT
LG8	ref-41858_2	84.201			C[A/T]CAGACGTGCGACAAGGCTGCATATCAACAC
LG8	ref-41858_3	84.517			CT[C/T]AGACGTGCGACAAGGCTGCATATCAACAC

LG8	ref-52359	84.934			AAGTTGAACACGATTTAAGTGCCACTCACTG
LG8	ref-68091_15	86.341			CAACCAATATGGATGTGCAACCGCAGTGTGAACAGAAAAATTAATGTACATTAATTAGTGAATAATCTCAATGCTTATTAAGAGACAACATATTTATAGCTACAAATTTGTATAAAAGTATCAAAGTGTGCTTAGAAACATTTTGTAGTGTTTAGTGGGGGAAGGGGGCACCAATAGGGATCTCGCATAGGGCACCAAAATGGTCTGAAACGAC[C/T]CCAA TGCCATTAATGCTCCTTGAAGTTAAATAAACACTATTTAGCAGTCTAACAGCATAAGCCAAGAGATTAATTTAAATCAGCACACTCGAATTCTGACCTGCTTTGGAGAAATTAACACATCTAATGAAGCAATGTGGCATCACAGAAGGGCTTGACAGCTGTCAATTACACAATGCCATTTTAAACAAAATCAGTAAAAATGGATGGTTGTTT
LG8	ref-70820_7	87.378			TCCAGC[A/G]CCCCGAGTGAGCTGCCTGGTCCCCC
LG8	ref-70820_3	87.524			GGCACCGTGCAGATACTCACTTTAAATTTTCCACTGAGGAGTCAAGATGGAACCCGGCTGAGCCAGAGGAGGTACATGAGTTGTGGTGAAGGGACATAATGTAACCTAGACATTCCCTATCAGTCAGTCACATTCTACGTTACGTCAGAACGACTGACGAATTGGGATCCCTATGGAAGACCCCCCAACTGCTGCCCTTTC[C/T]AGCACCCCGAGTGAGCTGCCTGGTCCCCCGCACCTGCTGGGGTGGAAAGAAAGGACAGGCCATATGCACGGAGAATGTCAATACTTGATGTTCCAATCAACCCTGTACAGTGAGACTACTGGATAACACTGAGAAAGTATGTCTATTCCAACCTGGAATTCCAGCTGTAATCTTACCTACACCAAACTTTTGAACAAAATAGCCTATATGTTCTAAAATAAAGATAGAGATA
LG8	ref-53917	89.13	Chr6	6993442	GCAGACCTGGTGAGCATAAGAGACATAAAACATAAAAAAAATTTTACTGACTCCAACTTTTGAATGATAGTGCAGGAAAAAGTATGCAGACATTCTTTCAAATGAACAGCTTTGGCTATTCCAGTATTTTCAGTGAAAACAAATCTAAACACAACCAATAGTGTATTTACATACAGTAAAGATGTCACACACCCTGCAGAATCGACAGAGCTGTGGATTTCCTCATTCAGAATTCATTTTCTTTTATCCTCTTAATTCTGTTTCAGAGCTCGCTTCTGCTGTCTATTTTGGGAGCCCATTTCTGAAGGTTTCAGGAGATTAGAGCTGTGAGGCTGGAAGCTCACACAGCTCAACAGCTCGTCTGTGCATGACCACATACAGCTCACCAGAGACCACACATTCTGCATGCCAGACCC
LG8	ref-53852_18	90.338			AAACTATATAGACACTATATATTTTAAAAAATGACAAAAAAATGAAATTACTAAAACTAACTAAAAACAAAATGAAAAACAGAAAATATAACAATAAAATTTTTTTTAAAAATTAATAACGTTTTTTTTTTTGGACAGCTCCAGTGCTTTTGTGAAAACCTACAGATCGTACTACCACATTTTTGTATCCCCACTCGCGTAGTCTGATCGAGCCC[A/C]GTGCATTATGGGTGTTGAAGTTTTTCTACGATTTTGAAGAAAGGGAACGGCACAGTCTTGTCTCCATTTAATCTAGTCATATTGCACCGATTCTAAAAAAAATTATGTTTCTACTTCATAGACAGCCAAGTTTCATTAAGGCCATCTTGCCAATGGTAAATCACCCCTTTAAGGGTACAAACAAGTTTTTTATAGTGAAGTCTAAAA
LG8	ref-47458	91.058	Chr6	8405312	TAATTTAATTTCAAAAACCATAAGAAACTTCTTTCAAAAACATTAATAATCGTAATGATTCAAAATTTTGACCAGTGATGTATGAACAAGTCTATTGATGATGATATTCTCTTGATTACGCCGCTACTCCATTATAGGACCAACCTGTTCGGTGATTGGCCACAGCCAAAAAGCTTCATTATTAATATGGAAGGCTTCCAGTCACGAGCACCCTGTGTCTCCAGGGTCTGATAACGCACAAACTTACGCTCTTATTACTCCACCTATAGATCACAGAGAGCTCTCGCTGTCCGTCCGCTGGGCCACCAGTTTCGATACCGCCAAGACATCTGGCACACATACAACACACATAGTGATAAATGAGCCTGATACAGACAAACAGAGATAATGTTACACTTATTAGTCAGTCTGTCAATTGGCTA
LG8	ref-64582	93.704			CATTTGTGGATCGCTGCACGCATTTGTGTCAAGACTGCAGACATATCCACAAATAGGTCGACTGACTCCAAGGCCACATTGCGCTGACCAATCGCAGCACACTCGCTACAA CCAATCACGTTTTGCTTTACAATCGTGGGAATCACGTTGGCATAGAAAGGAAGTATAGAGAGTATGGACGTGAAGTCACCGTCGACCATTATGACTGCGGTTACACCCAC TGAGTGGCAGCATTGGATTTCAGCATGAATACCGCGAAAAACACATCCAAAACGGGAATGA
LG8	ref-38600	94.968			TATATCAAATCATTCTGTTATATATTTTCGTAACATAGTTGAGAATCATCTTTATACAATGTTTGTTTAAAGAAAATCCTGAAACCTAAAAATTAATTGGTGAATGAAAAAA TTTCCATTGTTTTTGCCTATACATGTCATTTTGTACAGTTGTGTTTCAGGCAGGATGATGAAGACAGGCGACCAGATCGAAATACTCAAAGTTAATTACTAAATCCAAACA GGCAGGGGAAACACAACATAATGCAACGTAGAACTGACAACCTGAACAGAACACACACAGTGAACAGAAAGAACTAACGAGACTAATTAATAAGACACAGCTGAAGTGAAGACACTAATCAAATGAGTAACCAAGGATACAAACAAG
LG8	ref-13147_3	96.355			TC[A/C]GTTAGATCGAAAGATCTGCAAAAGCCCAT
LG8	ref-38884	97.263	Chr6	10523675	TTAAATATGCTTTTGTCTCCATAAGGGTTTTGTTTCTTTGGAATTTTGGGTTGGACGAGCACCTGATTATTCTTCCATTTAAAAAGAGGTGAATCAGCCGTGTTTGTGTTATTAATTTATTATTGTTTATTTTGGATGTAGTTTCAGCAGCTTCTTTGTGTGTTTGTAGGCTGGCTACTCTGTGTGGTTTTGGTCAGGATGAAAGCCTTGAGTCTGCTGCTGTTCTGAGGAAATACGACTGACCTGTACACAGTTTGTGAGATACCACAAAGATCAGTGCCTTCAGGATATTGTTTCGAATAGAGGGTGAGTATGTGTATGTTAAAATGTTATATTTGGTTAAAAAAAATAAAAAATAATTTTAAACGAAATAGTGCCACAGACATATTTTGTGTATCTGGAACAACATTGCTGCCCCGAAAATGTA
LG8	ref-46429_30	99.203			AGCCCGAACTTGATCACTGAAACCTAATTTACCTACGGGTATAAAAATAAGGAACCTGAACCTGAAATATTACTGCCATGTAGAACAGCACTCTTACTGTAGTACAATTT TAGCAGCATTTGTATGGGTTTGATCATACTGCTCTCTTTCAAATTTCTGACAAGTTTCTCCGAGCAGCAGCAGCTGCATCGATCAGGC[C/T]ACCATCTCAGCATGAAAGCAA AAGTAAATCTGCTCAGGTACCGCTCGGGTTGCAATCTTCATTTCCAGACATAAGTGCGGGAAATGTAAGTGTCTGAGGTGAAGTGTGTAATGTGTAGGAGAAGAGTAAC AGAATTTTGCAGCTTTTCCACATTGGTTGTCCCTCCAG
LG9	ref-15578_28	0			CTGTCCAGTTTCGACCACCATGCCAGC[A/G]GTGA

[illegible]

					CACACAGCCTGTGCCGTAGCTACAGCATATACTCGACG
LG9	ref-67046	35.472			GTGAGTTCTTCGAAATAGATGCTTGCAGACA
LG9	ref-44097	35.69			ATATCCTTCTTGTGGTTTGTACCCACAACTAGGAAAGACCTTCAGTCACTTCTAACTTTCTCTGAGTGATCATTTTACATGAAAATATATTTTCGCGATGCAAAAATGTGG TGGCGATACTTTTACGATATGACAGCAGTCTAATCCTATTGGTTGAGCTGCCGACGTGACCTACTCCGCACCAGCATCGCGTGTTGCAGAAATCTCTTGAACCTGAACATTCA CGAGTTCACACTTTACAAATAATCAGATAGTAAATAGTAAGCGTAATAGTATGCGTATTGGCGTGCTGCCGAGGAGAGGGCTCCGAGCTCGGTATTGGCCCAAGCCCA GAGTACTCCCCCGTAATCTGGTTAGGAAAAGTAA
LG9	ref-25213	36.658			AACCCTGGTGCGATTGCTCTGCGGACCGAGA
LG9	ref-5100	37.182			CGGATGTGAGCGAGAAATCTGCGGGAATGA
LG9	ref-73168	37.787			CACATACACCCGAAGCACGTGCCCTTTTCAC
LG9	ref-8653_28	38.042			GTGACACATACCTGCACATAATCATGGCGCAGATCCTTGACTCTGACACTGTTCTCTCAAATAGCACCTGTACACCTGCTTCATTCTGAAGTTATGTTTCTGTAGGATGC GACTGTGTAGAAAATGCGGACCCTGTTGATATTGTTGAATACATTTCTATTGCAATTATGCTTTGTTGCAACGAAGTCGGATTG[A/C]ATTATTTTCTCGCACCATTTAAATG ATGGAAAGCTCTTGTTGTTGAGTAAAGAGCTGTTCCCTTCCACCTTGAGGTCGTCCAACCATTCTGTAGAAAATGCCACCACAAGATGTCAATTGGTTAGGTTTTTTTTCACA TACTGTACTTTCAAACCTGTACACAGTACTGTAACAT
LG9	ref-32983	38.172			AACTATGTCCCGACTGTCTTGCCCTGCACTCG
LG9	ref-9806	38.301			ACTTTACTGCCGATGGTTTTGCAGTCCGTTT
LG9	ref-30890	38.372	Chr7	51281163	GAGTTACACTTTCATAAACTTTTTATTCTCTCTGATTATATAATGGTAAATATTACAATATCATAGCACACAATAAGTGATCATCAATAATGACAAGCCTAATACTTACA ATAAAAAATAATAAGGTCATATAGATCATACAGTGATAATCCACATACAAGAAGTGGAATTATCCTTCACCTGAAATGTTTGCTTTTCATCTGAAATGCGAAGCAAATGCT GGATCACAATAATTAGGAATCACAGTTTCCACAAATCCCTTCACTTGATGTTGGATGTTCTCTTTTATTCTGGATGGCAAGGGCAGTGACTGTAACATTGAGCGTATTTTGCT GTATTAACACGTATTTATACTGATTTCATCAGTTTCTGAAAATTCTTCAAAAAAAAAAAAAACACAAAGAATGGCCTTCTCAGCTGCCATAGTTGC
LG9	ref-8273	38.548			ACCTGGAGATCGATGGGACTGCTCTTCAGGA
LG9	ref-66773	38.625			TGTACTCATACTAGGCGCTCTGAACCGTGTCGAGGGCGTTTGACCCCCAAAGCCCGGTTTCGTTTGACAAGTGTGATCGCTCTGTTCCGTGCCCGGGCGCGGCTCATTTAGC CGTCCCTGGCCCACTTGGAAGAGGTGAGCCAAAGCACGGTTCGGTTGGGCTCGAGCGCGGTTTCGTATGCAGTGTGAGCGCTAACTGTGCCAGAGCACGGAACAGCTACTA CTTTTATGTGCGCTACTGACAGCAAACATCTTTATTCTACTTTGATAGTACACTTTTCAATTATGTACTTTACTTGAGTGTATTGGGTTTATAACGGGTCTGTTCTCACC TTATTGATGAACAGGAATTGTTGTTTGCAAGTA
LG9	ref-72355	38.745			CCTCTGCCGCCGACTGGGGTGCCACATACAA
LG9	ref-35965	39.483			AGTCTGCACACGATGTACCTGCAGCACGCAA
LG9	ref-51596	40.215			TTCTTGCGCGCATCCCAGTGCTCTCAGACA
LG9	ref-309_28	40.335			CTTGGATTAATAATGCTCCATTCATATGGATTCAATTTATTTCGGGTGAACTGACAGAAATCTCTTAATTGTGTTCTGAAGATGAATGAAAGGATATCTTTAATTGTGTTCTGA AGATGAATGAAAGTTTAAATGATGACAGGATTACTTTGTTGGGTGAACCGCCCTTTAAGCGTGTGGCAGCAGGTCGTGACC[A/G]CTGACCTCGAGCAGCGTAGGCCG CAGACAGATCCTCCTCTCTCGTCCACGCGTCTCCTCTCCAGTGTGTTTCGGTCTGGAGATCTTCTGCCCTGAAACACGTCAGCTTGAGTTAGTCGTGTTGCTCAGGTGATG ATGTTATATTCCAGATAAAGTGGCAGAAGGCTGTGGAC
LG9	ref-28166	41.027			TTTTTTTCCCCGACATCACTGCTAATGATGC
LG9	ref-48240	42.04			TAAGGTGAGACGACCCTGATGCAGGTAGAGT
LG9	ref-48930_2	42.113			AACTTAACATTCTGCCAAGATAACCAGCTTATTTTAAGGAGATTTTATGCCTGCTACGTGTCAAAATAATTTGGTCTTTGGATGCTGATGCGCTGGGTTGATGAATTCCTC ACTGAAATGGCAGCATGGAGCACAAAGGAACAGAAAGAGAGTGCAATCCCGAATTCAAC[C/T]GTTTAGCAGCATGCATTTTCGTTGAACGGTCAAGGGAAACACATCTGA TGCATAACATTAAGCATGATTTTGCATCACATAACCAGCTCCATTTGACTTTTCTGACATAGCTACTAAGCTGGATCGGTAGCTCAGCTGGTATAGAACTATAGCCTACTTG TGATGCTGAGGGCTCGGGTACCGGACGTTTAAATTCAGA
LG9	ref-22641	43.342			TTGTGCTGTGCGATAAAACTGCACATTTTAG
LG9	ref-55754	43.531			ATACTGTTCTCGAACCTTTTGACACCTTAGA

LG9	ref-21322	44.236	CAAGGCCTGAAATAAAAAATTCCTTCTCTCTCCAATACTCCTAGATCTTTCAAAAGGGGTCTAGCACAACTGAATATCCATGCTGTTTTACATCTTCCGCTTTGCACAGAAC TGCCAAATAAATGGACGTCAACTCGGAACGGAGTAGTGATGGTAGATTTCTAGCACCAATATACTGCAGTGATTTTATGTTTTTCCAGGACGTTCCGAGTGGATTGCA AATCTCAAATTCATCAATGTAAAAAATCAGGGAAATTTAACTTCTCCTTCAGATAGAAAAGGGTTTTGCTGAAAATATAGCCCATCCTGAAAAGATCTGCCGCT GACACAGTAAATAGAGCACCATAATGATAAAAAAATAGCAAAACCGTCGTCTCAGCCAGTATAGCGGTACAGTTCTTCTACGAAGAGGAGCTGGTG		
LG9	ref-32336	44.468	TTGGAATTTGGAATGCGCGTCTGAAAAGTGTCCCCTCTGTTGTGTTGTTTCGTAAGAGACAGTTCTATATAAACGCAGCGTTTTACTTGGCGATGTTTTAAAAAATATTTT ATTTTTGGTATTTATATGCTCTGGTGGTGGTTGGTTACCGGGGATAAAAAATAATCAGCAGAGGCAGGGATACATAGACCAGAAGGGGGGAAATCCCGAGAACACTGC GAAACACAAGATCCAGGGGGACCTAGATCCAACCTCTCCACTTTACATATCCCTAAACCTACCGTCTCCGCCCCCTGGATCACGAGTGTCTGCAGTGAGGGGCTACTG GAAATCCCCACCATCCTCCCTACAAATCCCCACCATCCTCCCTACAAATCGTACCCTGTATATATACATACATACATATATGTCTCTGTGTCTCT		
LG9	ref-28493	45.136	AAAACAGACACGAGGTCAGTGCTCAGACCAT		
LG9	ref-67896	45.822	ACAAACTTGACGATGCTAATGCACCTTTTAT		
LG9	ref-44501	46.249	TATAAACATTTTAAATGTATATACAGGGTTCATACACATACTGTAAAATGAAATTCAGGACTTTCGAGGACTTTTCAAGCACTACTTATTTTTGTTCAGGACTACAA TCAGAGATCTCACTTATCAAAACAGTATCTTTATTATCTTTCAAATTCAAAAGAAGGTAATAGATAAATAAAAAATATACTAATAAAACAAAATGGTACAAATAAAGTGCA AGGGAACATTAATAAACCTAGATCTTTCAGTGCATAGAAGAGCAAATAGGAAGAGGGCATAAACTTCTTACAGATTCTTATTAAGATGTAATAACAGAAGAAAAA GGTTTATAATGGCTATTACTGTTCAATAAATAATCTGTTATATTATAATGTTGGTGTACTTGGTATTGAGAAACGGTCTGTATGTTAATGATGGGGGT		
LG9	ref-49384_7	46.444	TGACTTTAATGAGATTGCCCTCAAGGACATTTTAGAGGGGTCTCAATGAACCTATCTGTTTCATGGATGCCAGGGGAAAGATCCATTTTTCCTTGGCCCAATACATCGACCA TGCCCTTCTGCTTAGTGGTTCCCATTTACTGTTGGATTGCGAACAAGGAGCCCCGTAATCCACAGTACCCTCCACACCAGAGTGTTCACG[A/G]CCCGACTGTCATGC CAGGATTTATTCACACCATGGCCGCCACACCTGAGCCTGTTACGTCATGCCTGCCAAGCCTGAGTTTCTTCACATCATGCTTGCCAAGCCAGAGACTATTCACACCATGGC CGCCACACCTGAGCCTGTTACGTCATGCCTGCCAACCAGAGACTGTTTATGTCATGCCTGTCAAGCCTGATTCTCTTCATGTCAGGCGTGCCAATC		
LG9	ref-13121	46.896	TGTTTGTAGTCGAGTACATTGCCTGTTGGAA		
LG9	ref-49097	47.166	GGGTCGTCTTCGATTCTAGTGACAATATGA		
LG9	ref-71571_29	48.277	GCCGTGGGAACGAAGCGAGTGCTAATAA[A/G]CAT		
LG9	ref-51830	48.284	AAGTCCGAAACGATAAAGATGCATTCAATCA		
LG9	ref-71679_16	50.196	AGTAAATGAGCATGAGGAAAGACTAGATCCTCAATAAGAGAGAGAGGGGGAGGAAAGCATGACAGAAAGGTGTTTCTGTGTCTGTTAAGGGTCAGTTCTTGGGAGGAAT CTCTAGTTTTGACACTGTTGACCTCTGTGTTTGGCGTGGGCAGTCACAGACTAACTGATGATGTCAGAATGTCATGTTCTGTTGTAGAACGGCTCTATTGCGAAC[A/G]CGC TGCATGCCTGGTTGCGTGTGATTAGGAGAAATGCAAAACAAACCACTGGAGGCTGGAGGTGCTTTTTCAACCTGCGTGAAACATCCCTTCCCCAACACACACATACC TGAAATATATATGTATATACATTGCTCTTTCTAGTGAGCAGTCTACACAACACAAGCAGCTGCTTTCTAAGACAGAGTTTGATGGTAGCGTTTTTGCTAA		
LG9	ref-47815_32	51.834	Chr15	35733638	ACCCGTGAGCTTCATTAGGAGTGAGTTATGAACGCGAGCTGTTTCAGCAGGTGTGTCTGACAGAACCCAGTCTCGTGGCACCAGGAGTCCGACGGGACGTAATAGAGTC ATAATGTGACGGCTCAGAACGAAACAGACTGGTTTCATTTCAAGATTGATTAGTGACGAAAAAGTCATGCAATGGAATCGGTATGAACGTT[C/T]CATGGTATGATTTTGA ACTCTTAATTTGAGGATAATTATTAGAGACGGCTGCAAAAAATAATGCTAAAAATAAGTTTTATTGGAATACGGTAATAGAGCCACACGGATGCAGTTTGGTAACATTG CTAGAAGTGTTCAACAATTACAGCTTGCTAGATTGATCTG
LG9	ref-2736_14	51.836	ACACACTAAGTAAAGTTAAAAAAGTGACAACATAAACACCCTTTAACAAGATATTAATTTCTCTCTCCCTGTCACCATCCTGTCACTTCTGTACTGTGCTATGTAATAA AACAGGACAAAAGAAAAAATATTTAAAAAGATACTTACAGTAAGCATGCATTTGTAAAACGAGCAAAACACATTGGGAGGGGAAGACAACGAATCTTCACGA[C/T]GCGCT TGCCATTTCTTAAGAGTACAAGTAAAAGAATAACACTGAAGAGAAAAGGAAGACACAGGACATTTGATAGAAAATAGTAAAGCAGTTTAAATTACTTGTATATCTGAAACC TGTGTGTTCTCAGAATGTTTTTTTTTTTTTGCACAATTATAATAATGTGGTGTAAAAATCAACTCCAAATAAAAGACATTAATCTCTCAAAAGATCTCA		
LG9	ref-23859	52.403	AGCATCATTAATAATGACATTGATTTTTTAATTGTTTTCAGTTCTGATTATATGTATTTTTTCTTGACTGCAAGGCTTGGATTGTCAGCAGTACAAGTAAAGCAGTACTTTC AAATGAAATATCAAGCAGGTGATTACAGCAATCTCTATTGCAACCTTACCAATGACAAAGAAACGGTTAGAAGATGTACAATGATGTGGCAGATTTACGATGAAAATGCA AAGACCCATGTACGTATCACACAAATCCAAAATATCACAAAGAGTCAACATTAATCCCAAGGCATTTCACTTCCATGACAATAAAAGACCTGATGGTTACAGACAC AGAAACGATATTGTGTTACAGCAGTATGTTTTGTTAATGAGAAGATACAATTCATCATCGATAATGGGACAGTTCTAAAAGTTACAGGTATGTTTGAAA		
LG9	ref-45697	52.674	GTATGTCAGGCCAAGGCCTCTTAATGCATGAGGGTAGTTCTGAGCCGGGGTTGAGCTGCGCTTGTTGACTAACCATGATCAAAAGGCCCTCGGCCAGACGATGACCTTGCG GAGGTGCGAGAGGTGCTCAAGCTAAAAACGCTTCTCGATGCTCCCATCTACAAGATGGCCTTTTTGCAACGCTGTGCGGGACTGAGCCAGCAGTTCTC		

LG9	ref-30930	53.118	CTCAGTACCACGAGGCTGTTGCCCGAACTTT
LG9	ref-32591	53.372	CCGCTCTCCCCGAATTCCTGCACCTGGTCT
LG9	ref-65043	53.415	CCACCGCTGACGAGGCTTATGCTTCCGATGC
LG9	ref-9238	53.712	CTTCAGTCAAACTGCCAGTTCAATCTCCATACATGACCAATTCTACCGGTTTTGTCAAGGGACATCCACAGTTAACGACTGTGCTCTCCAGTTCCACACTTTGGCTCACATACGAAGAATAAAATCCACAATAGTTTGTGCATAGACTGTGGTGCAGAGGGACAACCTTCTTCTGCCTGTCCAGTCAGACCACCATGCCAGCGGTTAGTACAATCCATATGCTTCCTTCCGTTTCCTCTCTTGATGTATGATGTCGTAGTAAATTCTTTTCAGACGAATACAATCGGAGATATATTAATAATCACCTTACGCTCCAAAGCTTTATAATGGCAGTGCACGGAAACCACCTGTTTGAAGCTCAAAAAAAAAAAAAATGCATCCATCCATCATAAACGCATGCCACACGGCTCTGTGGGGTTAATAAAGACCT
LG9	ref-41562	53.728	TTTTTGCTGCTAGAGGTCACTTATTCAAAACAAAAGCATAGTTTGATGACGCTGTGAGTGTGGAATCATGGAAGTTGTTGTCTTTATCCCCACAGCCGAAGCAATCCGATTAGAAATCATGTTTCATGAGCTAATGTATTAAAGATTTATTACATCACTGTATGAAGCAGGGTGGAGCTGAAAGCAGTAGAAGCAAAGCCGCGAACCTGACAATGTCACTGCAAGTTACTTAAACAGCTTAAACGTGTTTTTTAGTCCAGGACTAACTTAAGCCTTATCTGTAAAACCGGGGGATACCCAGGGGATGTTTGTATACCCCTACTGAAGTCACATGGAACCATTAAACATCTGAATCTGAAGACTGATTGTTTCAGAAGACACAATGGTAATTCATGTACCAGCAGAAGGTGACATGTTTCATGAAGACAA
LG9	ref-3012_28	54.154	GCTGTATGAACGAAGTAGATGCTGACA[C/G]ATTT
LG9	ref-31484	55.442	GGCAAAAGATAACAGCGGCAGTAAATGAAGCTGAGGGTGGACTAGGAAATCGGACAGTCGATGAAGTAAAAAAAAGAAATGGAAAGACCTTCTTCAGGCAGCCAGGAGAGACTCTAGCCTGCTCAAAAATCCCCCTCTAAAAATCTCACCTACAGTAGGGCTACTATTATGATGTGTTTGGAGAGGACTCGCCAGCTTTTACCGACCTAAAAGGCTGTGACAGTGCCAGTTACGTCTAACGGAAGAAAAGCAAGCTGAAGCTGAAGAGGACTCAAGTTTTTCTTCCATAACAAATGTTTCATCAGGCACCAGTTATGAAGGTATTTACTAATACATAGGCTAGTTTTAGGCCTGTTTACACTATGGATT
LG9	ref-11874	56.499	GCTTTATATTCAATCCCTGAAAATGGGCTTTATTTAGAATTTTTCACCATTGTTACAATAATGATAATGTCCAAAAGACATGATATGTCTTGATATAACCCATTGCGTTTCTACTAGTAGAATGAAGATATAATATAGCCGTATTATCAGTAGTGATTTCGCTCTTGATTTTAAATTTGACAAGCCCCCTTTCTCTATGGTACATGCCCTCGAAACTGATGCAAAACTTATGCATTTTTTTCAGTCAAAAGCTCTAGAAGAGCGCTCTCTAGTGTGTAGGAATCTTAACAATCCGTGTGGACCACACAAACAAGTGGAGTGATAGCATGGTGTGTCCAAATTCGTGTACTTAAGGACTATTCTATGTCATTTTATAGCATAAATAGTGTGAAGAGCATTACACTAAAAATTCCAACAAGAAAAGGTCACT
LG9	ref-30012_1	56.724	ACCCTTACAGACAAATCTTCCTGGACTAACTCTGTCAGAGCTCCATCCAGGGATAACAAATGCTTACTTCCTAATTCTGCCAGCTTTTTCAACCAGACAGCAAGTATGTAAGAATAGGGGAAATAAGTATGCACAAAATAAAATTTCTGTGCATGACAACTCTCAAAGTGTTGGCATGGTAATGGATATGACATTGTTGA[C/T]AGGTCTTGGCGAAAGAGCTGCTGTACAATATATGCTGTACAATATAGCATCTGCTATTACCCATAGCAGATCTGTACATTTATACAGGTGGAGCTGGGGAAGGTGGAGGTTTCTGAAAGCACGCTTCAATGCTGACCAAGTATTTGAAGGTTGAACAGCGAGTTCATTGGCTACTGATACAGCAGGAACCAATCAGCTGTGCCCTATAGAGAATGATGTGATTGCAAGC
LG9	ref-27921	57.82	TGAACTTAAACGAGCAGCCTGCAACTACAGT
LG9	ref-9287_19	58.22	GAATGCCGCTAAAGGTACAATGATGGCCTTTGAATACATTGCAGAAATGCCTAATTGTTGTACATCAGTGATATCCAGCTGATATTCCTGTAGCTCAAAGTGTAGAGCATGATGCTAGCAACGCCAAGGTCATGGGTTTGATTCCCAGGGAATGCATGAGCTGATAAAATGTATATCTTGACGCAAG[A/G]CGTGATGCCAGTGAATGTAAAAACGGGAAATGAGATGCATGGCTAAATATCCAATGTCATCTGATATAATAAATAACAACCTGCAACATTGGATGATAGCCCTCATAGTATTGATATTGTGCATCTCTCTCATTGAAATTTTCCTTTAATCATCAAAGGTCTTGTCTTTTTCTTAGGTAC
LG9	ref-27393	58.814	CAGGACAAACCGATGGAGATGCTCCCGGAGC
LG9	ref-58988	59.017	CTAGCCTCTCCGAAAATATTGCACCTTAAAC
LG9	ref-52047_27	59.112	GTTTCAGACCAGCTGATGGAAGTACGATTATCTTTTCAGGTAGGATAGATTGGGGCTCCTCAGTGTTCTCTTCAGGATTATAGAGACGAGATAAGGCGTCCGCCTTAACATATTGGGGCCTGGACGATAGGAGATGAAGATTGGAGTGAAGTTAAAGTGGTGAAGAATAGCGCCCAGCACGCTTGTGAGGA[C/T]TCAATCTCTGGCATCTCTGAGATGCTCCAGGTTTTTATGGTCAGTAAGAACCAAGAAGGGATGCTGTGCACCTCCAACCAATGCCTCCACTCTTCCAGGGCCAACCTTGATGGCTAGAAGTTCCTGTTTCCGATGTCGTAGTTTCTCTCCGCCGAGTTGAGTTTGTGTGAGA
LG9	ref-36604_26	60.217	CGATTCTAGGGTTTGCCAATTTCTACCACAAGTTAATTTCCAATTTTCAGCAAGATTACCGCTCCACTCCCTTCTTACCTCCCTTCTTCATACCTGCCCAAGTCTCTGTCTCTGAATCCTTCTGCCACGGAGGCCCTTCAAACCTTCTGAAGGATGTATTCTGTCACGTTTCGCACTCTTGCTTATCCCAGTCTCTGAATACCATTTCATCATCGAAGTTGATGCCTCC[C/T]CCAGCGGTGTGGGAGTGGTGTACTATCACAGCGGCAGGGAGATCCATCCAAACCTGTGCCTTCTCCAAGAACTGTCCCCGGCAGAGCAGAATTAAGACATCGGTGACTGCTGGCGATCAAATTAGCACTGCAGGAGTTGAGACATTGGCTGGAGGGAGCAAAACATTTGTTCAAGTTAATCACTGACCATCGTAATCTGGAGTA
LG9	ref-56724	60.812	CGATTGATTTCGATTACATGCTTGCGATTT

LG9	ref-52900_6	70.91			TGGCC[A/G]CCCACGACCCTGTTGCCGGTTCACAG
LG9	ref-52900_31	71.035			TGGCCACCCACGACCCTGTTGCCGGTTCAC[A/T]G
LG9	ref-7211_26	71.166	Chr15	23009908	CCCGGCATCCAACCTCCATCATCAGTAATATCTGCGGTGAGAAAGAGGTGAGTGCTGGCATTGGCTTTCTTTTGTATCAGTGCAACATACCAAAGCCCAGATCATATTACC AAGTAATCATTATCATATTACTGTAATGACCGGAGTGTTTCAGCGACATGCTCTAAAAATGATCCCTAACCACAGCTGATGAACACAACGACCAAAACAACGAGTGTTATGC TGTA[A/G]CTACAATGTGCAGCTCTAATTAATAAATACATAAAATGATTATTGACACATCATGCTCAGCAATCCCACTGTTCTGAAGTCAAACCTTTCTAGAACGATTTGTTCT GCCGTCAGCAAAACATGAAGAGGATGTGAACAGACTAAGTAAATTACTAAAGGGAAGAATTAATAACGTGGATTAACGGACAATTTATATTGATTAATTG
LG9	ref-38894_23	72.482			CTCCACAGGTAGAGCTCTTGTAAATGCATCTTACAAACGTTTGACACTTTGGATTTCAGTGTTTACAAACTCTGTGATCATGAGGGACCTTAAACACAAGTTCTCTGGAGAGCT GTTACACATGTGTGCCAAGCCTTTCCCTCAGAGAACACCTGTAAATTGAACAAAACCATGAGTCAGTTTATCAGATATCTGCAGACAAGTCTGAACCGAATCCTGTGC[A /G]TTTCTGTGACCATAAACCTTGAAGGGCGAAAATAATTTTCGGAATGAGAGAGATTAATGCCTCTGCATTTCAGTACACAATGAAGTTACTGTGTGAACAGTATTATTGT CTCGCTGTAGCTTAGTCCCAGAAGTTATTTCTGAAAGTTGTGTCTGAACCAAGTTTATAGTCACAAAGTTTAAATTACCAGAGAAGAGGTAAGTACAGTA
LG9	ref-15272	72.675			ACTGTGCGTGCGATCTGACTGCAGGTAATTA
LG9	ref-33761	72.94			TACCCTGTAAACCTGCGTTGACAAAGAGGTAGTTAAAGCTAACACATACCCTATAACTTAGGCAAAAGTGCAACTGTATGGGAGGGCATAACTTACTTATGATGAAGGA ACCACAACAGAGTACAAAAACTTTCATGTTGCTCCATAAAGCGGTCTGCAATTAGTTTGTCCATGCACAGCACAGGAGTCAAGTTCGACTGCAGATGCTCCACGAAGGTAG TGTGCAAATGAAGGAATTAGTCTGTCCGAGCACAAATGAAACGTTCAATTGGAATGCTCTTTGAAGGCTGTTTGTAAATGAGAACTGATCAAGTGCTTACACATATTCAC ATATTCATATTCATGTATAGATTATTAACACACATT
LG9	ref-52021	73.252	Chr15	29218781	GAAGAACCTATTTAGCTCCTAATGCTTCTTGTTTGGTTATTATGTTATAAACAGAGAAAACTTTTTAGTCTGTGAGTCTGTAAGTCTCAATATTTAAGATATTTAAAGA TTGCCATATACTCTAGTGTACAATATCCTCAGCTTATTGTATTTTCTGTGCCATCAGCACTCACTGCTTTTGTAACTTGCTCCAGTTGTAGCTGTGCATAGTGTGCCGTG TCAGAAACTATGGATGTCCGTTGAACCTTGCTCTGCAGGAGAGTCAAGGCGTTGGAGGAGAAGTCACGCAGGACATGGAGTGTTCACGCTGCATTTGTAAAGGTGTACGT GAAAACTGCTGTTGGGTGTGGACCAATCTCTGCACCGACTCCGCAAGCGACTCCAGCGAGCGAGACAGCGACCTTATCAGCAGTGTGGTAGCCT
LG9	ref-46047	73.612			GAGATGGATAGAGTGAAAAAAGGGGGAGAGAGTGGGGGTGTAATGCACCATATTCTTTAATAGGGCACCCTGGCGCTGCTTTATATCAGATCAGACACGACAAAAGGA ATGTATATATATATACCACTACACTACTGTTTGTGTGAAGATATAGTAGGGCTGCACAATATATCGTTTAGCATTGATATCGCGATGTGCACATCATTTATTTCAAACAATT TATAGATAAAAAAAAAAATACGCTTCCTTCTGTAGACCACTGGTGTGCGATTTTTTTTGCAGTGTTATTTCCGAATAATAGCTTTACGCACTATTTGAGCTTGTATTTGTGA TATTTGTTTGTGTTTAGTTTGCATGTTCTCTCCTC
LG9	ref-54707	74.027	Chr15	15987440	ACTTGCCAAATTTGGGCTTGCTCCTTGAAAGGCTCCAAACTCGTCTGTCTATTTCGCCCTGGTTGCCCTCTGCTTCTGTGATTCCAGGAGGGGAGTCGGATTTCTCAGAAAT CATGCTGGCAAAAGTCGCCAAAGTCATCATCGTTGCCCTGGCTGGTCTGTTCAATGGAGCCAAAATCAGCAAAAGGCTTCGAACCGGTTTTCAACAGTGGAGCCACCATCTTC GATTGGGAAGGTGGTCACCTTAGCAACTGTGGTGTGGGTGATGTTCTCAGAGCTCCCGAAAGATGTCTCTTTCCTATGGACAACAGCTGAAGATGGCAGTCCACCTTGAGA CTCTCCCTGGAGCTTCTTACCTTGACCAGATGGGA
LG9	ref-34444_30	74.347	Chr15	25598827	AGCAGGATGAGCTCCCTGCTGATGCAGCACTGAACCAGGCTGTTTCCAGCATCACCACTGACCACATCCCCACCATCTTCTGTCTCACCTGCCAAATCGCTGCCAAGA CTTTGCCTGCAACCTCTACGGTCATAACACAAGAAGAAACGGCTCAGGCTGTGAGTGCTTGCAGGGGGTGGAGGGCGTTGGATCATTTGGAACACCTACGAGGAGCGTG CAAAATAA[C/T]GGACAGGCTGCACTGGCAGTCCCGCAGGTCAGGAAACCGGTTTCATTTCAGTTGTTGCAAGCCAACCCACCTTTGGGCCTTCAGGCGGCTATTTGTCTG TGACCGATCCGGCCTCTGCAGAGCAGCGGTCAAATGTCATGCTGCTTTCAGTAATGTGCCTCAAGGGACTCTGTCTTCAATGCAGCATGTGGTAGCGACGC
LG9	ref-5203	74.859			TTAGTTTACGCGATCTCAGTGCTGGTGGGCT
LG9	ref-900	75.673			TTCGAGCACAAAGCAGTACATTGGGTGATTTTGCCTACGTATTAACAGCAGTTGAAGTCAAGCAAACTGGGAATTAACACATGGGAAAACAAAAGATTCTGAGATTGAC GACACGCTGCACTATTCTCATGCATCTAAATCAAGACTTATTACTGCATATTTTTAGACAACAAGTTCTGCAGTTTTGTTGAAAAATAAACCAAAATAATTTATGGTTTTAA AAAAATTTACTAAAAATTATTTTGCCTTTTCTTTTTGACTTATCGGCCAGTGAATTAGTGTATTTTTAATATATTATAATAATTTTTAAATCTTCTAAGCCACTGAAC AGGGAATTTATACAGTAATTCTGGGTTCCTAATT
LG9	ref-62198	76.668			GGTGTATTGGCGAACAATATGCAGGCCTTGT
LG9	ref-12190	77.051			CGACACCTAATCCCAACTGATTCACGCAATAAATCAATCTCATCAAGCCTGATTTGTTTTGATTGATTTCATGCTCTGTGGATGTTTAAACCAGCTTTATTTTTGACAGAGT GATTTATTTGATGACGCAATTAATACACAAGATCAGCCATAAAATGCTGATATGTTTCATTTGGTTTGGGTTGTAGTTATCGGTGGGGCCAAGGAAATAGACTGGTTTGCTCC AACTGGGGAGAAAAATCGAGCCCGGCAAAACAAGACGTCAGCGTGATTCGCAACGACGAGACGCTTCCACTCTCACCATCTACAATGCAAAAGGTCGACAATGCCGGGACGT ATAAATGTGTGGCCAGCAATGGTGATCAGGACGCTGAAGCTACAGTCAATCTAAAGATATACCGTAAGATACTTGTTTATGATTTCATCTGTGCTGA

LG9	ref-43980	77.962			GAATTAAACTCGAGGCTTGTGCGTGAACAGT
LG9	ref-60387	78.766			GCATCTATATCCACACAATTTTCATTGCACTCACATTGCTTGCTGAGTTCAATTTGATGTTCCCTATCATCAGACAGAGTCAACATTTCATTTGTTTCATCTTTTCCATTGCT GTTCTCAACCAGTCTATGGTTTCTGGAGCTGGAGTTACTTGCTGTACATTAGCAGGTTCAACCTCATTCTCAACTACACTATCAGCCTCAATAGTCAATGGACATGCCTGC TTTATATGTCCATATCTACCAACAATTGAAACATGTAATTGAGTCAGTGCTAATAAATATTGTGTAATCCTTGCCCTGTAAAGTCATCTTCGCAGAAACATTTAAGGATTGAC AATCTGCATTCAACACCATGTGTGTTTGGCGCCTGAATGACATTACATGTTTCAAATCAGGGTTTTTAGGCCAAGAGGAATCATTTTTATCG
LG9	ref-63114	79.417			AAGTCCCACTCGAAGGGGGTGCAAGTAGAAC
LG9	ref-3514	79.769			GGATCTGGGACGACAAAGTTGCTATCTGGGT
LG9	ref-11012_7	80.06			GTCAAC[A/G]TGCCGACAGAGATGCATGGGAAACA
LG9	ref-11012_8	80.705			GTCAACG[C/T]GCCGACAGAGATGCATGGGAAACA
LG9	ref-71816	81.254	Chr15	8648702	CTTGTGCGTTATTTCATGTTTCAGTTGAGCTCTTAAGTTCGTTGATCATTGTTTTTCATGCGAGTAAAAGCCTAAATTCATCTGTTTACCATAAAAAACGATCGTGTCTCTTCAG AAAAATTTGGACTAAACCCTCAATTCATATGGATTAGTTTTACGATCTCTTTATGATCTTTTTGAAGCAAAGTGGTCGTTGCAAAAGACAGTCAATGAAGGAACAGACATCT CTCAGATTTTCATCAAAAAGATCTTCATTTGTGTTCGAAGATGAACGAAAAGTCTTACAAGTTTGAACGACATGAGGGTGAGTAATTAATGACAGAATTTTCATTTTAGGG TGAACATAACCCTTTAAGAGACTTCTTTCAAAAAC
LG9	ref-60512	81.604			TGACGAATGACGAATGATTTGCACACAAATT
LG9	ref-47880_32	81.846	Chr15	14367113	AAATATTTTTATTTCAGACAGATGGGAAAAATAAAGTGGCTGGAGTAGCTTTGCAGCACAACAAAAGTAGGAACAAAAGAGGACAAAACAGGGAGTCGACTGCTGCACT GGGCACTTCCAGTTAGCTTTGTTGGTTATAATGAACGATCTAGTTCTGTCTAGAGTTGTTGTTTGGAACTTTAAGTGGTCTCCCGCCCCTGGTCCCTGGCGATAATGGTGC CTGGTTTAA[C/G]ATTAAGAGGGCGGAGTCAATTTATCCAGGCCAGAATCACCTTTAATTTCATTGGAATGCTTGGAAACAGGGCCAGATTGAACAGCGGCTCCAGCACCAG CACCGGGGTCAGTGGAAGGGGTATGAGAGTGGGTAAATTTGTGTTAGAATAGTGGTACTCTATGGGTTGTGGTATGAGTGTGTAATCCATGGCTGAGGCTG
LG9	ref-6135_15	82.597			TCTACAGGTGTGCTTACAAATTTGTACGCATATTTGGCACCCATAAAATCTGTTAAAGCTTCCTTTTAGGACATCCTCGCGTGTACTAATATATATATATTATATTTAAATAA AATATCCCAATTTAGATATCTAAGTAAACATATGTTTGTATTTCTATAGACAATAAAGTGTCTTATTTCTCCAGATGAATGCGGTGACACAAGTAGCGAGA[A/G]TCTTGC ATACTGTGATGCTCAAACCTCGGGATGGATCCTACACTGGAAGACCATAAATATGTGCTTTGCTGAAATTCACATCAATACAAGAAAGTGTGGTTTCAAACAGTATGTC TGTGTCTATTTCACTGCCTCCAGAAGAGCTATTGAATTTTAGATTCTTTTTTTTAATATAGAATGTTAATGACGTTCTTTAGTTGAAGCTTAATTAAT
LG9	ref-61947	82.982	Chr15	14565979	CCTCAGCTGCCCTGCATTCACTCCCATCACCATGGAGGGGAGCCCCAGGCTTATGTGAACACACTGGCCCTGTCTGCTTGTCTCAAAGCCTCGAGGCATAAAAAGCAGCC CATCTGACGCAGAATCACTGATATCAAGCAGGCGAGAGCCTCCAGCGAGGCCCAAAGAGGCACTGAGACCGGAATGCTACTTCTTGTGTTCTCTCCGACTCCACTGC ATTGCGATTACTAAATCTTGGTCTCAAACAACCTATTATCCCTAATGCGGTTTCTCCTGCCCTCTCCTTTTCACTCAGCCTGTTTGCCACCCTCGTTCTATTTTTTGCTACAG GCATGATTGTGGTCCCTGTTGGATCTGACAACAGACCCAGAGCGCAATCATACCCAGAGGTCCGTCACGTAAGAATCCTCACTGTTTCGTCATAC
LG9	ref-63665_17	83.897			ACTTGACTAGTAATTAGTCACGATGGCCGACTCGTCAATTAATGTTTCATAAAATATATTTTCATCACACAAAGATCTGCCTGTAGCTCTGCCTCAAACCTAGCTTAGTCCAG CTGATCCATCACCCAAATAAACTTGACTAGTAATTAGTCACGATGGCCGACTCGTCAATTAATGAAGTGTTTTCACACTTGAAACACTCACAAAGGTCGACCA[A/T]GGTG CTTACTGTGATTTAGCCAACCTGGGATGTGTTCTGGGTCAATATTGTTGTTGTTCTGAAGCAACATTCCCCTTAACCAATCAGATTTAGGGTTAGGCTTAAGGCGGGGCT TGGGATTTGAATGACATGCTTATCAACCTATTATTTCTTACAATTTAAGGGTTAGTTAATTAGTTGGGGTTAGGACTATGTTTGTGACATGAATGTT
LG9	ref-64789_31	84.297			ATCAGTTCCATATAATAAAGTTCTCATGCTGTTTTCTGGCAGGATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCAAAATATCTCCCATTCAGTGATACATCCAGGTCACACTCAGTC ACCAGTTAATTGTTTGGTCTAAATTTGCAACTGCCCTCATTTTGCCGAGGACAGCAATTGTGAGTAAATTTTCTGTTATCTTTGCAGGACTGGATACGAAGAGTGTGCAAA TAAC[A/G]TATCTTTAGCAACAGTGTGAAAGTGAATAGCACATAACAGGCACAATAGCGGTATAAAACATACATATCTATCGGTTCAATATGCGTCACAACATAACGCGTC ACACTAAATTGTGAAAATGCTGTTTTCAAATTTATCCACTTGGGAAAAGTGGATCGGACCGAGCAGCACAAACACACTTGTACCCAATCAGCAGTAGGG
LG9	ref-25974_31	85.625			ATTGATTTCACGAAGAAGATGCTTGTTTGC[C/T]T
LG9	ref-30941	86.949			AATAGATCAATCCAAAACATGTTTAGGAGCAAACATGTTGAAGATTAGCACTGGGCTGTGATTGATTAAATGATAAGCCATTTTCTCAGAAAAGCAGTTTATTTCAGCA TAGTGAACCTCTACTCCATTGACATCCATTCAAAGAAAAAGAAAAAGGCCCTCTGTCTCCTTCCCTGCATGCGTACCGCAGCATTAGCAGGCATTACACTTTTTTGTCTA ACCTTGAGGCTTGCCCTCAAGTGAATTTGCAACAACATCCAGCAAGCAGCTAGAAAACCTTATTAACCATCCATAATACCTATAGCAACTGCCTAGCAAGCAGCATAT CATCCAGACCAACCTAGAAATGCTTAAAAACAACA

[illegible]

LG9	ref-6977	94.324			AAAGTTTATCCGAAGCTGCTGCCTGTGATTA
LG9	ref-4144	94.473			TACCCTCAAACGAAGGCAATGCTGTCTACAT
LG9	ref-68783	94.789			TATGTGTCAGCGATCAGGTTGCAGCAACAAA
LG9	ref-14685	95.078			TTTGTGTCACCGATCCTATTGCTAGGAGCAG
LG9	ref-22145_9	95.163			ACAGACATTTAGATTTTCTAAATTCAGAGCACACTATCCATACTCACTCACCTTCTTTTCTTTCTATTGTCTCTTCTAAATGGCCTTATTCCATCACAGTGTAGCTCTGTG TCTAAAACAAAAGTTTGAAGTGCCTCTCTGCTCTCACTCAGAATACTAAACAGCAAGACAGAG[C/T]TGCAATTGTGCTCGTATTTCACGCAGTGATGGGTTGCACGGAGGTT AGTGGGCTGCCCCATCATTTCCCTCATTAACAGAGCATCTCTCTCTTGACGTAACAGCATTCGTTTACTGCGAGCTTGTCATTTGCGGAGAGCCAAACCCCAATAT AGCAGCCTGGCAAAGACTGAGTCATAACACGGTAT
LG9	ref-41249_4	95.87			ACT[A/T]TTTGCGCGATTGGATGCATGTGCGCGA
LG9	ref-43875	96.337			TACGAGATGCCGATGCCGATGCCGCTGGAGA
LG9	ref-62004_7	96.88	Chr15	42720367	TGTTCAAAATTTATAAAATCTATATAATGAGCATTGAGAGAGTACATTATGAATCCATCTTCCAAACTGTGGTTTTGTCTTATCCTGAATCACTACTATAATAAGTGTAT ATTCTGAATATTTAGTATCCCAGTACGATGTTACCACATAATGCATTTTTTTTTTATATATATTTCTGACCAATCATTGTTCTATGTGAGC[A/G]TACCGATAGGAGTGCC CACTCCATAGCCCTTCGAGTCGATGAGGCCGCCGATCTGTGTGAGGTTGCAGTTTCTCTGGCTGATGTACTCGATGCTGGTGGACTCCATCAGAAGAGCGTAGTCTGTGGTC AGCACACGCTGGATGCCCTCTCTGTTATTCTTCACCAGCGCGTGTCTTCCGGCTGCTCATGAACGCCACATCTTCTCATAGGTGGAGATCTTTG
LG9	ref-62215	97.324			TAACACTTTACGAAGCTAATGCCAGTTGTCA
LG9	ref-21382	98.555			TTTATGTTAATTAATTTACGTACAAATACCCACTGTATATAGCAGTATGTGCATCAGTGTGTATACAACAGTCATAGCGAGATTGTGTGAGCTTATTTACAGCATCAAAG GGATGTAGAAACTTCTACTATAAATGCTGCACATACTTTTCTACAGGCTCTCTGTGAGAAAGTTGGTCCTTTCCTGGTATATGTAACCTTGGACAGCGTGAAGAAATTGCTG TGCTCTATTGGTTGTTGGCAAGCCAAGAGAGCTTCAGGGGTGTTGCAGACCAGTTGACATGTCAAAAGGAACCTTCAATATATTTTTTCTGACATTTGAAGGTCCTT TGTACACTGAGAAATGAATACATTTGATGGCCAGAGAGGATGAGTTTGCAAACCTGGCAAATGGCTTTCAGGACAAAACCTGGCTTTCCTGATGT
LG10	ref-42771_28	0			CACAGATGAACGATAATGCTGCGTGTG[C/T]TTTA
LG10	ref-19419	1.418	Chr20	41592960	AAATGGAATTTTCCTTCACTAAAACTAAACCTTTCAGTGCAGTAAAAGTCGTTTAAATGGACCAAAGGTGGGGGAAAAATGAATATTGAAGACTTTGGGAAGTGGT AGATTCTCTAGGGGACATATTCTTTTATTTTGTGGGATGCTGTGGAGTGATGTCAAGATGTCAATCCCTGTACAGTGTTGAATTAATGTTGCACCTGCGAACCTTCTACT GTTGCCATGAGCAACGACATTTAGCCAATCACGAATGCAAGTGTGGAAGAAGCAAAAACATCCACGAGTGATTAATAATAATCAGGGTGAACACAAAAGGGCGAGAGCA CCTAAGAAAGATCCTTTCTTAGGTAGGTGATCTGTCTATCGTCAAAGTAATGACATCATTTTATAGTAATCATGGCATTTCAGCTCAGGTCTAATTGT
LG10	ref-45329_31	3.785	Chr20	41225212	TGATGGGATGGTGAGAGATCTAGTGGAGCTACAGTTAAGACGGAAGTGTGAAACCTAGATATAAATAAGTGACAGCCTGAGCTTTTGCACTTTACATCTAATGTTCCC TGTCAAAGAAGGCCAGCGGAGAGATGGATCGAGATCACAGACCTGAATACCTGCCTTATCGCCACTTATCACCTGCGCTTACGTTTCTGAGGTTAATGCGAGAGGCATGC TGGGGCCA[A/T]GGGCTGCCATCTGAACACTTCACAAGTTGTGAGTTTCAAAAGACAGACTTCAAAAAATTTTGCAGTGAGGTTCTGTGTTTATCCTAGTCTAAGGTAT GCACAGAATAACTTTTGAAGTTCACAGTGACTGGTCCCGACTGGAAGTAAAGTAACTCACTTCTTTTGTAAAGCCAACATGAGGCCCGGTGTTATAGGGCC
LG10	ref-71884	5.424			GAGTGAGTAACGATGCAGCTGCGGTTGAGTG
LG10	ref-60255_9	6.203	Chr16	23118408	AATGGCATTGAACAGTGTGAGAGTTTTGAAGCTTCAAAAAGTGCATCCATCCATCATAAAAGTAATCCATACGACTCCAGTGGGTTAATAAATGTCTTTGAAGTGAAGT GTGTGAGTTTTGTGAAGAAAAATATTATATCTAAAAATTTATAAACTATAACTGCATGGCAAAATATGATAGTTGCGGTTTAAACTCGATTTTGAC[C/T]GCGATCTGGAT GCAACAGTGAGTGATGCGATATTATGCTAATAAAATGATCGTGCCAGAAGAATAGCGTGAGAAGTTAATTATATCTGCTCTCTGTCATCATCTGTGAGCTTTTAGTATGT TTTGATACACAGTATAAGGCAATTTAAAGTGCCACATTATGGTATTTGAAAGATTCTAATTTGTTTGGAGGTCTCCTACAACAGGTTACATGCAAT
LG10	ref-2113_8	7.85	Chr20	39797437	TTACTGTAGATCCAACACCTCATTACTTTATTTTACTTCAGCATGTTTGGCTTCAGGTACTGTATCCCAGGAGGTATGTGTTTTGGTTGCCAGTGTGTGACGCTGTCTCTC TGCATGTGTCTGGGGGTTTTCTACCTCATGTTTGCAGTGAACATCCAAGAACAATGTGTAGC[A/G]TTGCATGTCTATCGGCTCCTATAGCAGCAGAGCGCACGATTACAG TTCATACTGTTTGGAACTAATATGACAAGTAATGCTTTTTACTTCTCAGGAGTTCATCAATATCTTATACTTCAAAAATTGGCTTTTTTGTTTAAATAATGATACATCTTATT GTAATGTTGTGAGTTCTCTGTGTGTGCTCTGAG
LG10	ref-1969_8	9.123			CGAGAACCATTAGTGAACAGCAGAAACATTTTATAGTTGACATTTTTTAATATTCCTTGTATATTATTACATTGTGTATGCCTACTTATCAGTCTTGTTACTTTATTCTAT AAAAATGAGCAGTAAAAAAGAGAATATTTAGAATACAACAACCAATCCTTTATTTGAGCAAT[A/G]ATGCATTGACATCGAACTTGCTTCAGTAAGCAAGTCATATGTAA GTTTCAGTAGCCAGATTCTGATTCAAACCAAAAATGTATGAGTTTGTGAGTCTTAATTCATTTAAAGAACCGGCTTGGTGCAGGAAACAATGCTGTGATCTGTGATATACTT

LG10	ref-1728	19.452			GCAGTTTTCTGTATTGATTGTTTTATTTTTGAGTAAAACGTGTGCCACACAAAAATACAGTGTGCCATAATAGTCTGATTTCATGAAATAATGACTCTTATGAGCAGATTCTTTTAATGAATCTCTGAAATTCACTCTTATGAGCAGATTCTTTTAATGAATCATTTAAGACAAGAGCTCAGGAGGTACCAATTTGAATCAGTATGACAAAATCCTTTGCTGATGAACATAATCAACATCTAAATATCCATCTATCGACCTATCTTTCAGTCTATGTATCGTTCTGTCTGTCTATGTGTCTTTCTGTCTGTCTACCAGTCTGTCTACCTGTGTGTCTGTCTATCTATATGTCAGTCAATCCATCCTTGTAAATATAGAGTATTACACATTAGACAGATAGGCAGATAGAGAGATAGATGTGTGTCAGAGT
LG10	ref-19645_7	19.833			TGCTGT[C/G]AAACGACGTGCTTGCAAAGTTGGTT
LG10	ref-58012_26	20.637	Chr20	45861039	ACATTACAGTAGCTGCAGAATCACACAAACACGATGCGATACATGAATGTAAAAGTCATAAAAAACAAACTCTTACCCTCTGTTCTCTCAGTTTTTCTCTCTCTGCTCTCCTCATTTCTTCCTGCGGGTCGACGCTGACCTCCATACTCTGAGGTTCTGAGTTCTTCTCCTCAGACACACCTGAGGTTTCTGAGAGGAGTCAGATCCACCGATCCTGTGCCATC[C/T]GTCTGAGAATCTGTGTCCTTCTCTGACAAATCCAGGGTTCCTGCCAGCAGAGCGTTAACTTTGCATAAAGGGAACCTCGTGCAGCGTCTCGTGGAAGTGTGACGGAAAGCCGAAGCTCTCCATGCCAGCTCTCGTTGGCCCTCCACCGGGATACATCTGAATCACTGAGCCAAAACCTGAGAAAAGGAAGCATTTAGATCATCAGCA
LG10	ref-19645_15	21.202			TGTCATGTCGAGGAAACGCTGTGTGTTCAAATGCGAAAGCTTTTGCTTTCAGAGGTTAAGATTTATTAATAAAGCTCTTACTGAGCAGTACGACCCAAAGTTTGCTGTGCA CAGCGCATTTTACTGAGGACAGCTTCATAAAACCTGGGACAGCACAAACGCAGGCGATATACAAAGACAACCTACCAGTGTCAAACGTTCTGTGTGAAACGAC[A/G]TGCTTGCAAAGTTGGTTCCGATCAATTGGCTTGATTGTCCACATTTTCAGAATCCGACTTGGGCTCGGACTGTATACAGTAAAACCTGATGACATTATTAACCTGTGTGTTAAATTTGCTTTAGAAGCCTTGGAGGGGCTTTGTGAAAAATCAGCACGTTTCAGACAGACTGGGAATAGAGGAGCTGCAATAATGTAAAGCATGTGAAAAATGTGTTTTT
LG10	ref-69647	21.866			GCCAATGCCAAGATGATCCAACAACATGTTCTGTTTATCTTCTGCATGTGTCTCGACCATAAACCGCACAGCAAGACATATTATTTGATAAATTGTATGAA
LG10	ref-51848_8	21.998			TGTCAAGTACAGTTGAGCTTCTGTTAATGTTTCGCTAATCAGTGTTTATATGTGAATAAAAGCCTAAATTCAATCTGTTTCATCATATAAAGTTATCCAGTTTCTTTAGAAAATGATGACAGAATTTTCATTTTTGGGTGAACTAACCTTTAATATGAATGTACACCAGGAACAGGT[A/G]TTGCAACGGCTTCGAATGCGGCTTGTCGAATCAGAATTTTACATCAAAAAACAACATAAAGTGAGATACAGGGGGGAAAAACATGGGACTTTCACATGTGTGAGAAAACATTTGCGCGTACAAGAGGAAACGTATGTGCGTATGAAAAACTTGC TCGTGCTCACATGGTGGTGTTCATTTTATGTAGGTCTA
LG10	ref-38253	22.748	Chr18	29939068	TTGTTAATGTTAACAACATCAGCATTGTGTGACTATGAGTATTTAGTGTGTATTAGCGTTACCTGTAGATTTCAATTTCTATACAGTCTAATATTTAATTGTCATACAATCCGCAATCAAAATTATAAGTTTAATTATCCAGCTGCTGTGTGAGAAAAGGCTATAAATAATCCGCCACCTGCAGCATCCTCGACATTATATAGCCTGGGACTCATTCTTTATGTAAACAGATGTGATGTAATGACGCAAAGATGAACGCCTGCATGCTTGAATTTCCCGCGGAAACCTACCAGTACCACACGAGGTACAAAACAATACAAGCATAATGTAGTAAATCAGGCTAAATTAAGGAGATAGTTTTGAACACTGG
LG10	ref-45001	22.873			AACGTTTCATCGATGGAAATTTTAAGTGCTTTTTCTTGCTTTTCAAGTAATTATGTTTGTAATTGGCCTCTTTAAATGATTTTCTGCCTAACAGTCATTTTGCACTCATTGGTAGATTTTCTGTGAAAATCTTTGCCTTGAGTCGTACACTTGTTGTGACAGCTCTTTTCATTACACCCGCACACCTCTCATTACAAAAAATACACTTAATCTCAGTGCCTCACACTATTGCCTGACTGACCATCATTTCTCTGAAGTCTGTGACACTCTCATCTTTCTCATCAAAGACTCTGTGCAGACCTACAAGGTCACCATTGATTCCACATCCTTCATTGGATGGGTGTTTATAATGCTTCATTGCACCCCTTGG
LG10	ref-25046	23.336			AACCTCTTTAAAAAATAATAATGTACTAAAATGTATGGAAGGGATTTTGTAAGCTTAAAGGTTAGTTACAATGGCTGCCTTGGATCAATTTAAGCTGGATTACTTAATATTATGTGTGAGCTATGTTTACATTTTTTAGAGTATTGCAGTGTTAGCTTAGCAACATGCTAATACCAGACTTGATATCAATTGTTAAATCTCCATGCTTCGAGTGAAGTGCAC TTTTGTCACTTATAAGGTTCCATTTCTGTTAGGATGCTGCTTTTGAAGGTGCTGCCTAAGTAGACAGTAGACAGCAATGTAGCTTGCTAAGTTGTGCGAACTGAGGCCAGCTTAATCATGGTCTGTTAATAGTTACATTTAATAATAATGCTTTTTCAGCATCGCAGGATCAGATCATGTAATTCTGAATCCTAGAATCCAGCA
LG10	ref-57266_18	24.148	Chr22	17083014	TGCTTTGGTTGAACGAAGATCTTCTTGGTGTAGAACGACATGAGGGTGAGTAATTAATGACAGAATTTTCATTTTTGGGTGAACTAACCCCTTAATGTTTACTATTTGCTTTTGTTTTTGCTGTTGTTTTGTGCATGACTTTTTAGTGGCTTGTGTTGTGATGTTTCAGAGCTCATCTGTTTATCTATTTTGTGTTTGTGTCACCATCGTTGCGAATGAG[G/T]TGCTGATCTTGATGTCTGTGTGTGTCGAAGTGGCACAAGTAGCTCAAAGGTTTTTTGTATGAATGTGTTTAAAGCATTTTCATAACTGATTGCTCAAACACTGCATCTTTTGCTATAGAATAACAGTGGTGGTAGCAACATAAAAATTAATAATGCATTAATTTAATACTTTTTATTTAAAAATATTGAATCAAAGCAGTGAATCATGCTTTA
LG10	ref-63259	25.103			AGCTTAAGGACGACACAGCTGCTGGGTTTGA
LG10	ref-59946_24	25.22			CCAGAAAGCCGCATAACCTCAAACCTAGTCATGCTTCAGACACTCCAAGTCATAATAGCAACTGTTTGCCACACTGCCCTTTCAGTGTCTGTCTGTCTATTATGACTGGGTGTGCACACAGATGTAGAGCAAATGATGATTTAAATGCAAAGTGCAGCTCCTCATTTCTACTTGAGCATGCAGATGCCTCGA[C/T]ATGCATCTTACTGCTGTCCAGCTTCCCG GTTCTTCATAACTGGTGATCGTAAACTTTGTTTGCCTGGGAGCTGGAGAAACCTTAGCAATGGTTGCAATAATATACGTAATGTTTCATTCTCATTACGGTATATCAGGAAAC CATAATTCTCAGTATACAATGTAAAGGTATAGACCAC

LG10	ref-72089	28.285			TTCTGGAAACCAAAGAGTAAACCAAAGACGCACGCTTTGATGCCTATGATGGGCAAAGTCGCAACTATAACAAGAAAAAACGATATGCGTGAGGATTCTGTCTTTTGTAGGGTCTCATCTTCTGTGTTTTGGTTTGTGTACATGTCTTTGGTCCATGTTGCGTTCATATATCACACAGGCACCAAGGTCAGTTTGGAAGTGACCGAGACCCATCTTTTCAGTGGTCTCGGTCTGCTTGTGTTGGTGCACACAGGGTTCGGATGGCAGCATTACACATGTTCAAATGAACCGCACTAACAGAGCAATTGCACCAGGGTTCGTTTTAATCGAACCAAACATGAAAAGTGTGAACACACCCTTAGAGTT
LG10	ref-30721	28.643			AATGTCGTGTCGACTCGTTTGCACAGAAAGT
LG10	ref-21544_25	29.018	Chr20	9579688	GATGTGAGGGATGAGTACAGATCACCATGGATTTTAGACTCGTGTGTCAGGATCTCATGACTCTGCTCTGATTTTTAAATTCACCCTGAATGTTTTATTCTCCAGAGCCTTCTGTTTTGCAGGGAAAGAAGGAGTTTTTTTGGAAAGAAGGAGAGTTTTCTCCCTCGGTACAGGCACAGGCAGCGATATCGCC[A/G]CAGGTCAACCATTAAACGATCTGTCAAACATGTGAACTCTCAGCCTATCAGCCTGCTTATGGGGGGAAGGGAGGAGAGATATACAGAAAGAGGATGAAAGAGAAAGACAGACAGAAAGAACACCTACTCAGCATTACGGGTGCGGTGTCAAACTGACTTTATCTGCTGGCGGA
LG10	ref-36679_25	29.299			TATTGTTTCAGTCTGTTGTAAGCTGACTAAGGGCTTGTAACCTGGAATATGTTGGAGAGATCGCGGAGATTGAAGATGTAGTGGAACCTTGATGGCGGTGGGAAGGAAGGTGTGGTGATGCGATGATGGAAGTCGAGTGCCAGCTGGACCAGCTGTGAGCTGCTCTTCTGCAGAACTGCTGCAAAATCCCTCGCT[C/T]CGCAGGTGCTGGTTAAGATGCTGCAGTAGATGGTTTTTCAGTGCGTCCCTCCAGGGAAGGAGAGCGCAAAACCCGAGAAATGCCCTCTGAGATACATGTTTCAACAGTTTTACATTAAGCCTTTGCTTAAGCTTTGAGAGGTGACACTAGCTAAATGAAACATTTTCAAATACAA
LG10	ref-25626_24	29.623	Chr20	38248429	ACGTGCTTACAAGCAGAGTGATCAGCAAGAAGGGGTGAAGAACAAAGGCAGAGAAATTACTGCCAAATCCTCAATTCTTCATTTTCATGACAGCAATTCATCCCCGCTCATCTTAGTCTTTTTTGGCAGGATCTCACATTTTCTTGCAGCAGTAATTCCTTGACCTTTGTCTCTGGCAGAGCAATTCATCGT[C/T]CTTCTTCCAATATCTGAGAGAAATATCAGCGGGTTATGCAGTTGACAAAGGAGCCAGCACATAACAAGCACTGCCAAACTCCTTGACATGAACTCAGCAATAACAGAGAAAAATCGATAATGGCCCCACTGTTCTGTACTTTTTAAACGATGTGGACTGATGGGAGATGTGGGTGCT
LG10	ref-21623	29.659			ACGCAGCACAACTCTTAGTTTTTGTTCGCTTAATACGGAATAAAATTAGTGATTGTATGCAATACAGTCACAAATGCATATCACGTGTTGTTCTTCAACGCAAGTCAACATAACATGAAAAAACACATGAAATGCAATGCAGCGCAAACCGCACATAAAGTTAAATTTGTGTGTATGCATTGCAGCAGCATCATGTTTTATTCTTCAAAGCGCAATGGAATGTTAATTCTTCTGTGCACTGCAATGTAAAAGCACATAGAGAAGCATAGTTTCATGTTTTATTCTTTACTGCACAACGGATTAAGTTTGTGTATGCAATTGGAATGAGTTAGATCTTGAAATCGGTACAATGCAACAAACTCATATGTTAT
LG10	ref-48828	30.006			AGTCATGTCTCGAGACACTTGCACTCGATTC
LG10	ref-58505	30.895	Chr20	3321886	GAAATTTACAGTGATGATCACGCGATGTTCTGCTCAACTAATGATCAACGCCAATTTTATATTCAAGTGTACTGTTGTTTTCTTAAATAAACTATTATAGTGC GTTGA TAGTCACGAATAGGTCAAATGTGGGTCATTTTAGGTGCGCCATAGATCCACGAAACGCTTCAGCGCAGCGTCGACAATTTTACGTACACAACAGCTCGAGAGTCGTACTACCATGACACCTGCTGAAGCAGCGCCGAAGAAAAAACAGTTTCGGTTTGCCAGGATGGAAGAGGACATTGACCGCGACGAACAGGAAGAGGATACCCTTTTCGACAAGCGTAAAGACATTAAGGAGGGGTGAAAAGTGCTGTAAGGGGGGTAAAGGGGTACTAAACCCAGGGTCCGATCAGGTTGATGTAATTCGACCCGGACGGA
LG10	ref-55938	31.113			CCTAATTTAGCGATATGTGTGCCAGGGCTGG
LG10	ref-4719	32.235			CCCAGAGACATGTCAACTTTGGTCCACTGTTGTCTGTCTTACATGGAACAAACACCTCTTGTAATTGGACTTCTCCATTGGGGAAACTTCAGTACATAGCCTGTTATTAACATGCAACATTGTTACCGTTTGTCTTGCTCTTTTTTTTTTTTACAGAAGTAGGTCTCTTCTGTTGTGCATAATGATTGGGATAGTCCCTGCTGACATACCCACAGACTGCACATGGATCTCCATGAGCCATTTGATTTTGTGTGGGGCCGGTGAAAATTGAATCATGAATTTATTGAATCGAATCGAGTATCGAATCGAATTGAGATCTTGTGAATCGGAATTGAATCAAGACACCTGTATCGATATCCAGTCC
LG10	ref-25713_6	33.795			CAGTATTATATGGTAAGTCATAATTAAGGTTTCAGTTTTGTGAGATACTGCAAGAAAGTTTCTCATTACCAGATACTTGTGAGAAATTCATACCAATCACTTAAAGGGTTAGTTCAGCCAAAAATGAAAAATAATGTCATTTATTACTCACCTCATGTCTGCCACACCCGTAAGTACCCTCGTACAAATGAGTGAAAAACATT[A/T]ATGACGATCCGCATGCTTCCAAAACAGTGTGACCCGCCGTGGACCGAACTTGTTGGTCCAGCACATGCCACAGATGCTCAACTGGATTGAGATATGGGGAATTTGGAGGCCAGGGCGTGTACCTGGTCTGCAACCGTGTTAGGTAGGTAGCATGTATCAAATTTACATCCACATGAATGGCCACACCCAGGGTTTCCAGCTGAACACTGCCAGATCATCACA
LG10	ref-66916_6	35.741			TCCAGTAGCCTATTTAATATGATATTCTAAAATCGAATTACTGCAGTGTGCAACAAGTATCTCACAGCAGCCGCTGAGCGAATGCACAGAGTAACGTTATAACATCTTTTTCAACACAATGCATCTAAATGTATCTGTATTGTAAACATTAAGTAGTAATTTTTTTTTTTTCTCA[C/T]AAAGCACTCGCGTCGCCTCATAAAATTGAGGTTAGACCACTGGAGTCACACGAGCCGCTTTTCCACCGTCGGGCCGAAGTGTGTGTCATTGAATAACCGTTCATTAGGGCCAGCCGGTTTCATTTCCACTGTGAGGCTGATAACGGCCGCTCTTTGTAATGTAATACAAAAGCTTCAGTTGTTGCCTTGTA
LG10	ref-24702_28	38.225			CGCTTGTGGGCGATCCTAGTGCTGTGCG[C/T]TCTA

LG10	ref-49307_15	38.723			GTTTTTGTTTTATTTTATCCTTTTTGGTAGGTCTCTGTCCCTTTTGAATAAATCCCTATTTTTACCACGTAAAGAAGGTTAGTCGTTTATTTCCGATCCTCGAACACGTGAT TTGGATCGCTGGTTTGTGTTAGTTTAGATCGGTAAAGCGCCTCCGTTGACGTGTATGAGGCAGATGGCAC[C/T]GAACTCGTGGACATCACTGCATCTAATACAGTTAAATG AAGAGCATTTTGACATAGAGATGGAGGATGATGTAAAGAAAGTGAAAAAGGTAAGTTAACATTGTAATGTTACACACTTGCATGATCCGCTAAGCTGGTTAGTAGCTGAA AAGTGTTGGCCTAAACAGCTGCTTTAACGCCCTTCAG
LG10	ref-52315	43.005			CCAACGAGAAAAACAGTAAAGTCACACTTCATCAGCTCGACAGACTCCAACAGAAAGCCGCTGCACTTGTGTGTTACCTGCGCGTGCGCCGTTTCATCTTCACCGAGTTTCA CGGTCTCTCATCTGACGACAGTGTTCAGAAAAACTCCTCCAGGAAACTTTATAACAACTGATTCTGCAGCGGGATAGAGAGACAGCAAGAGCCGGAGTAGGTACGAG AGGTTCCGCCATGTTGAGCCCATTACGCGCGGATCACACGGATGAGTGATCCGGAGCTGTGCAGCCGGCGGAGCGGACCTCATTATAATGTACAGCTGGTGGCGGGG CGACGGGAACACACGCCCAAAACACACGCGCGCGCGA
LG10	ref-2128_23	46.234			TCCTGGAGGGCGACTGTCTGCA[A/G]GAGTTTAGC
LG10	ref-2128_24	46.234			TCCTGGAGGGCGACTGTCTGCA[A/G]AGTTTAGC
LG10	ref-45474	47.725			TGTGTCAACACATTGAAACACAAAAATGTTACTTGTGTGACAGGCATAGGCCTATTGCTGATTATTGCCTTTCATTCAATTAAGTTAAATTATCTTTGTGGTCACAGTTTCATT CGCAGATCCTTTTATGTACAGATATGACTAACCATACTGAGTAGCCTCTGGATAAGATTCCCTTAAAGTTTCGCACCTACGGCACATATTAGGCTAACGACATTGATGCACA AACGCGGATATGTTCGAAATGTCTAAAGTATATAGATAGAATTTTATATGTATTGAGTTGGCTTGTGCATTTAATGTGAGGTAATTTCTGGTAAGGTACCATTTGTGAGCATC GATGCTCCCTGGTTTTTGCGGTGCATTGTGAGGTTTTTTTTGCATTGTGCACTTGAAGGATTTTGCATTGAGACAGCCCTTATAATGGCTGAC
LG10	ref-55470	48.232			TTGTGCGGCGGCCGGCTGGGCCTTGCCATCCACTTTTGCCAGATTTTATAACCTAGGGTTCTTCTCTTTCATAGTAGAGTTGACCTCTCCTGAGCTCAACTCACAAGGAGC CCACACTCATGACCTGTTGCAGGATCAATTCTGTAGCTGAGCATTACCCTTGACGAGTTCAAACCTCGCTACAGATTTCCTTGTTGGCTCATATTTAGATACGAGCCACTAGCTT CAGGTGTTACCTTCTTTTACGTTGTATGCTCTTGGCCCTTCTTAAAGCGCCTAGGCTATACAGGTTTTCTTGGAACGATTGTCTAGGGCCAGGCTTGACCTCTATGAGTTC AGCCCACTATGCCCTTGACGGCTCCGACTTATGTCCGAGCCCCTAGTTAGGATGGCTTCGCCCTATTATGTCTTTGTTCTCTGGGCCCTT
LG10	ref-26637	48.674	Chr20	19632553	GATTTAAGCTTTCTTTTATGTGTGCTGTTACTGAGTTAAACACGTTTCATAAGCAGTCGTTTAAAGTGTTAACAGAGAACTTGTGTGACCGCTGGTGACGCCGTTGATCGCC ACTCTGCCGTGACACTGCTGACTTCACATGCACACTGGAAATACATCATGCAGTGTGTTGTCATTTGAACATGTATTAAATCTGACTATATAGACACGATCACGATGCTC CTTATGGTTTGCATGTACTCTACTGTGCGTTTGCAAGATCAACTGAATCTTGATGCGACATTAATTAGTTTAGTATAGATCGAGTGAACCAGCATGATGAAATAACACTGC AAATCATCTACCACTAGCTTTGTGCAAATAAAGGACAATTTAACATTGGATACGTTTAAATCATTTTACGTCATAGGTGAAGATGGCAAGTT
LG10	ref-28268	51.451			GATCTCGTCACGATATCTCTGCGCATTCAAA
LG10	ref-28656_8	53.253			CTGTGGTGTCAATGGTTGTTTTAAAGTGTAGACTTAAACTCTATGCAATTCAGGGTATCTAAGATTTTAGATCTTTAGTTTTAAACAGCCTGGATTTAAGACTATTTAAGC TATTTAAACTATCTAAGTGCCACAGATACACTGTAAGGGGTTTGAGTCAGACATGCCAAAAAATAAAAACTCTCGTCTCAGTCCTGTGGGAG[A/G]GTCGAGGGCGTTG CAGAGAACCATCAAAGACTTGACGTAAAGGTCTTTTTCCTCAAAGTCAATTACAGCTGCTTCAGGAAATATTGATGAGGGATTTTGAAACGCAGTGGAATCCAACAAA TCCATCCAGTTCACGGCACCGGAGCTGCGGTGAATGTGAGCGAACACAGGTGATGAGAGAGAGCAGGGCTGGAGGTGGAGGTCGTGCACTATACGGCTTTA
LG10	ref-42215	53.274			GTCTAGTATACGACAGATTTGCTTTAGCGGT
LG10	ref-34034	53.536			AAGTACCTGTACACACACATCAGAGGCGGCAAGATCGCAAGAAAAGCTTAGTGCTGGTAGCTATACATTATTTAAGGTTATTTTCTGTGTTAAGATATACAGAACTGTTGT CAAGTAAGCTTCATTCTATAAAGCTTCCCTGTTGCGAGCCTGTGCGTCTCTAAAGTGTCGGGTGATGCACTGCTGTACAGTTGACTGCCGTCTCATTTGTTCCGACAAC ATCACGGTATTAACAAACATTTCAAAAATCGATTTTGAATCTGTAGAAGATAGAATCGCGATTCTATAAATTGATTTCCACCCCAACACACACACTAAAAACAAAGCA AAAGCTATAGGGAATGAAAGATTAATGAGCATGT
LG10	ref-32708_5	54.796	Chr20	8544028	CATGTGAGAGTCAAAGCGTCTCCATTTGTCTGTCCAGAAAATGCCATGTCTCATATGGGCACTTAGTTAGTGTGCTTACATAGAAAATAAAATATAGATTTTGATGTTCCAAA TTGGACATTGGCTTGGAAGCACACAGTTAGATGGTGATTCTGTCTATACCGTATTCGGCTGATTTATTTATTTTTTAATGTAGGGAAC[C/G]TGACGACAACTGTGC GTGTATTAATAATACACTTTTACCATGCACAGATGAATTATGAAAGAACTCTCGTTCCTTGCCCCCTCCCTTGATAAGTCCATTACCTTGGCACTTGGCTGTGGCAAAT TCACTAACGTGGGCCCGACTTCAAAACCATTAAATCAGGACTTCAACGCTTAGCGCACCGTAAAAAGGTTATTTGTGTAATAGATAAAAGGGTGAAATGA
LG10	ref-1424	55.505			GGACGAAGGACGAGGCCTATGCCAAAGAACT
LG10	ref-22347	57.777	Chr20	16037585	GGAGATAAGGCACTTGTGTGCTAGTGTTTTTCACAGCATCAATAACCCTCGTTTACTGCTGTTGATGATTTAATTTTATGTAATGTTTGTCTTAAATGTGGTTTTATTTATTA TTTTATTTACAGTATTACTGGGATAGTTGCACATGTCTAGACTATTTTAAATGTCTGTTACATTAACATGTTACATGTTATTTTCTCATTTTCATTTCGAATGTAACGCCACCTC AGCTTGGCTTCAGTAGGATGGTGGAGATGTTTTCTTCTTCTTGTGAGCCATTAAGGTTCTGTTCAATTTAGAGAACAGCTTTATCGATTTCTTTTGGGAACAAGAGATGTCGT CTGTTAAGCTCAGAACAAATGATTTGCGTTAACGGAGCAGGAAACGTTATCACGCCGACCAGGAAGTATCTGGATGTTTGATTTAAATGG

LG10	ref-4848_1	59.35			CAGACCCCCACCTCAGAGCGAAAAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCGCACTGTGATCGTGTCTCTCAGTTTCGGTGGTTTTTGTCTCTACCATTTACAGGTTTTAAGACGTAAGGGGTAAGAGCATGACCCAAGGAGAGAGTTTCGGTTATATCTTTCTATGATACGA[C/T]AGTGACAATGCATGTTACTCGGTCTGGTGAACAACCTGAGATGGAGAAACCGACAGACGTTTGATGAGTAAGAGACTTTTCAGGACCGCTTGAAATATTATCTATAATGGAATTTTCCAGAAACAGTGGCCTAAAAATGGGGTCATTGTTTATTGTTTTCACTTAAGTCCTCTTTAAAAAGACCCATCTCTGACCCCTTCAGG
LG10	ref-25868_18	66.572			AGGGATGCACCGATACC[A/G]ATGCCAGTATCGGG
LG10	ref-45498	73.554			CTTGCAATTGCGAGATTATTGCTCACAATTC
LG11	ref-68486	0			GGTTCAGAGTCGACTCTTTTGCAGACTGTTC
LG11	ref-58332	1.397			ATGTTTCAGCCGAATCTGTTGCTGTCAGGGA
LG11	ref-4750_6	2.372			CGTTT[C/T]TCCACGACCCCCCTGCTTCCTCTTTG
LG11	ref-4750_27	2.75			TTGTGTTTTTCATTAAGAAAAATAATGAACCCACCATTCTAGCAAATCCCCCCCCAAATTGCCGTAATTAGAAAGCGAAAGTAAAGTGCGCACGGCCGATTCATAAGCTTCTCTGTGAACCTCTGCTTCAGGGCCGCTGTAATTTGTTGTATCACGCCTGCTATCAGGCGAATATTTTATACACACGTTCAAAATAAACGTTTTTCCACGACCCCCCTGCTTCC[G/T]CTTTGCGACCCCCAGGTTAAGAACCCTGCATTTAGTGTTTTTAACAGCAAAAACTCTGAACCGGTTCTGCTAGCACGTTTACATGGTTAACAATGGAAAAAGCAGCGAGTGGAATGGAAAAACGCATTCTGTGCGAACGGCAGCATGAGTCACAACCTGCATTAAACTAGGCCTGAAAAAGAGAGACGGACGGCTGGTGGCT
LG11	ref-71392_19	4.581			AGCTGTCATGCGAACCCG[A/G]TGCGCACAGGGGT
LG11	ref-15375	6.193			CCATGTGATGCAATAAACAGTAAACCAGCCTGTCAATTCCTCAGCATTCTTACACGGCTCAACTGCCTTTGAGAACCACCTGACATTGAGCCCCACGTGATCAACGCTCTTCACTGAGAGAAAAACGAGGTTCAGCGTTCCCTCCGGCACCAGATGCTCAGGTCCTGCAGATGAAGAGGGCCAGAGAGATCTGCATCAGGATGAAGTGATCTCGACTGGAACGCCTGTTTCAGAAGTCTGTAGATCACCAGAGATCATGTTACTGCTCACACTGTTGCTTCTCTGAGTGATTAATCCCGTCTCTACATGCACACAGTTTAGCTATTTATGGATTAACTCATAATGCTTGACATAGTGATAACCATAGCAATGTTTTGGCATCTTGTGGCTGTAACATATGACACAACATGAAACAATTCAACCCCTTTTGGA
LG11	ref-53820_27	7.808			TATTTTTTTTCTTCCACCATATCCCTTTAGTCCCTTTTTTAGTGGCCAATACGATAACCAATAATTCTTTCTATTTGAAAGCTGATAAATCTAAATCCAAATTTGTTATCATTTTTGAGTCTGATTACAAAAACAAAATTCTCACCATTAAAAGCCATGTCCAAAGCACACAATTATAATGTTCTCATTATAATTTTATGTAGCCTATACGACAGAGTTGCACTGT[C/T]CATATTGAACTAACTCCTTTTTGAAGTGATTCTAATCATATTTCAGCAATTCAAAACCATCATGGCGAAGTTTATATCTGAAGTGCTCTCAGCTGAAGGAAATAATCATTATTTATCAACATATCAGCCGATACCGGTAAGGTGGCCGATATATCTTGCATCCCTAAATAGAAGTAATAAAGTTAGTTACTACAACATATAT
LG11	ref-29826_24	11.444			TTAGTTAATCAATGCTTCAGAAGTATTTTCAATGTTAGTTCATGTTAACTTATGTAGTTAACTAACATGTTACAAAAATGTAAAGTCTTAGTTTTTTAATATAAAAAAGCATGCATAAATCTAATTCATTTTGGATCGCTTTGTCTCTTAATGCTCAGATTCTTCAGTTAACTTTGGCATCCAAATCTATAAATGCATCGGCCGCAAGACGAGGGAACTGCA[G/T]CCCAATCTGCTGAATGCCATGGAGGAGAATCCTGCAGCGAATACTGAACACCAGCAATACAGCATAGAAAAATCACCAGTTTGAAATTCAAACCTATAATAACCCTCAAA TGGATAGTGGCAACTATCATCACAGTAGATATGCTGATGAGAATTATGATCAATATAACAATCCTGAATTTTACAAAACAGGACAACCGTCAAAATGTACA
LG11	ref-49919_15	13.246	Chr4	1764200	GACGCTGACCGTGCCGTGTGGTTCTCTTCCCAGTGAGTATTCTGCACATTACAGGGCTTGAAACACACATAAACGTTGCAGGTGTGTTGATCGAAGGTTTCTCAATGTTT CAGATCCGCACCTCAGTCAACCATCTCCTCGGCGCCTCTAAAGACTTCAGCTGGCCGCGTCACATCTGCAT[A/G]ACTGTGCGCCTGTGGTCTGCGTCAACATCCTCGTCATCTTCGTTCCCAACATCAGAGACATTTTGGAATTATTGGTAGGTGGGACACAGGATGTGATGTCACAGCTTGTGTCATTTTAGTATCATTAAATACTGTTTGTTTATTAGCATTATTTTGAAGTTTTAGTAATTTCTGTTGTGTGTT
LG11	ref-64118	16.371	Chr4	8215577	TTTGGCATATTTTTTGTGTTGTGAGGATTTAGGTCAAATGTAATGGAACTTACTTTTCCATGAGGCAACATTACATCCCTGTTGAAGAGAGCAGATTGCTGTAATGGAAGGA GATATGGCTGGAAGCAGGGATTGAGAGATAAAGGAATGGAGGGTAGGGAACCTTTTCTTACTGCATCCACTGTCCAGGTGTAATCCACCTGCCTGGGGCGAGCCAGATGT CAGCTGCTTCAATGGCAAGGACTGTCTAGTTCTTAAAGGAACAGTTAACCAAAATAATAAACTGTCCTTATTTTACATTATTTACTTCAAGTTACTTCAAGTATACTTTTTT TGGGCTGTACTTCAGAGTGAATTATTTTAACTCTAATAGGAGGGTAAGATAATTACAGTACTGTACAAATGGTGTGCCATTTCCAACACATTCA
LG11	ref-59072	18.863			AGGCTTTACGCGACTATGATGCAACAAGATT
LG11	ref-26908_25	18.924			GACGTGCACGGCGCATGATAGAAAAACAGAACGCGGGTCAATAAAATTGTGTTTTTATTAATTTGGTGCTATTATGTGCAGCAGAGTAAACAACGCTTGTGTTTACTGTATGT GTGCCGCATGTAGACGTTTTTCCGCTGCTTGCAACAGACTATTTTGAGGAGATAGCTGATTGCCATTAAATTGCCGCTCTGATTGCACTCGCAAAGCGCGAATACACTGCA TT[C/T]TGAGGAGGCGAGGAACGAGGAGTGAGGCAGGTATAAATTCTCTCCCTTCACATTTTTCACAATCATTTTAATTATATTTTACCTTTGCAGTTAAATAAACCATATATTTAACATATTTCCAACAGTGTAACCAAACTTCAACAACATAAGAGCAGATCCCTTGAGTGCAGCTGATGATGTTTTGAAATGACGCTTGAGTGA
LG11	ref-71392_18	19.107			AGCTGTCATGCGAACCC[A/G]ATGCGCACAGGGGT

LG11	ref-49098_32	21.006			ATTTACACTACGAAAGCAATGCGGTCAAATG[A/C]
LG11	ref-49098_27	23.338			ATTTACACTACGAAAGCAATGCGGT[C/A/G]AATGA
LG11	ref-43918_10	24.824			CCAGTGCAGACCTCGTTGTCCTTACAAACTCTGTTTTGTGTGCAGTTGTTACACTTGTGTGGTATGAAGGATGGGCAGGGCGGCTGTGAGCACTTGTACTCAGCTGGCTGAG GGTGTGTGGCGGAGCCCCAGCCAGACGAGCAGCAGGCGCTTGACAGACAGTGGATCCACCTTCAGATT[A/G]GCACTCAACTCGCCCGTTACCTGCTCATCGTAGCACACAG GTAGGGCACTCCACTTCCCTCCAGAGCACACCGCAATCTCGGGGAAGGGCTGTTTGTATCCACCACATTTATTTTACCTGTCTGTTGGGCTGTGCTGTGGTGGGACTTCTC GCAGTAGTTGTTCTGAAGATTCACAGCCTTTAGAGGGC
LG11	ref-23940	25.978			GAATGATGTGGCCATCTCAAAATGTACCATTTCAGACACTAATATCCTATAAAAAAACTAGATCCATTTTAAATAAAACAAGTTCCTTTAATTCAGTATATATAAAATATATT TTGTTGTACAATTCACAAATGATTAATCTGCAACTTTAAGATTAAATGTAGCCTAAAAAAAATGGTGAAAACTGGTTCTTAGTTTTGAGACCAAAGTCGATTTAGTCGCC ACCACTTTTGTAAAAACCACTGAAAAAATAGCTTGTGTAAAGCATATGTAACACAAAGAAAAAAAACATCTCCAATCCGTCATAAAATTAATAAACATATGTAACACAAAA TGCAACTGCACTCACACATATTGTTACAACACGGACTACTCAGAGACAGGAAGTGCAGATAGATGGATTTATTGAACACACAGCAGAGCAATAGGCCAA
LG11	ref-66565_30	26.752			CACTCGTTTATATGTCTGGAGCGGGAGGGATGGATACAAAAAGTACAATAACTACCAGGTCTGCTGCAAAGATCTGTGGTACCTGGAAACAGGTGAGAAATAAAGGCTGG CAGTAACAAAGTACACTTTGGAACATTTCAATGAACAAGTTGTCATTTGTGTGCGTAGAGAGGCGCTTCCACTCCTGGTGCGGTGTTCTTGTGAAGTCCACGATCAGTATGC TGCATGT[C/T]GCCTGGCGGCCCCCTGCCAGCCGCTGAGTGTTACTTGGTTCAAGTGCAGCCGATCAGTCTCCTCATTCTCTTCAAGTGAACCACAGTCCACCAACTCCT CCACCAGACCCGGGAAACAGGAAGGAACATATACAAAAAGGTATTACAACATTTGGTATTCTGGGGTGTGTTTGAACATGTTGTTTGCAAATTCAGCCA
LG11	ref-13158_8	27.207			TTCTGAGGTAATGCAAGTACACAAGTCAAAAAATATATAACATTGTTCTAGTGGTTTTTGGATATTTTTATCCAAAAATCTTACATATTTACATATCTTGCCTTTAATAACCCCT CATGTGAGTTTTTCAGTTCATAATCATTTTAAATCATATGGCTTCAAAAGATGTTGTAGCAGGC[C/T]GAGCAAAACGATCGTGACAGAATTTTCATTTTTGGAATGAGAGAT CCTTTAAAAATTTGTATCTTTCCAATAAAGATCCCATTCATTCTTTAAATGCCACAATGACATTTGTTTCTGTCACTTAATGCTTGTGTCATCAATCTGTGGTATGGCGGT AAAGTCAAGTTTCTTGTAACGGCAATAGTGCCATG
LG11	ref-38853_5	27.241	Chr4	6146069	AATGCAGCTGGAGTTTTTCATTCTGTAGTGAGCCGAGATGAATATCTCGCTACATAATTTCCCTCATCCAGATTTTTTAAGACCACGGAAATGTATCCCATTCATATTAAT CCTACTCTGTACAGCGATGCTACTAAGGAGCTCATATCTCCGTGCCGCCCTCCCTTCTCCTCCTCTTTTTTCCGAAATTAGCACATTGAA[C/T]GTCTCCGAGTTGGCTGCT AATAACAACAGCACCTCGGGATGGCGGGAGCGCTTCTGATCAGCCAGACGACGGCTTAACGTTTGACCTTGGGACACGATATTAAGCTATTGTGGAGACCCGCAACATAA ACTTGAGCTTATAATGGTCTAAGCACGCACGTGTAAATCCACATACAAATATTCATAAGATACAAGCGAGTACAATCCTGCTTATTGGGGAAACCTAAA
LG11	ref-8088_23	28.436			AAGGTTCAACTAATATATGTTTCAGGGTGACATTGTTACATCAAGTCAAGTCAAGTGTGTTCTGCCCCATGTCCATTTCTATTGTCTCAAAATGTGAGTCACCACATTTGTTTCT TGTGTGCTGTCCATAACGGTCCGTGAATGTAAATGTAAATGCTTGTTGTGTCTGCAAGTATCATGGAAACCCAGGCTCATTTGGAAAAACGTACCTCTGGCGACATTTATGC[A/ C]AAATGATATTGCATTTCTTCTTGTACATTTTCATGACACTTGAAAAGTGAAATATCCAGTGAGTGGCGCTAAAAGCGCATTATCTGAAACCGATTAAACGTGAATCTTACAA CACTTGGTTGTTGTACATATCGCGGAAGTTCGGAAATGGAATGTTTCGTTGAGTGGCGCTAAAAAATTATATAGGCTATCGCATTTGACAATAACGTAGC
LG11	ref-60148	29.15			CCTATTTAGACACTTGTTAGCAACAGCATTTTACAAGAAAAGTAAAAGGTTTTAAAAAATTTCAAGAGTGTATTACTGATGTATTTTATATCTGTGAAAAATATCTTGAGCTTG TGTTAACACACAGAGCTTATTTCAAACATTTAATCAAAAACCCATTCAAAAACCCCACTGATTACAGGGCGATAGAATCGGAAGTGCTAAAAATGCTAACATGTTTCTGGGTT TTGGCCTACAAAAATGCATCATCTCTGCACCCCTCTACACAAGGGAGCTTTAGCAGAAATGTAGCACACCCGGCTCTCTCTGCTGGACACAAGGTGAACAACAAGCTCAGTT TCATTTTGACAGTTATGGTTTTTGTGGGCCATTTG
LG11	ref-58940	29.868			ACTCTCTCAGCGAGAGGAGTGCACATAACA
LG11	ref-66019	30.442			GTTTATGAAGCGACGCGAGTGCTGTTTGCAC
LG11	ref-8581_32	30.828			GCTCTCGAGCCGAGTGTGTGCTTGTCTCTC[A/T]
LG11	ref-8581_7	30.848			GCTCTC[A/G]AGCCGAGTGTGTGCTTGTCTCTCA
LG11	ref-71353	31.677			CTGTTCTGGTTCGAGTTGAATGCCAGTACTTC
LG11	ref-16402	31.784			CGCTATCTCACGACCAATGTGCACGTATTTT
LG11	ref-45437_24	31.858			CTTTGTGAAGATCTGAATTGCCACTAAGAGATGGGGGTCTCTAAAAGAGCTCCCGCCACTGATAATGTGTGTCAGATGAAGGTAGCAAAAAAACCATGAAGGATGATGCAG TTCATCTCAGGAGGAGGATAGGCCTGCTGCCATCCATTTCTTCATCATTGGCACTGTGGTGGGCAGTGGCATCTTCATCGCC[A/G]CCAAAGGCGTATTGATGAATTCGGG CAGTGTGGGATTGTCCCTGATGGTCTGGGCTTTGTGTGGCGTACTCTCCACATTTGGTGAGGAACGCTCTTCGGTGCTTATACACTAATTTTTTGGACTGGCTGTGTATACTAT TTTGACTTTTAACTCTCCCATGGATAAGTTCAAAGCAG

LG11	ref-57227_14	32.117	Chr4	11249684	TTGCAACCACACTGTAAATGTATATCCTACACGTATGTGGTCTGAAGCCTGGGTGGTGCCTTCGGGATAAGTTTGTGGTTTATTAAACTACGAAAGAGGAAAAGGAGATGAGGAAACAGCCGACGGGTGACTTTGAGGCAATAGTGTGGTAAACGAGTGGGCGGTAGGGCGAAAAACAGCA[A/C]ACGTGTCGTTTTATCCGAGGGGTTCAGACTGAAGCGTAATCTTCGTGGCGCAGGAGATCAGTCTGAATGTGAACAATTAAGGAGATGAGACAAAATCATTATCAAGCTTCCTAAGACAAACCCCCCTGCCTTTTCTAAAAGGGA AAGACAGAATGAATTCATTTCTTTATCTCCTCAAGTCGTT
LG11	ref-72244	32.518			CGGCTTCCAGACGCTCCTAATATAGCCAGAGAAGTCCAGGAGGGAGGCGGAAAGGAGGCGGACCAGGGGTGGAGACAAAGAACTGAAGACAAGGAAGAGCAGGAAGC CAAGGAGGCACAGGCTGGGTAGGAGGCCAGGCAAGGTGTCTTAGGTTAACAAGAAGTTCATGTTACCTCTGCAGTTGCATCGAGGCAGACAGGAAGTTCATACACAACC TCTGAGGTCACATTGATGCCAACAGGAAGTTCAGGAACAACCTTCATGGTCGCATCAGGGTATACAGGGAACTCAGGGGCGACCTCCTTGATCGTACCAAGGCAGACAAG AAGTTCATATGTACGAGACTGGGCTCTGGGACAGGAGCGA
LG11	ref-21271	32.882	Chr4	12948243	CCTTTAGTTTTTAGTAGTTGCAGTCCTTACTTAACTTCTTTTCTAAAAAGAAGTTTGAAATTCCTTAGGTTTGGCATTGTGTTGTTTTATTGGATCATTTTAATTTGTGCTG TTATTGTTGTCTGACTAATTTGTTCCTTTCACAGTGTGATGAAGACGTGTGTAGCTGAACCTCACTGAGCTCACAGCGGCTTCCCTCAAAGCCGACGGCACAGATGCATTTG CCAGGATGAAAACACGTCCTCCATTCAAACAGGTGGTGCTGCAGTTTGCTGTTAATGCAGAAAAAAACAAGGCAATGAACAGGTCAAAAACACAAAGAGAAAAAAT AACGCACAAACAATTTGTGCTTTTATTTATTTATTTATCTAACAGTTTGGTAGATCATGCTTCGTGGTTTTGGCCTTTTGGTCTAAATCATTTAA
LG11	ref-48410	33.178			GCTAAATGTGCTGGGAATTTCACTTTTAAAGTCATGCTTTATGAACCCCCCTCGTCTGGTGGAAAAAGAATCATGGTACTTTCCTCCAACATAATGTAAACATGTATTTTC TCTTACCATTATAGGTAGGACATCTTTGTTGGGCATGTACCAATCAGAATTTAGTGTGACTGTTGCATTAGACTTGTGGTGTTTTAGCAGAATTAATTTAGCACCTCTAG TGGTGCCAAATGGAATTGCAATCTGTTTGTGTTGAGTGGCTCAGTTGGGCCCCACATAACATTGGCAATGGCTCAGTTGGGATGAAGCAGCCTGTTTGTCCAAACAAAGGT TGATGGGGGAATTGTTTGAAATTAGTTTGACA
LG11	ref-23710_25	33.835			TCGAACCGTTCGATAGTGATGCGC[A/G]GATCGCG
LG11	ref-23710_32	33.835			TCGAACCGTTCGATAGTGATGCGCGGATCGC[C/G]
LG11	ref-27433	34.005			TTGTCTTTTTCGACAGATTGCCAGATGTGT
LG11	ref-25608	34.585			GTTGCGCAAACGAATCCTCTGCCATGGCCTT
LG11	ref-49134_28	35.042			TTGAATATATGTGTGCGTGTTAACGAAAAATTAGCTCTTTAGAAATTAGCTCTTTAGATTCCAACGTGGGCCGAGAAAGGAAACACCGGGATGCACGCACTCGGCGCTGCA GCGGACTCGTGAGT[C/T]ATTTTTACTTTCTCAAAAAAATCATTCTGTATGATTATAAGCCTTTGAAAAATGGGGACATGGGGTAATGTCCTCATAAGTCACCCCTCTCCT TGTAATACCTATGTCATACCCATGTCATTATACAAATTTGTGTCTGATATGTCACAAANNNNNNNNNNNNNNNNNNN
LG11	ref-38899	35.586			TTTAAACTTCTGTTTTTGCAGTAGCTCTGTAAGGCATCTCTATGGCATCACTGTCGAAGAGTAATTAGCTGGTGAAGAGTTAACGAAAGTTATCATGAGCATTGTAATGTTT GGAGCTGATATCATAACAAATGTCACTAGACTGGAAAGAATTTAAACCAATCTTACCTTCATGTTGTGTAAATATAAACCTGAAGACAGAATGCAGCGAGTGTAGTGC TGAAAAGGGCCGGGGCTACATAAGGTCTATAATAAATAAATAAAAAACAACATTCTTTTATCGTAATGCCAAAAACCTCTCATTCTACGTAACACCTAAAGCGAC ATGGTGATGGAaaaaATTAGATGGGGTTTTTTTTTTGCGAGTGAACGCAAGTTTCTCAGGGGAATGCAAGATATTGCGAGAGAACGCAAAAGCATT
LG11	ref-54624	36.11			TGTGAGATTTCGATATCGTTGCATCCCTAGT
LG11	ref-16427	36.358			AGTCAGCTGCCGATCAGTGTGCAGCGCTGGA
LG11	ref-16405	36.6			TTTTTCCCCAAGGATTCTATAAATATCGCGATATATCGATATTGTAAGAAAGGCAGTGCAGATGATGCAGTAATCGTGTATGCACATCTTTGGAGCATATTGATGCGCTCC AACACTCTCTGAGCGCACGCGACGACCACGGGCAGCGCTCTGTTGCGCGCAGATTCAATAAAGATGGAAGCAAGTGCCTGACATGGGACTGCGCTGCTGAGAGAACTC ACCGTGTTCCGAGAGTTTTATACTTATATTGTGTGCGTCAATGCTAAATAGTAAGTGTTCTATTTTCATCTGTTAATAATTAAGAAAAATCATGTCGGTGTGTTATATTTTGA TATTAATCGCTAATGTCTGTCTGACGCCATGCTAGAGTTACTGTTGTAATCCCTTGTTTTATCTTAATTAATCTCTGTGTACAT
LG11	ref-47856_15	37.045	Chr4	12189827	GGGATTTGATCTAATGACAGTAAACAACAGTGGAGCGTTACAAAACACAGTGGTGTGAAATTCATATGTGGCAGCCAGTCAAAAACCACCTCCTCTTCTTTAAGTCTAAAT TACTTTGGGATTTGCCAGGCAGTGGACAGAGAGACTGTGCAATGTGACTAACCAGATTACTGCTGCACTTATGGGGGAAGATGGAGCCACGAGTATGACGAC[A/G]ATAT TGCTGGAaaaaAGCACCAATTGAGTGTCAATATGGAGAACTGTGTCATAATGAGGCAGGGAAGGGAATTTATGTTCACTTTTGGGAAAGAACTAAGCTTTATAGAGCAC TGCAGGGACTTGTTTAGTCAACTCAGTCAGTGAATCCTTGAGCCAAGGATCATATTTGTGAAAAATACACAAAGTTCCTTGTGATTAATATTGGAATCTTGT
LG11	ref-65224	37.366			ACAGGTTGTTTCGACCTCGTGCAAAAAACA
LG11	ref-44114	37.985			TCGACCTTCTCGACTTCCTTGCTCACCTGCC

LG11	ref-25079_32	38.458			ATCACAAAATAAAACAAGCAACAAAGTGAAAGAAAAGCGACAGCCCCTCACAGACGATTGCCGCCTAAATGAAAAACAAACAAGAACTTAAAAATGTCTCAGGCCTGGTCC TTTCTCGTCTTCCACTGTCATCACTCCTCCTTTTATCCATCCGGAGCTCCTCCATGGGACTCATAGTGTGCGCACAGGTGTCGCTCATAAAC[A/G]TTCGCTCCACCCTGCCTCT TGCCATATGGGGGCATAAAATTGGGGGCAGTTGTGGCCTAATGGTTAGAGAGTCAGACTTGTAACACAAAAGGTAGCAGGTTTGTAGTCCCAGTACCAGCAGGAAATGTAGG TAGGTGGGGGAATGAACAACACTCTCTTCCACTCTCATTA
LG11	ref-49527_28	38.93	Chr12	23145973	CCTACATTTTAAAACTTTTATTTGAATGACAACATTTTATTTTAAAAGCTTTATTTGAATATGGTAACATGATACCTCATTCTATTAATAATTTCTATGATTAAATCACCG ACAGAGACCTTTCCCCTATCAGCCGATCACTGTGGACATAGTTAGTAAGCGTGTTGACATGTCATAGCAACAAGGTCGACCC[C/T]CCCCCTCTCTTAGCTTAACACTTATC TCTTTTCCTTAGTAAAAGTTTGTCTCAGCAGCTTTGTAATAAGTTTAAAGAGAAAACCTTAGCTAAGAACTTTTACTGCTATTTAGGAGAACTTTAGTGGTACGATAAAA TGTGTTGTGAATACGGCCCCCTGGTGCAAATTTGTG
LG11	ref-54352_10	39.388	Chr4	21060584	TGAACGTGAGAACAGGGAGTGATATATTTTATGAGGCAAATAAGATGTGTCAAAATGTGGTTATTCACCAAAGAATAGAACAAATCTTGCAGGAGAGACGCAAATCATCT CCTCGTCTTTGTCTCTGTGGGTTCACCTTCTCATTTCCATTATGCCATGCGTTTAGCATCTAACCGT[A/T]GCAGATTGGTCGTGGGGGATATGCATTTGTCATACGTAATGT GTTTTGTGTTTACATGCCAGCACGTAATAGACTTGCTCTGTATGTAAATCATTCAGCTCCGGCCTCGTAACAATCCAATTAAGCTTTAAATGAAGCCAAACAGAACAAATAT CCCAGTGTAATGGGCCCAGAGGGAGGGCAAAGAACA
LG11	ref-14364_28	39.794	Chr4	22259003	TCTCCGGGGCCGCCACATAGCCGTCGGGTAAATGTGTGGGTAACCCACGAGGAAATGGAGACCCTTGCCGCCCCCTCGAAAACGGTCAGTCACCTCATCCTTTTCAACACA AAAAAGCCCTTTGCTTACTCTTACTGACACTTTTGTCTAATGTTTGTGTTTCACAGAATCAGAATAGAGCATGGAAGTCGACATG[C/T]AATCGAAATGAGCATCATTTACTT TCGTAGTACACGTTCTCGGTGTTACTGTGCTCGATTCAAGCCGCAATAATGGCATACAACAACAAAAAAGAGTGTTACGGATAAGTCAAGATGCTCTCGAGGGTGACTT TGACCCACTTCAAAAGCGGAAATACATCAAATTAAGGA
LG11	ref-53202	39.894	Chr4	22469590	TAATGCAGTGAGGAGCCCTCTGTCTTTCGTGTGTGCATATTGACAGCGTTTATTAATAAGAACTTGGGCAAGGACCAAAATAGACACCGGCATCTTCATTCCCTACTTC ATTCTGTATCAGTTGGCCACTCATATGAATGACTGCAAGGCATGATGGCCACATCCCACAGGCATTCATCAAGCTGTGATTGACAGCCTGGAGAGAACGAAAGGCCTGCA GATATCATCCGCTGCACTCCACAGCTCTCTCAGTTTTTTTTTATCATGCATTCATACTGGCGACAAAATCTCAGTGTATCGTTTGATGTCAAGGTAAAGGTACAAGAAATT ATACTTAAAGGATAATTGTACCCAATATATGAAAATTTTGTCAACTTAACTTAATATTGTTCTTAACCTGCATAACGTACTTCTTGTGAGGAA
LG11	ref-57969_16	39.938			GGTAATAGTGTTTTGCATCGACTGTGACAGCTGAACTGTGACTGTAGACGATCACAGACTGACACACACACATCCAGCAGTCAAACCTGCAGTTTAGTTTTCTTTCTCA AAGTTATTTTTATGCAGTCCTTCTTAAAGCATCTCCTGAAAACTACTAAATACACAAAGTCTGGTGACA[A/C]TGTTTCGATTTTGTCCATCTGAAGCATAGTTCATAATC ATATGGTAAACGTGACGCGATTGTCCTAAGATGTATATTAGACTGTTGAAGTTACACAGGCTACGGTGACTTTTACAGAACCGATCAACGGGATCAGACAATAACGAGC TCACAAGCCAATAAATGAAAAGGAAATCGCGCAGTGTG
LG11	ref-71160	40.001			TCTCTGCTACCGAAATGTGTGCGTGTGTGTG
LG11	ref-51188	40.296			GCAGCGCTTTTTAATGAAATTAACAATAATCACATTAGGGAGTATCACGATTTGTTTTCCATATTCCAATATAAGACGCCTTAAAAATGATTGTTTATACTCTTGTTTTACT GTTTAAGGCACTGAAGACTTTTAATGACCTTAAATTGATCTGATGAGCATGAGCGGAGTGGAATGATGAAAGTGATCAGCATGGTTGATATTCAAAATGATAAGCATGCG CTGCATTGTGTGTTTATCTGCAGTCTGTAGAGCCGTTTCCCCCTTTGAATGATGAATACAGATGAATTTATATGAAGAAATAGGCAGTTGTCTCCTTTACGCAGGAGCAGA ACGGTTTGTTCAAATGCAGCTGACGCAGGCGACAACACATTCGGCTATCATCAGCACGAGTCTTTGGCGTCTGTTTGGTGTGTGAAATTTTCTCTA
LG11	ref-1797	41.332			GTTTAGATGTGCGATGCCAGTGCAAAATCAGA
LG11	ref-64295_14	41.52			CTTTAAACTTCGA[C/T]ACCGCTGCCCTCACTGGC
LG11	ref-44585	42.683	Chr3	34755147	TGGTCGATCGGATCACAAGTAGACGATGCTAAAGACAGGTGTAAACTTTAGACCATTCTACAAGTAGTCAAAAACGACCGGATTGCTTTCATAGTGTAACGCTCTAAA AACGACTGGATTGCTTTCATAGTGTAACGCTCATGTGGTGAATGTGTTTGAATGACCACAAAAGACCCTACTCTCCGCCTACTGACCTAACGGTAAACATTACGGAA AGCGCGCTTGCCAGACGGGATTAACCTTTGTGGCTGAAGACCCAAGTTTGGTTTGAAGATGAAAAACCTACCAA
LG11	ref-62799	44.78			ATGTCAGTCCCGAAATATATGCAAGTAAGTG
LG11	ref-18052	45.317			CACTGATTATCTTTCATCACAGCATCTGTTAATGGGTGGGATATATTTTGTCTCACAGTTGATGTGTTAAAAGCAGGAAAAATGGGCAAGTGTAAGGATTTGAGAGAGT TTGACAAGGGCCAAATTTGTGATAGCTAGATGACTGGGTAAAGGCATCTCCAAAACCTGAAGCTCTTGTGGCATCAGTATCGATCAAAAGTGGTCCAAGAGTGGTGAACCGG CGACAGGTCATGGGCGGCCAAGGCTTATTGATGCACGTGGGGAGCAAAGACTGGCCCGTGTGGTCTGATCCAACAGACGAGTTACTGTAGCTCAAATTGCTCAAGAAGG TAATGCTGGTCTGATAGAAAGGTGTCAGAATACACAG
LG11	ref-3779	46.182			GTGTCTTAGGCGAAAAATGTGTCTCCACCAGA
LG11	ref-14074	47.351			TATCTGGTACCGAGTGCCTTGCTCAGGTTCT

LG11	ref-48315	47.388			AGTCAACTGACGACAAACCTGCAGGGAAACT
LG11	ref-21653_32	47.815	Chr4	11570137	TAAAATTGGTAACTTGTTCGCACATTTACTATTTTCAACATGGTGAATAGTGTACTTGTATATAGGGGATAGTTAACGATTTCAGACAGTGTAAATATGCTTTCCATTGAGAC AAATTAAGTCTGGTTTCATGTTAGTGCCACGCGAACCGCCGTAGCGCACACACACACACACAGTCTGCTCCGGTCCAGAGACACGAGATCAGAGCGAATCATATGC ACAAGTTGA[C/T]GCAGAACACGAAACGTTTCAGACCCATTGAATTCTGCACGGAATGCTATATTTTAAATGAGATTAGGAGGAGAACTGTTAGAGATTAGAAGGAAA CTGAGGCTTTACAGAGCTCAACAGCTCTGGCCGAGCATGATATAACCGAAACGTTATTGGTTGTTAAAAAGGAGGAGGAGCTGTTTCGATATGTCCCGCCC
LG11	ref-50293	48.41			AGATCAGCAGCGAAGACACTGCTTAAAGGTG
LG11	ref-62286_32	48.821			TAGTCTTGCCAAGTACATTCTCACTACCTGCAAGATTCCTTTTTTGACATGCTGTAAAAACCCCATATAGTGTGCTTTAAGTATTATTCTGAATTTTAAAAATATATTGCATG CTTTTCCACATATAGCCATGCATTACCGGACACAAGCTGTGAACAGTATTCTGGGTGTCAGATGAGCATGGATCTCGCAGTGAAAT[A/C]ATCAGCATCATTAGTGTGGGC GGCAGCTGTATCGTATTTGTACCTTTTCAGACAAAAATGGGGATATTTATTAATCCTCAGTATGAATATACTAAATATGAGTATGATGTTATGCTTTTTTTGTCTTATGTATTA CTTTACTCAAAACTACATTAAATGCAATTCACAC
LG11	ref-52123_26	49.022			CTGGCACTGGGGCAGACAGTATCAGTGGAGCCCAGAGAGAGCACACTCGGATCCAAAAGCTCGATCAGCTCGACATCCTCTGCAACAGCACGTCTGAGATAACAGACA GCGCAGAGAATACTGGCGGAAGGCAGCGTCTGCGGGAAAAACAACACAGTTGAACACAATCTCTCTGTGGCTGCAAAATCAATCTAATTATCGGATCATCCGACTGCCTT GCAGC[A/C]ATACTGGGATTCTGTACTGTAATAAACAAAAAGATAAGATCTTAGTCTCTGAATCTCACTTTTCTCAAAATGATTTTGAACATAATGTGGCATTAGTTAGATCC TGTGGAGCTGGAATCATGTAAAACTTCATTGAAAAAAGGTGACTAAAAATAAAAAATAAAATAAATTACTTTAAATTCACCTTATGGTTATACAGAAATCAG
LG11	ref-62604_6	49.546			TACAA[C/G]CCCTCGAACGAAGTGCAAACGTACGG
LG11	ref-62604_30	49.642	Chr4	27733143	ATATATATAAATTAGATGGTCATGAAAATGTATATATTTTTTATTTTATATAACTGTTGAATATGCAAGAAATTTCTCCTCCTTTCTCTCTCTTTCTTTATCTCTCGCTTCAT GTTTAGTTCACTCTCACACTCCACTCTCATTAGGAAACCAAAACACTATTGTACCCGTACGTTTGCACCTCGTTTCGAGGGCTT[C/T]TAGTAATTAGCAGTCATATTAGACG ATAGCCCATAAAGAGTTGTTTAAACGCTAAAAACAATTCTGTTTCGTCAGAAGCGCCTCAGAACGTGAACACTGTTTCCTCTTATCTTGTCTGTTTGTATGAATACATTGAGGTT CATCAGCATGCAAATTGCTCAAGGTGAATTTATT
LG11	ref-998_16	49.944			TATAAGTTACAACCTTACGCATTACTAAATATTTGGTGTGCAACATTACACTGCAATTCTACGTTCCAATTAATATTTACGGAAGCCTCTGCAGTCAGAATGAGATGGCA GCCAGATTAGTTGAGCTTGTAATTGATAACAAAGAACCACATGTTCTGCTGTCTAGTTTTATAAGACATACACAATCCTATGGATATTTATGATGATGTCGACA[A/T]ACATG CTCGTTTATGCTTTAAAGAGAGGGGAATAATGCAGATAACAGACTTGATAGCATCTGATATTCAACACGAAACAGACTGAAATGGAACCTCTCTCGCCAGGCCTTCAAGTGT GCGTAGCTTTCCATTATTTTGCCACTGAATCAAAGCAAACCTTAGTAGGCGACAGCATACAATTCACAAATCTACAGTATGTAGAGTAATCCGCCACTGG
LG11	ref-35921	50.634			CATTTAAGCACACACTTCACACTGGCACTTTGCTGGTCTCAACTTCGAGTAAGGACTCACTTACCTGCACCATGCGCCTCCACTACTTGCCCTCCATGCATCGTTGTTGCTAC GTCTCTCCCAATCATCCTTGCTCTCCAGCGTCTTCCCATTTGCTGTGTCTCCAGCGTCTCCTGTTCCAGACTCCTTCCATGTTCCATCATGCTCACCGAAGTGTGTGCTTGGC TGCTCGAATCCACATGCTCATAATCAGTATGTATAGTTTATTGCACTCCAGATCTGATTAGATTGTAAAAGGTGAGCTGTGATATTATTGGTTAGTTACTTTTTTCTACTTTT TTTCTCCTTCGGTGAGTAGAGTGCAGAGACGGGACACTAAGAGAAAAGTAAGCGATTTGGTAAACAAGACCGAATTGCAGAGAAGTAACAT
LG11	ref-56269	51.359			AATTTCAAACAGCAGTGAGCTACACTGTCAATCACATGACCTCATACAGCGAGTGACGTCCCATTTATCATAACAGCTTTTATTTCTCACATTTTAAATCCAATTTATGTTAAA ACGTGAAATTCATGAGTCTGATCAGATGACTCAAGGGATGTTAAACATCATGGTTGATATCACTTCTGTTCATTTCATTACACAGGAAATGGAAGGTCGAGAGCATTGCC TTGTGGGATACGGTGTCTTGTGCAGTGGGCTCTGTTGCAAACAGGCTTAGCACAGGTCTTCTGCCAGTATTTTAAAGTTATTGGTTTTTATTTATTTTATAGGATTTTATTT ATACATAATTATTAATATTTATTTATATGTATTTATTTCTGTCTCAGAAAAGATCTCTGTTACCTGACAAACACATTTTAAATTGCTTATA
LG11	ref-39987	52.28			AAAGTGTTACCGATATCTTTGCAACGAACAC
LG11	ref-16632_24	52.734			AAGACTTGCGCTCTGCGCTGTGCTTGAACCTTTGGTGCAACAGTGATCTTTGCAGTTTATCAACCATCAACAGAGTTAGAATCCACAGAGATTGATGTTTTTAAAAAATGT TTATTTTATTTTTCATGAATTTGTGTACTCTTTGGGTGCTCAATGTTGATAGCATTATATACATTGCTCTGGGATATACTGAACATATTGAATCCGAGCCTGTTGCT[C/T]ACCGCTGTCTTGTAGCATTTTAACTCTTTTAAATTTAATTGAAGGTTCCGACACCAGGATGTTTCGAAAAATAAAATTAATTGGGTGTACTTATAAAATAGGCTGTAT TCTGAAAAGATTACATGAAATAACACAGAGCTTAGACACCGTGCGTCTAACACCGCATTACCAAATGGATGTCATCACTGCTATTTTGTATGTC
LG11	ref-30400	53.287			ACTGCATTAAACGAACGTCATGCTTTCGTTAT
LG11	ref-19610	53.907			GTGCTATGAGCGAGGAGGATGCACAGGTGCA
LG11	ref-64760	54.017			GGCCAAATACCGAGCTCAGTGCTTAAGCTAG
LG11	ref-45476	54.126			TGAACTGAGGCGAGTGCTGTGCTTAAGTATC

LG11	ref-14699	59.915	Chr13	16331554	CCATTGTGTTACGGCTCATCGGATATGTCTGTGATTGGCTTCAATGATCAACACTTAAAAACATTATGAATAGTTATCAATGACGCTCTTTACCAAGTGCTTAAGCAGGCA GACCAGAATTCAAATTTCAAACAGTATGTTGATCATTGTAGCCAATCACAGACATATCTGATGAGCGCGTCAACAAAATGGCCAGTCAGAGGTGTTACGAATCCAGTGCT CAAAGCATCACATTTTTAAAAATTTAGTACCGATTGGTACGGAAGTCGGTACTTTTGACAACTCTAGTTGGAATAAAATCTCAATTTACAGGTAGAATATTTACAGGTGCTGGT CATATAATTAGAATATCATCAAAAAGTTGATTTATTTCACTAATTCATTCAAAAAGTGAAACTTGATATTTATATTCATTACACACAGACT
LG11	ref-61509	59.946			TCTTGGGCGATTGCGGATTGAGAAAATGCGCAAGGCAGATAGAGAAACCTAATTTATTTGATATATTTGTGGGCAAAATAACGACATCTTTTTGCGTTTGATGACCTGAT CAAGCGCTAAATCTGTAAGTTTACGACGCCCGCCTCCTCGTCTGTTTCATGGCAACATCAACTTCGACCGCAACTGCATCGTCCGTCATATCTGTTTCATTGCTTTGTAAAC TCTCTCAATTTGATCGGTAATAGATTAATGTCGTAATTATCCGATTATCCCGTAAGGGTCATATTGATTACGCTAGCATCACCGCAATGTCTCTAGCAAAGGACACTAT TTCGCTAAAAGCATCGTGTAaaaaaatGTGGTAC
LG11	ref-53266	60.334			TACAGACAGAAAACCAGATGAGCCCAGAAAGACCAAACCTTAGTAAACACTATACTAATAAAGCATAATATACAGAAAAATTGGTTTGTGCCAAATTTGATCTTTTAATATC ACTTATAGGCTACATTAAGCGATGTTAAACGTTTTCTTTATAACAGTTTTCTGAGGAAAACGCTCGTGAATTTAAACACGTTGCGTTCACATTATGTTACGATCGTGTGCT GTAGAGACGAGGCGAATACGGAAATCCACAAACATATGGGCTTTATTAAGGGGAGGAGATGCACAGCTTAACACATATAGATCAACATTAAGAACAGACGAGGAGTG AGGGAAAGTGTCATTATAAAGGGAGTGAAGATGATGAGGTCCAGGTGCAGGTGATCAGTGATGATGGGAGAAAGACGAGGAAGTGAGTGCAGGTGTGG
LG11	ref-60163	60.369			AGTCTACCAGTGGCAGCATTTACAAACCTCTATTTGTGCTTGTCGTGATAACAGAAAGCAGAAAGAACTTCAAATATAATTTTGGTCATACAGATAAGAGCAATACATC ATTGGATACTGTAAAGGTTCTAAGGATACTACTTCTCCAAAGGATTATTTGTGTACATTCACAATACCAACAAAAAGCGCTTTTGTAATAAAGAAAAACAAATAGGGTGC ACATTCTGCCAACTGTTTCCATTTCTCTGGAACACGTCACAAAACGCTTAAGTTTCCCTTATTTGCTTGACACTAACACTCATGCACTTAGACACAGATGATAATGTTTTT TGTTTTACATAATCTTTTTTTGTTAATCAATCAACGTTGATGCAACCATGCAGATTTCACTGTTCTTTCATTTGTCACGGCTTTAAGCCAGTCATGA
LG11	ref-19860	60.869			GTTTGTCTGCGACCTGGGTGCACTGCAGTT
LG11	ref-67397	60.943			CATAAATTGTCTTTCTAAATGTTTCGTGTTAGCTTGTGCTAATGTACTGTTAAATGTGGTTTAAAGTTACCATTGTTTCTTACTGTATTACAGAGATCAGAGACATGTCAT TATTTTCATTTTAACTGAAAACGCTTGCAGTCTGTATAATTCATGAATGCATCTTCATTTCTTAAGGGAGTCTCTCTAACAGTGTAGCTTTAGCCCCGATAGCCATGCAGCA CACTATTAAACTCATTGAGAATCGAATTTTAGCAAACCTCCACAAAATACATGCCATACTTACGTGATCTGATATGCTGCATCACCAACAGTTTGTAAGATCCATTTTGGG AGTTATATTAGCTGTGTGAACCTCTGTATTATTTATGCAATGTTTAATAGAGTCGTACCCGATAGTGTTAACAAAAGCAAATGCGACATAAAA
LG11	ref-31151	61.03			CTAGCCTGCTCGACATTATTGCTACTGGCAT
LG11	ref-35781	61.647			AGCGTTAATACGATTACTTTGCGTCTATGTC
LG11	ref-7912	62.287			GTTGTCAGCGCGAAACCTATGCGCGAAACGC
LG11	ref-52917	62.367	Chr4	70063281	AGACCATAGAACCGCTTGCGGGAAAGTTGTGAAATTTGGCACACAGTTAGAGGACAGTCTGACCTTTGTCCATAGCAAATTTGGAGTCTCTAACTCAATCCCTCTAGTGCC ACCAGCTGTCCAAAGTTGCACCTTATGTTTATGTTAATAACTTTTGAACCGTAAGGGTTAGAAACAAAATTCCTTTTTCTCTGATTTCCTTGGGTCAAGACGAATCGATTGCA CAACTGTGTCATGAAAATTTTCCGCCATTTGAATTTTCTGTAAAACCTACTTTTTGAACTCCTCCTAGGCTGTTACTCCGATTTTCAGAAAATTGAACCAGATCATCTT CGGAATTCAAGTCGATTCTCAAACCGTTTTCGAAAAACACACAAATGAATTTTACGAAGCGCTTGCAAAAATAAAAAATAATAAGGCTGTATC
LG11	ref-25359	62.428			CACTCTGTTGCGACTGGTTTGCAACCTTGAC
LG11	ref-69658	62.553			GGAACACAATCTATAAGAGTCAAAAAACATGCACAAATCCAAATTAAGCTCTGTGGCTCGTGACGACACATTGATGTCCTAAGACACGAAACGATCGGTTTGAGCGAGA AACCAAACAGTATTTATATCATTTTTTACCTCTAATACACCATGTTCAACTGCCTTGAGTGCACGCACGGCACCTGGTTCGTGAGGTGTGTTTCAGTGCACAACCTCGGCAAAA AACAAGAGTGCTACAGCTGTTCCGGCCTGGAGAACATGGCGGACCGTGACAGCTTGCTCAGGGTGGGGTCTATGCTAGTCCATCAGCAGTTTATTCAAATAGCTACCTA CCTATAAACCGGCTGCAAATTGAAAAAGCTCGCTGG
LG11	ref-60753	62.809			TACCTGCCAGCGAGGTGTGTGCTTCTGCTAT
LG11	ref-46981_31	63.485			GTTCGAGTGACGAATCCAGTGCAATTTGTCT[C/T]T
LG11	ref-46981_16	63.576			TTCTCACACTTGAAAAATGTGCTTCATTTGAATTAATGGGTGGCTCTTAAAGAGCCATTGTTGCTGTCTTAAAGGATATTTGATGGTTTCAGCTTCAGAGTTCTACCT GCAGAGCTTCTCTGAGGTTGCTCAGCAAAGGCTTATTTCTCCCTGGGCTCAAGTGGACTCCGTCTCTGATCAGATGAGACAAGTCGATGTTTCAGTGACGAAT[C/G]CAGTG CATTTGTCTCTCTGCCAAGAAGCCTGACATCGCACTTTGTAGCCACTGCCGGCTCCATTTCGATGCCGTATGCAGTTCTAGTAGCTGCCCTTACCAGTTTACAGCTGGGCAG AATGAATGAAAAGACAAGCCTGGTTCTGGGTAACATCCTGAAGATTTACAGCCAGGTCTGTCTTTCATTTCTGAAGGAAATCCAGGCGGTTGCGGCCCTC
LG11	ref-65363	65.017			CATCAAATGACGAAGGAGATGCCCACCTGCGT

LG11	ref-16487	65.234			GTGGCGGGCCCGATTATGCTGCAGGCCTTCT
LG11	ref-34968_24	65.758			GAACTAGAGCCGATTGAGATGCA[A/C]CCAGAGAT
LG11	ref-1889	66.21			ATAACTGATTTCCTGTTGTGGTCTTGGAAACAATTGGGGCCAACTGAAATGTGTATGTTTTGAAAGAGCTAGAAGTTTAATAGGTTAAAGGTTACTCTTTTTTGCTATGCAA TGCGTTGCACCTGCGAAATACCTACTGGTATTTCCATTACCTTGCTGATTCTTTAAGATTATGTCTGCACAATGTTTCGTCCTGCCAGGTGCAGATGGGATTGGATGATAGG CATGACCGGTGTCCGAGCTGCCTAGGCATAGAGCATCTTAAGGAAGCTCTGGAAGGTCCATGCATTAATTGGAGTATGTTGCCCTAGCAATACGACGCGCCCGCTCGCA GGGATAAGTATGAATCAGGAGGGAGGTATGAAAA
LG11	ref-18091	66.649			GTTTTGCTTCCGACACCCATGCATTTGCTAA
LG11	ref-21918	67.273			TATTAATGCGACTTGAGTGCCCATCTCAT
LG11	ref-48639	67.331			AAATAGAAGACGACGCTGCTGCAATCGAGAG
LG11	ref-66020	67.725			GGGGGATGGACGAACTCACTGCCAGCTGCCT
LG11	ref-12180	68.185			TCTGTCATCACGAGAGGAGTGCTTTCGAGGC
LG11	ref-17979	68.238			GTGGAGTTAGCGAAACTGATGCCTGCTGTCC
LG11	ref-2955	68.35			TGAATTGCAGCGATCTCTTTGCTTCCGCTAC
LG11	ref-33950	68.644			CTTCAGTTCCAAGTCCACCAGCATCATTTCTCTGTGTATGTTACCTATCCTGTTGCATCCCGCTCTTATCCCTTGCTCTGCAAATAAAGACTTGTTAATTGGTACTCACC TTGTCTGTCTCTTCTGTGTATGACAAACGGAGCCTGTAACTCAAAAAAGGCACAGTGCTTCCGCAATTGGTTCGGATCGAGGTCAGGTCATGTTACATCTCAAACAAA CCGTACCAGAGTTCGTTTGGAAACGAGACCGAGACAACCTCTTCAGCTGAGTCTCGGTGCGGTTGTTTGGTCCGCACCCAGTTGCTGTATTACACCTGCTCAAAAGATCCG CACCAAGGGGGGAAACGAACTTCAGTTTGAT
LG11	ref-2537	68.799			AGTAAGCAGACGACGTAATTGCATGAGAATA
LG11	ref-12879	69.031			GATATTGAATCGAATTGCATGCTTGTGAATC
LG11	ref-27094	69.223			TTCTGCCAGACGACCGTACTGCGCAAGTCGA
LG11	ref-25658	69.386			GATTTCAGAGCGAGTGGTGTGCTAGAGAAAA
LG11	ref-68296	70.07			TGTCCTTCGGCGAGCTCTATGCACCACTCCA
LG11	ref-56911	70.518			ACACCGAACCTAAAGATTTTATGAAGTATTGCCTATTTAGAGACGGAACCTACCAAACATCCAAAACAATGCTGTGTGCTGAGGTAAATGCGCTTGTGTGTGTGCGTAGT CTGCATATGATGGTATTTTGGCCAGCTGGGAAATCGGGAAGAGCTTATAAAATGTGTAAAGGAGTCAAAACAGCGGGGGAATCCATCCATCACACACGAATGATGTG CTGCGTGGAGACGTGTCTGACGTCTGTGATGAGCAAACCTCGCGACTATGACGAGAAAAAACTGATATGCGTGAGGATTCTGTCTTTTTAGGGTCTCATCTTCTGTTTTG GTTTCGTTTACATGTCTTTGGTCCGTGTTGCGTTCATATATCATTCGAACCGCACCAGAGTTCGTTTGAAGCGGACTGAGACCCATCTTCTCAGCGGT
LG11	ref-41788	71.739			CGCCGTTAGCATGGCGCGCTAGCTGCTTTCTAACTGTAAAACGAGCTGCGAAAAGCTTACAAAACCTACTATAAAACAACCAAGCGGACCCACAAAACAATTAGAGAAGCGA TTAAACAGCCATTTAACTTACCATTCAAATAATAGTTGCTTTCATCAGGTCCACAGATGTTTTCTACGTGCAGGGTTTCTGTCCAATCCAAACAGGAAACGAATGTGATGC TTGACTAGCATGAAGCTTTGATTACCATACGGATAAACGTATGCGTGAACATATAAATAGGATTTAAATAGATAAATATTACAAATCTGTAATATAAGCTCGTGACTTAA CATGTAGGCATGTTTACATTAATCACAAATATGCTAACGAGCTGTCTGTATAAAATCATGAGCAAACAGCTTTCAAGTTATTTTCACTAAATTATAT
LG11	ref-38783	71.814	Chr3	52435274	GGCATTTTGTCATAGAACCTGGAAGCGCTGCAAAGAAAAATAGCATAGGAGAATGACAGGGGAGAGACAAATTTGTTGAATAAAGTCATGTTTTGTTTGGCACACAGAAA GTATTTTCGTCGCTTCATAACATTAAGGTTGAACCACTGTAGTCACATGGACTATTTAACAATGTTTTAATAACTTTTGGACCTCAAAAGGTGCAACAATGTAGCTGC CTGTGTGTGATTAGAAACCCCTCGGATTTTCATCAAAAATATCTGAAATTGTGTTCCCTACAGGTTTGGGGCAACATGAGGGTGAGTACTTAATGACAGACATTTATTTTGG GGTGAACCTAACCTTAAGGATATTACATTGAATACTTACAAATTAGATACAACTGTTACAAATTAGATACAACTGTTACAAAATCTAGATACATGT
LG11	ref-23282_15	72.108			AACCCATTTCAGCTTCTGCATTGCAAGCGCTACATCTGAAATTGTCTGTTCTATTTATTGTTGTCTGTCACTCATATATAAGAGAATACTATGGCGAGCGAACAACA ATTTAGGAAGTGTGTTTCATCCCTGCTCTCATTTTCATTACGGGTGGGGATACACACCAATGTGTGTTGTTGTCTGGGAGTGCAGCACGCCCAGCTCTCGAG[G/T]GGGCTG CCTGCGAGCACTGTGAGCTTCTCCCACTTGCGTTCCCTCATGGCTCGGGTCCCACTTCTGCCAAGGCAGAGCGGCGTCTCAGGTCGTGGGGTTTGAAATGGATGTGGCAGA GGGGTTAGAGACGGGCGCTGCCCTATCTCAGCCTTACCTGCCGCATCCAATGTGTAAATTCGGAGTCAGGAAGCACGCGTTGCGGTTTCTTCCGCTCCG
LG11	ref-61472_4	73.232			CCT[C/T]TGTCGGCGAACGGCATGCTGGAGGTGAG

LG11	ref-61472_15	73.388	GCAGAGTACGCCCAAAATTCCATACAGAGGGCCGCTACGGGATTAACCTCCCTTTCAATGCATCCTGGGGTTTCAACCTCCCCTATTTCCCATGGTCAGGAGAACCCACTAAT GTTCTGTCAGTCAAGCACTGGTTGCACAGAAGTGAAGCAACCTGGAACAGGGCCACACTCACCTCCAGCAT[C/T]CCGTTGCGCGACAAAGGGAACAGGCTGACCGCCAT CGTCGTCTGGTCCGGTATACAGTCCTGGCCAGTGGGTGTGGCTCTCTACCAGAGACTTACGTCTCAGACTTCCCTGCAAAAAGCTCAGTCCAAGGTACGTGGGTCCATTTA AAATAATTCGTCAAATTACACCCGTTTCATTCCGCCTTT
LG11	ref-15177	74.423	GATAACAGGCCGATAACATTGCCATTGTCAC
LG11	ref-24159	75.684	TAAACGAGTTCGACACATGTGTCAGTACCCCC
LG11	ref-25242	77.541	AATAAACTGTGTAAATCACGCGAGCAATACTGATATTGTAGATGCCTTTTCACACTATATTAACGTTTTCTCACAGAGGGTTTGTGAAAATCGCTCCGTGCAGCTTTCTCTG TCTCTCTCATCTGCTCGAATGCACGAGCCGTGTCATGTGCTCTCAGAGCGGCAGCCCCACGGGCGCTGCATGAGACTCGCGAGAGTGTCTGTACTCATTAACTAAGCATC TTAGAAGCTCTAAAAGTATGTCATGTTTTCAATTGCTTGTATATTAATACAGTCGCTAGAATTGTTTCAAACCTGGCAAGCTTTAAAACCTCAGAAATGACGAACTGACGAAAC CGAAAGTGAACGCATGAGCCAATGTTTTCTTATGT
LG11	ref-14459	77.77	AATTCCTCAGCGATGATGCTGCCGCCGGGGG
LG11	ref-17977	78.203	TCTTGTGTTCGAGCCCTGTGCATGCCAATG
LG11	ref-20697	79.797	AATAATGACTCGATTGCATTGCACACACCTG
LG11	ref-39034	80.181	AACCGTTTCGCGAGGGGTATGCCAGCCCTGA
LG11	ref-52736_15	80.368	TGGGGGTGGTAACTTTGCAGGAATTAATTTGATTTAGCCTGATTGGCAGCATATTCAATCTGGCTTGCTATCGTAACAGCTCTGTCCAGTGTGAGTCAGTTTCTAGTAAAAAG TCTCTCATGTACTTGTGGGCTAAGCACATTCTATACTGACTGATCGTGAATGATTTCGTCACTACTGGCAC[C/T]AAACTCGCATAAAAAACAAGCTCTCAGAAAGCAGCA TACTGTACAACTATCTTGTGAGGCGCGTGACAGCATTTATAGAAGGCGTGTGCTTCAGCTACTATGTTAGCTTTTGGCACCAAGTAGGCTTTCAATTTGTTAGGCAATGAGT AGAAAAATCTGTTGTCCCTGTGTGCCAAGGCAGTGTAG
LG11	ref-52736_4	80.368	TTG[C/T]TTTATGCGAGTTTGGTGCCAGTAATGAC
LG11	ref-53658	80.508	CAGAGAAACACGACAGGGATGCCACTTTTG
LG11	ref-39893	80.792	AAACAGTTCATGTGAGTACAGTGGTTTAAACCTTAATATTATAAAGTGACAAGAATACTTTTGTTCACCGAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAGCAACTTTATTCAACAATATCTA GTGTTGGGCGACTGAAAACACTGCTTCATGAAGCTTTATGAATCTTTTGTTCGAATCTGGTTCGGAGCGCCAAAGTCAAGTGATTTCGTTTTTAAACGAGGCTGTTACA TCATAAGTGTTACGAAATTTCAATAGTTCACGTGACTTTGGCAGTTTGATACATGCTCTGAGTTGAAACAAAAGATTTGTAAAGCTTCGAAGCTTCATGAAGCAGTGTTTTG AGTTCGCCCTTCACTAGATATTGTTGGCACAATATGTAATTTTTTGGGCCACTAGAGGTCACCTATTCAAAAAGGCGTAGCTTGATGACACCTTGA
LG11	ref-72763	81.372	AGAGTTTTCCCGACGGTACTGCTGATATGCT
LG11	ref-40027	81.659	CTTGAGTGGCCACTAGCTGGCGCCACATGTCTGTGAGTTGTAGGCCCTACAACTATGTGTTATGTCCCCTTTAAATGAAGATTGATCAGGAAGTCAATATTTTCAACCCA GATCTATTATGCTACTTGCACATCTAACTGTACTGACCTCCGTTCAAGGTCCCGCTGGGCTTTCAAGGCACGGTTGCCATCCCTGTCCCTTGCGTTGATGAACCATTTGCCA AGGGCTGTCTCCACTTCTTTTCTGCTCACATTTTTTAGCAGAGGGTTCAGCTTCAGGCTAACTGTGAAACAAAATAAACAGTTTTAAGTAGAGGATGCTCATCAGAGCATGA GCCTTAATCTATAAATGCAAGTTACATTAGCATAGGACAATGGCTCTCAAACCTGTCCTAGAGTACCCACAGCACTGCATGTTTTGTATGTCTCC
LG11	ref-22968	82.085	ATTAGAAGTAGATAAATGGATATGAGAACATATTATACAACATACATTAACAATAATCTCTTAGATATTTTATAATTTCAACTTTTTCATTTTCATTTTATAAACAGTTTATT AAACATGGAACTTTATTTTTATTAATAAAGGCTTATTTATGCTATTGTAGGCTAATTTTGTAATGTTAATTAATTTAGACCCATGTAACTGGGTGCCGATACAGATGCATC TTCTGATGAGAAACTGCGTGTGAAGTTACACGAAATTTTGTTCGCTAAATCGGTTTCATGCGCACTAAATTCGCACTTCCGCCAAAACCGTAATGATGCCATTTTGTACAGT GCACCCAAGCGAAGTTGCAGATGCGTCGAGTATAAATCAGAATTCATACCTTTGCGCAGTCGCCGTTGTACTATTCTTTATAACGACAGGAGGGC
LG11	ref-36629	82.652	TTTATCTGCCCCAAGTCACTGCACATTAGCC
LG11	ref-40190	83.561	GTGCTGCCTCCGACAGAGATGCAGCGTCGCA
LG11	ref-35645	85.003	CCCCTAAATACGAATAGGTTGCCGAATTTAT
LG12	ref-38316	0	CTCGATCGATCGATCTATCTGCCTATCTATC
LG12	ref-20287_18	0.156	ACATTTGACGCGATTAA[C/T]GTGCCAGGTTGGGG
LG12	ref-53136	4.468	CACCTATTGCCGACCACTGTGCATTAGCTCT

LG12	ref-19508	6.516			TGGGCGGCGTCGATATGTTTGCTAACAGTAT
LG12	ref-41672	12.229			CTAAGATCCTCGAACAATCTGCCGACCATGA
LG12	ref-50236_25	15.041			ACACAACCTGTGTTACATACAGATGTACATTATGACTGTAGATGTGTGTCTAATGTAGTTCTGATTGAGAACTGTTATCTCTGCAGGGTAAACCTGGCCCTGCTGGACTTCC TGGAAAGCCTGTGAGTATCTCTGGATGTGTTGTGTGTGCGGATCTTCTCATGAAGCACTGATTTACTTTTGTTTCATGCATTTAACTTTTACAATAGATGCCGAAATGGCTGCTT[C/G]CTCGTATCTCTGATGATTTGTCTGGCAATGCTTCTCTGTGACTTTGTATCAGTAATGATTCGAGTGTCTATGTTTTGAGCCCGTCCAGTGAGGACAGCAGACAAAAAAT ACATTACATTATCCCTCACGAAGACGTGAAGCTTTTTTGTGAAGATGCAATAAATAACATGTAATGGATACACAGATCATATTGTCCAAGAGGCTG
LG12	ref-58618	16.531	Chr23	37577122	TATGATATGATGTATTGATGCAATGTGTAGAATACCTTTATTTTGACACTCTCCACATCTTCACACAATGTCCATATATGCATTACAGCCTCAACGAGTGCTTTCTCATTTA AACTCACCTGGGCTCGACAATAAGGAGTGCCCTGCTGGCCCGCAACAGCGTGTAAGACTGTCCTGATCAGGGCAATGCTGAATAATTACGAAACTTACAAATCAGTTGCA CATGTTTTTAGCCTTGCAAATTTAAACATTCAAGCGCAACAGACGAAAAGAGAAATTATTTTGGTTCTCAAGCGCTGTGTGAGAAGTTTCTGTGCGCACACATCAGTAG CGTGCACACAGAAAGCAAGTTCTCTTTCACTACTTTTGTGCTTGAGCGGACAAATACAGACAAAATGATGTCTTGTGCAATATCCTAAACATAGTTG
LG12	ref-73123	17.168			GAATAAAACATATAATATATATATATCTCCCTTCGCCAAGTACATTTCAAACGGCACCATAAATGGCACGCAAGTTCCTGCTCCCTCCAAAGTCCCCACTTCAAGGGCTAT GCCCTTCGAAGGGAGTAGGGCATGCTCCCTTCCGTTTGGAATTTGCCCTTTGTCTGAATGTTTCGCTGCGCCTTGAGCTCGCTACTTCTGTACCATCGTGAGTCGCTCATC AAAATAAAAGTCCTTACATTGGAACTTAAATTATAGCGGCAGGTAACGAACTTATACATTATATCAAATGATTACCCAGATGTAATATTCATAAATGCAAATGCCCAT CATAAATTATACACAGCACCTATCAGGGGCAGAA
LG12	ref-9446	17.325			CCGGCCTTTCGAGACTTGTGCCAATTAAAA
LG12	ref-2807	18.839			GCATTCCCTGCGATCATGCTGCTCTAAGAGG
LG12	ref-35832_32	19.293	Chr23	10107767	TAGCCTAGCCAATGTGAAGGAAGTCCTCTTCTCTGCCGAGAGACCTGTAGATACGCAGTATGTGGCGGCTAACGACCCTACGGCATCAACGGTTGGGCTTGTGGTGCGACC GCAAGACAAGGATCCAGTCTGTATGTGGGCCGAGGCTACACCAGCAGTCACCCGCCGGTCTCCACTCGGCAACTTTTGACAGAGCCAGTGTTTTCCTACGAGGAAATGCG CAAACCTTGC[A/C]GTTGCCGACGCCCTCTCGGAGTACGATCACAATTTGTGCGAACCTTTGCGCGACGCAACCACGTCTACTTTTTATTCTATAGGCGCGACCTGAAGGCC TCACGGGAATATCGTACGTATGTGGCACGGGTTTGTCTGGATGATCAGGCATATTACTCTTACGTTGAGGTACCGCTAATGTGTCACTCAAAAGGAAGGAA
LG12	ref-2583	20.421			GCTTGGTACGTTTTTCATCTTCAAAACAAACTTGGGTCTTCAGATGACAAAGTTAAATGCCGTCTGACTAGAGCGCTTCCATAATGTTTAGCGTTAGGTCAGTAGATGGA GAGTAAACGTCTTTTGAACACATAGTTTGAACACATTTCGATCTCATGAGCGTCTACACTACGAAAAGCAATCCGGTCGAATGTGTTTTCAACTACCTCTGGAAGAGGTGCG AAAGTGGAACAGCTCAATGCGTTTTAGACCCCGTTTACACCTGTATTAGTGTTGTGCCACTTTTGGTTGTGATCCGATCAACCAAAACACATCTTAATACCAGGTGGAACA GGGCCTTTGAAAGGTTACGTGTTGACTGTACGC
LG12	ref-40189	21.006	Chr23	10148831	TGTTCAAGTTTTGTAATGATTATCAAAATGGCCCACTCTTTGATTATTTCTTTTAAATATAAAATTATAAAAATAATGTAGTAACCCAGAAGTCAGAGTCACTGATACACCGTCAT CCTCTTATGTGTGTGATGTGAAACGGGTCTAAGAGTGAGGTTAAAGGGTAACTAGCGCGCGTGGGCTGATAAATTTTCGATTTCTTGAATGACAGCCTGATGCAGATGCC CAAACGTGCGTCCTTTGTCTCGGATTTGAGGGCAGATGCGAGGGTCTGTTGGACAGTGTGTGAGAGCTCTCGCTGAGAGAGGAGGCATCTGCTGTGCTTTTCAGAGAC CACCTCTTGTCTTCAGCTCCAGTCTCCATCTCTTTTCAGCCTAGGCGGAACTCGTCACCCCTTCACATCCTCGCTTCTGCCCTTTCTCACTGTG
LG12	ref-72246_14	22.364			ATCTTGAAAATCCTGTTGTTAGGATATTGCATAGACTTTTAATTTTATTAAGAGGTCATATTATGCCCTTTTACAAAGTCTTGATTTTGTTTTTGGGGTCTACTAGAATAGT TTTCATGCTTGAATGTTCCAAAAAACAACAAAAAACACATTTTATTAATATTAATAATCGCCTGCTTCATCACAGATTGCGACATGCCTTGTTCGA[C/T]TGATGTGC GTTTGAATAAGAAATGCTTGCAACGATTAATAACTTAAATTTGCTCTGTACCTACAAAATTATATACCACCAGAGAGGACTGTGACTGCAACACATCATTTGGACTA CTTTTGATACCCTTTTGACATTTTGCCTAAATTAAGTGTGATTACCTTATCTGTCTGTTATGTTTTCTTTTATAACTACATAGGCTATTTTAAAGA
LG12	ref-72246_4	22.802			TGC[C/T]TTGTTTCGATTGATGTGCGTTGAATAA
LG12	ref-42882	22.832	Chr23	23616248	ACCACAACATGAAAAGGTGTAAGGACTCCCAGGGGGGTCATTGCGATCACTTCCAGCCCCACCCAACATTGCCCCGGCGTTTCCATTCAAGCCCTTTTACGCTCGTCT CCTCCCAGGGCCGACCAGGAGAGATACAGTTGCATTACCCATTGTGTGGCAGTGTGGTGTGTGCAGGCATGCTATTCTCTCTCTACTGCGAGTGACCGCTGTGATCTAATT ACTGGCAGGAAGATGAAGTCGTCCCTCTTTCCAGCCCTGATGGCTGAATTTGCTCTCAACAGCGAGGCGCAAAGGCCCTTGCTTATCCTTTCAAAGTTAAACAAACA GAGACGTGATCCAGATTACATCAGGAAGGTATAA
LG12	ref-58574	23.341			CAAGGAGATGCGATAGTGATGCCTGTACCGA
LG12	ref-58009	23.482			ATTGGCAGCGCGATTGTAATGCTTTTTTCCC

LG12	ref-36248_32	23.731			TCTCTTCACCCATCTCTCCTCATAATCCTTGTCTATATTCCATTTCGTATGTGTAGTAACACATTTCAGCATCCTCTCAGGTTTGTGAATGTGTGATGATGATGTAATTCTCGCCT GAGGTGCCAATCTATTTGGCCAGCTGATGTACCTGGCGAGGCTAAATTTAAACCTTTGAGTGCTGGCATGATCCTCGCTAGTGCAC[A/C/T]TATGACAAATTACTGTGTAAT TCACCACACTCTAAAAATACTCCAAATGAGACTCACTTAAAGGGTGCAGACCAAACCTCAGATAAATGAGTCTCTTTAATACTTTAGGGAGCTGAAAGACCTGAAACTCA GAGTCAACGGTTAAGGGGAAGTACTACAATCCTACGC
LG12	ref-31359_23	24.393			TCATTGGTGAATGTGGTTTGTAAATCCTCACTTTTCTGTAAATTCATTTTCAGTCAGTCTGTGTTTCAGTTTGATTTTCTACCCAAGTCGCTGTCTTACGCCACATAAAACAAAA CATGTTCAGACGTTGTAGGAAATGCACAACCAATACAGATATTCCAGAAAATAAAAGAGTGCCATGAGCAAAACAAATCG[C/T]ATTTAAAGAGTTGCAATACACAGTGAAT CATTTAGATCAGATACACAAATAATCAGATTTAGACTGACAGTGTGAACGTAGCCTAGAAGGATGCACCTTACCAGTATGATGGGGTACGTACAGTATTTGTAAAAATCTTGACC ATGTTGATGTTAGCAGCTAGCTAAATTAATTACCCTAAA
LG12	ref-25253	24.937	Chr23	14290930	GCTAACCGGCAAAACACTCCTTTAATTAAGGATGTTAATGTGTTCTAAGCAAGCGTTCCTTCCTGCATTAATGAGGCCAAGCATTCTGCTTTGTCTTCCTGATTGTTTATA ATGAAATGACCTCCTGTTCCCATTTCTCTCCCACTACTTTGTACAGTAGAAGTAAATAGTTTCACAGTGCGCTATGGTCGTACAGTGACCCTAAGGTCAAGACCTCACTCTCC CTCCTTTTATACACACCCACGGACCTCAAAAACCTCTCACACACACACATAAATACACACACACACCTGGAGAAAAGAACAAAGCGTCCCTTGTGTAGGAGCACAGAGG CTGGGTGACAGCGCTTAACATGATGCTGATATTTT
LG12	ref-32031_15	25.541			ATGAACAGGAACTCACCAACAGCAGGTCACACAAACAAAGCTGTAGACAAGGCACAATGGAAACATGAAGGCTATATACACACACAAGGACTAATTACATAACCTGAAA GCAATCAAACAATGAACCAATCAGAACAAAACGGATGAAGCAAAAGTAAGCACACGACGATCACATAAGGGGCAAG[C/T]GGATCGCATGGTGTGACAGGAAACAAGACT ATGAGAAACTTCAAAATAAAAGATGTGAAAACAAGAATGTAAAACGAGCAGCTCCAAATGCCAAAACAGAACCCACCCAAAACCCAAAACACACAAAATGTCCAGGA GGGTAGTGGAGCAGAGGAGATCCAGAGGGAGAGATGGAGGACCAGG
LG12	ref-56517	25.981			GATCATGGTGAGCCGCAATGGCAGGGTGGAAGGAGAAACGCATACTCGCGCAGGTCCCGCAGCCAGCTGTGTGCCAGAGTGTCCGTGCCAAGAGTGCCCTCGGTCAGGG AGTAAAACAACCTGGCAATGGGACACTGGAGAGGCAAAACAGGTCCCCGAAGTGTTCCCAAACCAGCTGAACCGACTGGGGATGGAATCTCCACTCCCTGGGGCGAGACTG CTGCCGAGAAAACCTGCTCGGCTGCAAGATTGAGCTTGCTTGGGATGTGAATGGCACGAAGATGCTTCTGACTCCATAAAAGGAGATGGCGGGCGAGTTGCGACATGCGAC GGGAGTGTAGACCACCTTGACGGTTGATGTAACAAATCCTTGTCACCAAAAACCTTTTTTATTTCTTTGTCTATGTATGTATTGAGACAATCAACTGTTTTTGA
LG12	ref-21095_18	26.11			CAGACATATCCGATGAG[C/T]GTGCGAACACAATG
LG12	ref-15806_16	26.47			GATTCGTTGTTCATGGATCAAGGTTGAAACGCTGATACGTTGATAATGCAATATCGTCTTATTTTCGATCTTGTAAAAATTTTCAGTGTTGAAAGTATTTTGTTAACCTTTTTAC ATTAATATTACACCGTGCAATTGTCTGTCCACACCAGATGCGACAAAATCAGTCAAAAACCACAAGAGCACT[A/G]CACTCGCAACAAAATGGATAAGTAGGATACATAATC AAAATAATCAATATTACACCATTTTGACATTATTAATAATACATACTGAGTGACTGAAACAATCTTTGTATAGAATATGCTTCACAATGACTTGACAGTCTTGTTCCTT TCATTTATTTCAAGATTTATTTTCATTTTGTGTAT
LG12	ref-42381_2	26.581			GGATTTTTCACATTACTTGCTGATGAAGGAAATGGAGTTGTACATCTGAGAAATGGGATTTGTCATTCACTTCTGTGTGGCTCAGGGCATTGCTGGTGCTACGGTCCATGAC TTCTTTAACTGGCTGTCTGTTGTGGTGCTGTTGCCTCTGGAGGTGGCCTCAGGATTCCTCTACAGGCTCACAAACTTGTGATCGATT[C/T]TTTAAATCGAGACCGGTGC AGACGCTCCAGAACTGTTAAAGGTCACTACTGAACCCCTCACCAAGAACATCATTGAGGTGGGGTACCATCAGTGCTTATGAAGTGGACCTGTTTATTTATCTAGTAGGG GTTATTACTCAACTACATCTGTATCGGGCAGCTGGGTGTTGCCACTCATTTGCATAAACTCTGTGCACATCCAGTATTGTTATTGTCCTATAAAATTA
LG12	ref-18496_29	26.745	Chr24	33565479	TTTTGTCAACTTGTTTCCTTTCCATTAGGACAGGTTTGTATTTTTTTGTGTTTTTGGAGCTGACTGATCGTAGGCCTCATTGATTGCTTATGCTTTTTTAGGCGAATA AGCTTAAGTGAACTTTTTTCACTCAAACACACTGGCTATGTTTCCATCCACCTATTTTCATGCTAATTTTGGGGTATCACATAAAAAAAAAATGCTCGATGGAATGCCCAGA T[A/G]CGCATAAATTCTAAAAATGCTCATAAAAAAGGTATGAGCTCAACTGAGGTGGATACATTTTGTATCTGATAAGAAGACGTGCCTAACTACTACGGAAACACATT TACTGAATAAATCCCTCAATGTGCAACAAAAAAAAAACTGTATGACTTTGCCTCAACAGATGATGTGATTGGATAACTTGACTAAAAAGTGGACCA
LG12	ref-48124	26.85			ATACCAATGCCGATGCCAGTGCCTATACATT
LG12	ref-68635_25	26.979	Chr23	4764200	CAATGGTGCACCTCTCTCGCCAGATGACCGGTCTTGCCGCAAGTTGTAGCAGTTTCACCTCAGTGGCCTTGCTGCACTGCACCGCCACGTGACCAATCTCACCACACCTGTGAAT CAACACGCATTTTCAGTTTTCTGACAAATTCAAGCCCTTCATCCTGACAAATTCAGCCCTTCATCCGGCACTCTGTTCCGG[C/A/G]GTAGTAGTAGTTCAAAATGTAAACATG TTATGGACTATCGCTCATGTCATCCAAACGTGCGCTGATATCTTTCTGCTGAACGTTAAAAAGAGTCACATAGCTCTCAGCAACAAAATGAGTCTACAATTACAACATCC ATAGCATACACTCACATGGTGAATACTGTTCAATTC
LG12	ref-46676	26.998	Chr23	6186140	ACATTCTCACAGTTTTCAGGCTCCTCCATGTATGGGAGTTTCACAGGGGAAACAGCTGTCAATCACATGACAGACACTCCCTGATAGACATGTTAGACGCACAAAGTGTACA AACAGATGTCTACAATATGTTTCATCAGGTTGTCCCCATCAAGTTGTTTTATTTTGTCAATCGAAGATTTTACGTGTGACATTACATGTGTGCAGTTTCGATGTAGTTGCGT GTTGCAAAATGAACCGAGTCTAAAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGCCATTGAACCTCCATTAAACCTGATGCTGCATGCTTTCAAAGATCTGAGTGGTG

					AAACGGCAAAACCTTCCAGGTGGCATAGTGTGCATTCAACAGGATTTACAGACCCTTTAAAAACCAAGTTACTACATAACAGACATGCCTTTGATAC
LG12	ref-18362	27.051	Chr9	3291296	GGTAGGAAATACCAGTTCATATTTCTAAACATTCAATTTTGCCATTAATTGTAATAATCCAGTGAGATTTTTGTATGCACAAGGAGTCTGACAACAGGCGGTGCTCCACACG GAGATCTGATCTCACCATCATCGAATCTGTCTGGGATTACATTTTACACTAGTGCCTAAAACCTCTCACAGTACTGTAGCTTTGCAGGTCGGATTTACGAAAGCAGTGCA GGAAACACTGTTCACAGGGTAAAAAATCGATCTTGAGCTTTTAAGAATCAAAATTGTGACAAATGACATTCATGAATAATGGAGAAAATCCATATTTTATCTTTAAG ATCCACATCTGATGTGCAGACAGTGATGCAATTACCATGACTGACTTACCTCAAAGATCTCAAAGCCTGCTATGTCCAGCACTCCTATGAAGAACTG
LG12	ref-21235_18	27.215	Chr23	30307626	AGGTTAAAAATGTCAAATGTGCCATTTAAAAATGCGACTTTGCGAAACAGGTTGTTTTAACTTAAATGTTGCTACAGTAGCCTAATATTAATGCTAGAAAAGTCTATGCGCTTT TTTAAAAAGGCTATTCTATTTTCATCATTTAAATCCATTTTCAAATCTACAGTATCTTGACTTAGGAAGCAGAAT[C/T]GTCGGGTGAGTGGGCAATGCCACCTCCAGTTCCA GAGGAGGAAATGCGGTTTGGCCTGTACTGACCTCGCTTGACCCCTCCGCCCCAACCTCCCCATCCCATCACCCCTCCACCGCCTTCAGCCTGCGTTTGACAGAGGAAGATTA AGCCACTCTGACGAAGCCGTGTTTACAAATATGCGAG
LG12	ref-64302_32	27.385			GTCAACACGGCGAACCCGTTGCTAAACCTTT[C/G]
LG12	ref-64302_29	27.419			GTCAACACGGCGAACCCGTTGCTAAACC[G/T]TTC
LG12	ref-42767	27.551	Chr23	13787	TAAGAATCATATTAGTTTGGTCTAAAGAGAGACTGATCTACTTTGCGTTATAGTTAGTCTAGGGAAAGTGTAAGCACTTCCTGTGTCCACGATATTAAGTACAGTGGTC ATATGGATGCGACGTGTGTTTGGCGTGCACAGAAATATGGACGTATATGTGTGTTTTGGGTGGGTGTGTGCAATAAACTTGCTGATAGCTGGTTGTCCCTCTGGCCTTTAAA AACATGAGGCGTAACATTAAATCAGATACACAGAATCAGTACAAAGAAGTATCTTGAAGTATTCAAGTTTACAACCTTCATGCTGGGAATGCAGGTAGAATGTAAGTAA CTTGACAAGAATGCAACTGTTTTTTTGCTTCACTTT
LG12	ref-10630	27.697			ACACACCAGCCGACAGACTTGCACCACCTGA
LG12	ref-69651	27.851			TAACATTTTATAGCACAAAAAGTGGATATATTGTGAATATAGATTAAAAAGAAATTCGTGTTTTTTTAAAAACATTTTCATATTTAAGAAATAGTTGTGTTCCCAACTTTA TGCTGTGGTGGATGTCGAAAAGAGGGAATTCATTTGGACTAGGCTACTTTCTGTGTGTAAAGGTCATGCAGGTGATTGTTGATCTGGCATTAAACAGCGAATGATCTGGT GTTTTCAAGTGTCTACGGCTGTCCACATTAATCCGGATGCAAAATGGAAACACTCGCGTTTTCAAATGTATCCGGATTAGTGTTAAACGCCTCGTTATTGCGGTTCAAGTTTGCA GTGAATGCTGCTCCACAAGAACTGCATCTCCCCTTTTAAAAATACAACGCACAACCATCTCCCAAATTTTTAAAGAAAAATTTGTTTCAGAAACTTC
LG12	ref-25592	28.133	Chr23	6281352	TACCATTACATAGCTGACATATCCCGTTGAGCTGGTCACACCTGTGATTGTGTGTCCCTCTCCGGAGGGCTGCTTTGGTGTGGCACTGCTCGGGAGTAAATGAAAACCTTA CTCCCAATCTCCTTCCACGGGGCTTTTCTGTACAATGTGTGGAAGCTCTTGCGAAGTATGCGTTTGATAGGGGTTGTGTGGTCTCTGTGCACTGGTGGAGGCTGAAGTTC CGACCTGGGTTACAGGAAATTGGAGAGGAATAACTCAATGGTGATTGAGAGCCATGTTCTTAGTTGCATGGACATGTTTGAGGGAATGCTTTGTTTTTCAGCCATCTGTTTC ATCTCCATTGTATCATGAGCCTGTACTGGCGTG
LG12	ref-29468_32	28.173			TCAGAGATCTGTTGGCTTTTTGGGGTTACAACATAACTGGACAGTCAGGCAGCCAAATATGCAGCAACTCTCACTGAAAGGCTTATAAAACAAAAGCTGAGCTAAATATA GGCTAAAACATTGAAACTTTTACTAATACTATAGCCATGGAAAAATAATATATTCATCGTCGTTCTCTTTGCTGGTGTTCGTTGTCAGGTTT[A/G]CAGGGCAAACAGACAAA TAAGTGTTATTTGAAGAAAATTAAGGTTATGGCATTCAATTCTGTGCACTTTTATGAGCTTCCTCAGCTTTGATAGCAGTGAGTGAATTGTACTAATTTAGCTCTTTAAA GCTGAATTTCTGTGTCAGCAACATTTAGTATAGTTATCTA
LG12	ref-45409	28.329	Chr17	44530350	TCACACTTTCCAGATGGGGAGCACCATTTGAAAGCAGGACTTCCTTTTCTGACACATGGGGCCCTATCATACACCCAGCGCAATACAACGCCAGGTGCAATGCAAGTGTT TTTTGCTAGTTTCAGCCTGACGCAGTTATCGTTTTTCACGTCCAGCGCCACGTTGTTTAAATAGCGAATGCACCTCTGTTCCGCCATGGGAGTGCTGGTCTGAATGCCTATAGA CAGGTGCACGATGCACGTACACTCTGCTTGTTACACACACAGGGACACGCAGCAGAACACAAACATGACAAACATTACAAAAAATTTCCGTGGGGATTCCGATTTGGAC ATGCCCTAAATGCACCTGTGCCATGCTCTTTAGACC
LG12	ref-65080	28.986			TGGTGCCAGATATCACAACACACCTTCAGGGGTCTAGTGAGTCCATGCCTCGACAGGTCAAGGCTGTTTTGGCAGCAAAAAGGGGATCAACACAATATTAGGAAGGTGG TCATAATGTTATGCCTGATCTGTGTATTTTAAAAATGAATTGCATGCCATTTAGCAACACAAGTCATCCAGCTTTTTATTAATATGATATTCTAATATCGATCGACATTACTGCA ATGCGCAACAAGTGTCTCATATCAGTTTACACAAGTCACATGAGTTCACACAAATAAGTCAGATTGAATAAATGGTATGCATATTTGGCGTGCTGTCCAGGAGAGGGCTCC GAGCTCGGTATTTGGCCCAAACCCAGAGTATCCACCCACCCCATTTTCAGGTTAGGAAGTAACCAGGTGAGTGTGAGGAGACAGGATGGTGGAGGAA
LG12	ref-4515	29.42	Chr23	33166228	TGAATTTGAAATATTACCAAGTCGGCCAGGGGGAACCAAAATCTCCAAAATGGCTTTGGGATTTATCCAGTGAATCTGATCAACTCAGAGATGTCTGAGATGTGTAAATTA AGCAAGTATAGCAACACTTTAAGAAATAAAATTTACAACAACAACAACAACAATACTGCTGACTAAGCAATCTGCTCGGATAAAGCTATTAAGGAACAAAGAGCCCA AGATAGGACAATTACATTTTAAGGAGCCACTTGGGGACAATAATCTAGCAGATAAGTTTGAAAACTCTGGAAGAACATGACATGCCCTTCCATCGTTTTCTCTTGCTTTT CAGACAGTACATTGCATCTGACAGCCTTCAGACTGGC
LG12	ref-9033	29.666			AGCTTTATAACGACAGTAATGCGCTACCAAA

LG12	ref-30987_14	30.172	Chr23	24876719	CAATATTTGCTCTCTATAGAGTGCACCTCTTCTGCTCTAATGATGGGTTTTTCATATGTCTTTTCTTACAGTGGAAGCTAGAACAGCCAGTTTGTACAGTCAGGGGTCTTGC CCCTCCCCAAACCTCCTGCCAGCCCTTGATCAGAGCCATATGTAAACCTACAGGCTCGGCATCCTCGCTGTTGTCCGTTTATCTGTCCGATGAAAACGA[A/G]AGCCCTGC TACTTCCACTTTCCCTACGGGTTGATTTAGATGGTTCCCAAACGCTGATCTAAGATCAGACCTCATGTTCTCATGTTCAAGCTGTTCCAGTCCATATGATCCTCAGTCAGT TCTTGAAATGTTGTACATACTCTACAAAGCCAACCTGTGTTCTCTAGAATAGCTTGGTATCGTCAGCGGAGATGTTTCTTTCCAATATGAATTTTCC
LG12	ref-73386_28	30.353			CAAAAACAAAACAGTTGGAAATCACCATACATAATTTTAATGTTTTCATTTCTAACAATAATTGCTTTTCAAACCCAAATTTGATTCTTGACAATGACCGACTGTATAATGC TTTAATAACAAAGCAGCACAGTTCTGTATAAGTGAGCACTTGTTTTTAAAGGTCATGGTTTATGAAGCAACCATCTCGTTCCT[A/T]TCATACCTGTTGAGTATTAGGCAAC TCGAATACCATGGTGCTTACTAGTAGTCTGTTTACCAGTCAGTCCAAGAATAGCATGGCTGACAGTGACCAACACTTCGTTCTCCTGACTTCCTGTCTTGTGCATGTCAATA AAGTGTGCATGACTCATGATCTATAGTTAGGAGACAT
LG12	ref-59777	30.72			TGCTGTCATGCGATCTCAGTGCACGTTGCTA
LG12	ref-42667	30.878	Chr23	22374303	TGAGCGGTGCAGTATGAGATACAAAGGATACTGTCAATATTTGAGACCGTATAGGATATTTTAGTGGATCTACACAGGATAAAAATGACGTACTGAATCAGATATTAAAGC TGACTTGGCTATAACACAAGCTTGTTGACCATCACATCTAAGTGTACGATCCCCCTGGTACAGCAACATGGTGCAGGCACATCATAAATCATGTCTCGAACGAAGAGAGTG CAACGATCCTGCTGGATGTCAATTATAATTTAGAAATCACAAATTTGCAAGCCTCATTACGTTATGGTTCAGTTCATCTCTTAATGAATGAGAAAAACAAAAACAATTGGAA TTAAATAAAATTATTAATAACAAATAAAGTGTGCATGTGAATGTGTGTGTGTTAGCACTTGGACTGGACGTGTCGAAATTGTTTCCCCCGCCCGCAGC
LG12	ref-72485_30	32.637	Chr8	7897177	TGTTTGTGTGTAAGACAGTTCTGGGAGGTGATTATACCGAACCACTTTGATGACAGACTTTGCTCAGGCATTTTCAGATGCTGTGCAACGAGATCTGTCCACTGGTTGTCCCG GTTATGCGCTCCAATCGCAAAGTCACGTGACTTGTTTGGTGCACATCAAGGAATTTATTCGGTAAATGCATTTCCGTCGTAGCACAG[A/G]TTTTCTTATCGGATAAAAAAA TTTTTCAGATTCAGTTGAGTGCATGTTTATGTCACATCTTGGCATTTCATCCAGCATTTTTTTCGATATCCCAAAATGTGCATAAAAAATAGGTGCATGGAAACATAGC TAATGTTGTCAGATTTAGACAGTGTAAGTAAGTTATC
LG12	ref-26031	33.442			TATAAACGACCGAAAGCTGTGCAAAATGCAG
LG12	ref-54827	33.772			TGCAATTCTCTGGCGAGAGAGTTCCTTTGTTTGAAAGTGAACCTATTGTATGAGGGGAGTAAGCACTATACAATATACAAAATAACAATATACAGTAATAATACACAAAA TGTAAGTGGGAAATGCATGCTCATTCAAGCAAATTTGACATTATGGAGTCTGCATGGGTGAAGGTTTGGAAGAATAACTTTTAAATTTGTGTGTTGATTGATTAGATGCT ACACAGTCTAAAACCTTGTTAGACTGTGGCCTGTTACGCCAAGGACAATAACTATAAGGAAAATTATTTAGAAATAATCATTCTATGAGAATAGTGACGTCCACACCAC AGCTATAATGATAACAAAGGAAAATACAGTTGTAATCACTCACCTTTTTTCCATCTGATGAACAATACAAATGTTGACCGCGATCAGAATCAAGA
LG12	ref-60968	33.903			ATTTAAGTGACGACTTATTTGCAGGCAGGGA
LG12	ref-72798_23	35.349			GGTGTCAAACACTAGTTTTTATGAATTCTAACAATGCAGAATTTTGAGAACATTAACGTGAACGACGCTCGGGACCGTTGACAGGCCAGTGCTGCATCGTCATGAAAGTTT AAGCCTTGCCAATTTAAAAATTCAGTGCAAGAACACGCGGAAGGGAACTCAATTAATTACTCGCACGCTGTGTGGGAAGATTTCTGTGTGGAATCATCCGAAGCGCATG C[C/T]CAGAAATCCATGTTTTCGAACAGCACAAATACAGAATTGAGCTCTCTTTAACGCTTATTGCGCATGAACAGACATATTCAAAATTGTGAGAATGCCCGTCTTGGCAA GTATCCTTGTAACATAGTCAGTTATGTCTTAAGTGAACGTAAACAGTTGAGAAATAAAATGCATGTGTAACAGTATAATGGATCTGTGCGCTAGCTCTTAA
LG12	ref-62077	36.332			TGTTTCAAAGCAGCTTTACAGTGATAACAAGAAAATGATGCATTTTCGTTTGTGATTTCAGTTCCATTGTAAAGATAATCAATTATTTAAATTAGTTTCATTTAATAAAGCAGTTCT GCAACAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAATGATGTCATCGTCTAGCTCAGTTCAGTTCTCATACAACAGCGGCAGCACAGTCAGTTCAATAATATCGTTGAATATCATCTATCC ACCAACTAAACATGCCAGAGATGACAGTGGCAAGGACCCAACTCCATCAGGTGACCGAAGAGAGAAAAAACCTTGGGAGAAACCAGGCTCAGTCGAGGGGCAAAATTC TTCTCTGGCAAACGAACGAACACAGTGTGATGATGATT
LG12	ref-33457	37.859	Chr23	18680591	ACAACCTGTAAGCTGGGAATTTCTGAGAGCTCCTACCACCTGACTGCTGCAGATTCTTTTAGGTGTTGATAGAACGTCACGTTGTCATTTAGAAATTATGACATGGTGTGA ATGCATGATTTTAGACAACCTGGACAAAAAGTATGGGATGACTTCAAATATTGTCTTTGACAGTGGGGTGCAATCAATCAAAAACTAACATGTTTAAACCCACGGATATGCA TAAACCTAACCTATTTATAGAGGTAGGCCTACTGGTTTGGTTCTGCACTGATTTAAAGATGCGTATAAGAGAAATTGCACACAAACACAAAGCGTGTGATCTGCTTTGCAG TCAATATGATGTCAGACGAGTATTTGGTGGAGTGTAAATTTGATGATGATGATGATGAAGAAGATGATTATGATGTGAACAAGATCCACCCGTTCTCC
LG12	ref-36348	38.406	Chr23	40155476	ATAAATATTGATATTTATTATGAGCGAATGACCAATGAAAATCAATTTAAGGGTCAAATTATTAGAAATTATGTCTTATGGTAACAATAATGCAGTGAGCACGCATTATG TGGGATATCATAGGCATCATTTAGCAGACTCTTTTCTCCAAAGCGACTTACAAATGAGAACAACAGAAGCAATCAAAATCGACATGAGGGCAACAGTATGCAAGTGCCGTG TCAAGTCCAGCAAAAGTGCTTGTAGCAAGGATGTTTTTAAATAAATAAATACAGAAAGAGAGAGAATAGAAATAGAAAAAGAAAAAGTAAGTGCTAATATTACTGGGT CAAGTGTCAAGGATACTATACAGCCTTCAAAAATGAACC
LG12	ref-52294	41.227			TCCACCATCTGGCTTATGGACCTTAAAAAGCAAATTTTGAACGTGTTAACTTAATAATACACCAAAGAGACATATGCTAACGTTAGCCACAAGCGTGT

LG12	ref-32494_29	41.369	Chr23	40695925	GCAAAACATCCCTTATTTCTCAGCATTAACCTGGACACACAGTGATAGGGAAAAACACACACACAGATCAGTTTGTTCTGATTGTGTTGTTTACTGTCATGTCCATCAAACGCTGCTGATTAATTGGATTACAGTTGCATATGTTTAGCCTTGGCGTTCCATTACAGCCATATCAGCCCACCCACTTTACCTGTCTCTATTACTTTCTCCCGCGATACAGTTGCTGT CAC[C/T]GCCGCTGATGTGTGAAACAATATTGATCCACAGCCGGGGAGGCGGGCGTCCGTACAGCAACTTTATTGCTTTCTATTAATGATGCGTTTCATGGCCGATGGTAC AAGCTCTTACAATGTGAACAAAGACCCAGGGCAAGAAAGACTGTCTATGGAGATTTGTACTGTAAATATCGCATATGTTTAATTCAGTCTGGGCATGGG
LG12	ref-68133_26	44.651			ATGCAGCCTTGGTGAGCAGACGAAACTTCTTTCAAAAACATTAAAAAGCTTACAGATTCTAAACTTTTGACTGGTAGTGTATATATATATATATATCATTTGGTATGACAAA AAAGCCCAAGATGTCCCTATTAAACATACAGCAGGTCTTGAAACAAATAGACCACATCATAACATGTTTTCAGAAGTATTAGCAAAAAGAAACACAGTCGACTCCAGTGC ACA[A/G]CAATGCATTGCTGGCTGTCAAGAGGTTATAACATTAATCACCTGATGTCAACCCGTTCACTCCTGCTCACGTCCCTTGCAGCACTGAACACAGAGAGATGGAG ATCTGCCCTCTCCGATGACTCTTGGTGGGCGGCTGTGTGTTACAGGCCGCTGTGTGTTCTGTCGCACTGGCGCAAAAACCTGCACAGAGTGGGAACAACCTCC
LG12	ref-12606_24	47.172			TAATGATCTCATCGTTAATACTTCTCACCATTATTTTCGAGGGTATGACCGATTGTTTTCCATATATCCATTTTCTTTAAAGTAGCCGTGAAAAGGTTGTTTGACTTGTCAAA CATTGGTGGCTTTTTCTGGACCTCAGCGATTAACTTCTCTGCGATGTCTGCTGCCATTTTAAACATGCAAAACCCTTCGA[C/T]TCGAATTCGAATGGATTCTGATTGGCTGTC AGTGTTTTATCGTTCAACAGTTGGAAAAAATTTTTCTGAAAGTCATCCCAACTATATCGTTTCTCTATATCATTATAACTGTTGTGTGAACTCTGCTATTCTTTTATATTTA GAATGATTTTITAGAACTATATCTTTATTGTTAT
LG12	ref-10695_1	47.597	Chr23	40704604	TTAAAAGAACAGTTAGTGACAAATAGACTTGTTTAAAGATAGAGTCTGTATTATTGTTGAAGTGGTCGAGCTGTAGTGCAGTTTAGAGCCTCTAAAAATGTGCCGCATAA AAGTGAATGAGGATATGGTTGGTGCCAGAATTAGAAATGGTTTAACTGTAGCCTGTT[A/G]ATATGGATGGCAGTAACCTCGTCCGTACCGCTAGAAACTGCCCTGTAAA ATGCTCAATCACGCAAATCAACACGTTTTCAAGACCCAAGTGATTGACTGTTTCAAAGTGCTTAGCCACCTAAAAATTCAGGCCAGTAATTACATTTACAAAGCATAAACTT CGTGAGATGGCCAAGAGCAGTTTAAAGGAATATTGCAATAT
LG12	ref-21022	48.176			AGTTTTTTTTTTTTCTTTCTTTTCTTTTGTAGAGGTGCTGTTGTTCCGGTTAGAAACATTCACACCTACAGGAGAGACGGGGTCACTATGTACCCACTTATTCACATTATA TCATTACAGTGTGTCTTCATGGTTGTGAGCTTTATAATAACTTCCTTCTCTGTTGTCCCGTGAATATTTTAGAGCATTCAACAATAACATTCGATCAATCCTAGTGTGCAT TATCTACATCTAAGTATTTACATCTATACTGTCTGGTAAACCCCTTCCAAACGGATGAGGCGGAAGGTAGTTTTCACAGATGTGCAGACTGGATATGCTTATTTGAGGACAT AGTGCAACGTGTGTCTAAATCTGGTCCAGAACACAGCACGAGTCACAGCAGAGAACGAGAGGGACGTGAAATCATTGCTGGTGAGATTTAA
LG12	ref-23091	49.057			ATCCAGCCAACGACTTCTTTGCCGCTCTCTT
LG12	ref-10695_7	49.993			GCGGTA[C/T]GGACGAGGTTACTGCCATCCATATT
LG12	ref-53326	50.864			AAAAGGTGTCCGACAAGGATGCATCTTATCA
LG12	ref-15548_6	52.852			GAGCA[A/G]GTGTCGACATTACTGCAGAAAAATCAA
LG12	ref-70433	54.629			GCTGGATCAACTCAAAACCTGTCTATCCGGCGGTGGGGTTTTGCTGCTTGTGGTTGGCACAAACATCTTTCTCTCTGTGCCGCTGGTCGGATTGTGCTCACAGTGC GCGGG CACGTGTCTCGTGTCTCTGTGCGCTCA
LG12	ref-48140	55.762			TACTTCATAACGAGAGAAGTGCTGCACGCGT
LG12	ref-38317	57.984			CACAGAGACACGAGACACGTGCGCGAGCACT
LG12	ref-40303	58.578			ACTTATACAACGAGGGAAGTCCGAAGCTAA
LG12	ref-73381	63.039			CTATAACATAAAAAACAAAAACAATAATTTAAGAAAAATACAATACCTTTTAATTACCGAAACAATGTTAGAAAAGAAAAAAATCACTACCTGGTAACGATAGGCCTGAA ACACTGCTTTATCACCAGAGCGCACACAAACCACAGGGTGTGTAGACTAAGTTTCAAGCCAACTGGTTTTACACTCAGTTACACAGAAACCACAAGTCTGGTG CAGGGGAGAAGTTAACTTCACTCTGCTCTTTAGTCCACATGAAGCTGGAGCTTACCCTATCCAATCTATTTTTTTCTCGTGTCAAGAAATGTCTGCGTCCACATGAAA CCACTGAAACGACTCAAAACGATGTAGTATACATGCCAGACCAGTAGAAGTGATTTTTGCCGTTGACACTTACTGCAGATCCCACTATCGGATATGCA
LG12	ref-62521	65.993			AACTGATGGACGATTTACATGCCACTGATGC
LG12	ref-32385	67.021			TGATTTTTTGCGAGTACCATGCCTACACTAT
LG12	ref-39674	67.648			TCATGATGCTGTTGTGCGCAATGGAGAGCAAGTGATAGGAGGAAGTACATCAGCTCCTAAGGGGTCAAAGGTCATGTTCTTCTGTTGCCTTGAGCGATGAGAACTGCCGA AGCGCAGCGGCGAACTGTGAGGGCTCGTCGTGACGAGCTCTAGAAGCCCTCCCTCTTTAACACCGCCTCCACGTCTGCTTCGCTATTGGACCGCAACCCGAAGACCCCGC CCACACCCTCAGGCCCGCCACGAGTGACGCTTGTCTCCGACTCCTTCAGACGTTTGTGCGCGAGTCTCCTCCACATTCTCGCTCCGCGTTCTCTGTGAAGAGAAGAA GTGCAGCTGATTAACAAAATGAGTTATAGTTCTAGCTGGAATAAACTACACCGGTGTTTCAAACCAGGGGGTGAAAAAAGGGAGTGTGGGGTAAA
LG12	ref-24980	69.093			GATTTGGTTGCGAGTGCAGTGCAGTGCAGTG

LG12	ref-52663	70.92	CAACTCAATGCGATTGATATGCCAATGCAGT
LG12	ref-52882	71.615	TTCTGTGCAGCGATGGATTTGCAGAATGCTT
LG12	ref-73426	71.615	CACCAGAGCCCGAACGAGATGCTGGGACCCCT
LG12	ref-19630	71.722	TCCTGCGCTCCGAGCAATTTGCTGGCAAAAA
LG12	ref-304	71.776	TGGTCTACATCGATGCCTCTGCCACCGGGTG
LG12	ref-5749	72.13	ATAAGAGAACACGCCGACAGACAAAGTATGTGGAGGCAGAGTGCTCTAATGAAAGAAAAGAGGATGAATCAGAGTTATTTGGAGGGTATACAGTGTACACAACCTCAAA CGGGAAGAAAGGAATTGTGGTAAATGTGAATTTGGATGGAAAGTGCATGGACATGCAGCTGGACAGGGGGGCAGCGGTGTCGCTGATGTCAGAACTGTCATACAAGGAG TTCCTTTTCGCATATACCTTTAAGCAAAATAAGCATGCAGTAACTACATATTCAGGGGAGAGAATTCATTGCTGGGGTCCATTGATGTGCCAGTGAAGTATGAAAAGAAA AATGTCACACTGCCATTGGTCATCGTCAAAGGGGACAGAC
LG12	ref-58725	72.185	TCGGCAGATATCTGCTATCGGTATCGGTGGAGAAATTTAGTATCTGTGCATCTCTAATAGCTATTGATGGAGATTCAATATTTTACGTTAGATTTTGTGTCTGCAGATTTTGT TTGGCACAAAGTTCCCTTTGTCTTTCTAGTTAGTGTATGATAACATTCGTTTACAGTTACTATTGGCACATAGTTCGCAAAACAGTTTAATGTCGACTGTAAATATTTTGGCT GATTTGATGCTTTTCATCAAGAGAATCATGTTCTGAAATCTTAGGAACACATTTTACTATATTAAATCCATGATGCAGCATGATGAAATGTGTACAGATTCATAATTTCTTTT TGTGTGTATCTGGTTTACAGTGTTTGATGTT
LG12	ref-58216	75.438	GAACACGCCTATGTAGACAGCTGACTAGATTTTGAGACAGCTTCGGTAAATTATCTTTCGTTTCCTTGTGTTGTAGTTTCGCTTTTGTCTGGATCAGCTGTATGAGCTCTGG CTCAGACAGGACTCTTTCATTCTTCATCATAATCAGTCGTGTCCCGCATCGCCGCGAAAAATGTACGAGCTGGAAAAGGAGAAATTTGCGGCGCTTGAGCGATAATATCGCGC AGTTTTTACAACCGTCACTTATCAAAACCTTCATGACGACGTACTTTGATAAAGGTGAGTTAATGAACAAATATTAGCATGTAAACACTTCCTTAAAAATCTGCAGATAGCCT ATTTGTTATCTTAGTCAAAACATCCTTCAGTTGTCATTTCAGAAATATATTGCAATTGTGTTGAATGTGTGTTAAATAATCAGAAAGTGGCTGCA
LG12	ref-50189	75.657	TGCAGCTGGATAATGAACAGATGATGTGATTGTTTGGTTCGTAGACCGACGTGCAGATTCTTGCAACAGACACAAAAATTTATGAGTTTGTGAATTAGTGTTATTGCACACT AATACATATTAAGACAATTGCCAAGATGTGGAACAGAGAACACTGCATGAACAACAGCATCCCATAAATGCATTGCACTCGATTTCCAGTGTGAGGGCATCAGTTGTTATTT CTCTTTCTTGACTCGTTATCTGCAACGTTTGCTTACAAAACCTGAATTAATAAATGCAAAGTGAGCATTGTTATTTTTGAGAGGAAAATGCACCTCTTGCAAAAGTAATGTTTT GTACTACGTTTGAACCTTTTATGCATACTATTTT
LG12	ref-56893_26	75.854	ACAGAGACATCGATTTTGTGTCCAA[C/T]AGCTGA
LG12	ref-43938	76.576	AGAGTGCCTTTCAACCCTCACAATACTCAAATTTTGTTTTAAATTTTCCTTTTCACTTTGTCTTGTATGAACAGTAGACACTGTTAAAAAAAATATTTGGCTGAGCTTCCAC ACATATTTTTAGATAAATTATGGGCAATTATTCGGAGCATAAACCACAAGATGTGTCCACCCTGTGGGCATATCTCTCGTGATCGATCAAACAGTGTTTCAACTGCAGAAAG ACAAATTTACCTCAGAAAATCCATTTCAGTGACCATAAAATCATTAGATAACTAGTGATATCTTCATTAATGTGTTTGAATAAATCTGTATGTAAAGATATTACATCGTTGA TGTTTAGGCCTATTTCAAAACAAATTGGAGCAG
LG12	ref-49569_25	77.003	ATATCATCTATACAAACAAACAAACAAAAAAAACCTTTCATGATCATCTTGTGAGATTTATTTTATAAATAATAAGTTCATCCTTATAAACAGTCCAGCTAGTTGATCAA TGAGCCAACAGAACGGAGACGACACGCCAGACCAAAACACAGCGAGAATCCAGCACAAAGCCAAACAAACCAAAAAAAGAGAGGTTCTGTTACAGAAACGAGTGTGCT GCCT[C/T]ACTGTGCAACCCTCACTGAGATGGAACCTCATTAGTGACCCTTTGGAACACACTACATAGGGCACTGAAGCTACAAGAGATGCAACTCACAATTGATTATAA TAGTTTCGTGATAAAATACTTGTGATATGTTTAAAGTCATTGTTGTTATAGTTTACTAAGACTATTAAAAAAAATATATATATAAATATAATAAAATATACAA
LG12	ref-49569_26	77.003	GTTACAGAAACGAGTGTGCTGCCTC[A/G]CTGTGCG
LG12	ref-64390	77.432	TCACACGAGCCGATTTCACTGCATGAAAACG
LG13	ref-12968	0	GCGCAATTATCGAGAAGTGTGCGAGTACCCT
LG13	ref-15927	5.966	CAAGGGGCCCTATTGTAACAGTCTAAGCGCATGGTCTAGAGCACACGGCGCAAGTGCGCTTAGGGTGTGTCCGAGTCCATTTTTGCTAATTTAACCAGAGATTGTATTATT ATTGGGAGATGAGAGGGTCTGTATCTCTTACCATTGGAGAACGTGTAACGGCTAACTTGTATCACGTGCAGCACCTCTCAGCCTATCGTGTAATGGCAGTGATGTCAATGC CCGCCGTTCAAAGTTTTATGACAGTCAGTTAGAGTTTACGTTAATCGGTTTCTTGTGGATTAGCGCGCTGGTCTTGTGAATAAATGTTTGTGGAATAAATGTGCTTTACTGA GCAGAAAAGAAGAGTGAATATCTCTGTTAGCTGCAAAGTTCAGTGCAGGGCGCATTAAACCACATTTAAGAGTACACTAAAAAATTTCATTATAATTT
LG13	ref-40395	11.692	TTTTTTTCTGCGATACATATGCAGGGCAGAG

[illegible]

LG13	ref-959_15	25.965			TCCTATGCAGCGAA[C/T]GCAGTGCAGAGCTTCCG
LG13	ref-43811	28.315			ATCCATGAAGCGAATCTTTTGCTCCACCACA
LG13	ref-67275	30.538			CCTCTGGGGTCGACGAACGTGCTGACGCGTT
LG13	ref-57526	31.585			ATTCTACCAACGAATGGAATGCCAAGTCAA
LG13	ref-6120	31.951			ATCCCATATGACACGTGTCGTATATTCCAAGTGGTCTGGGGGTATACGATAGGGTTTTGTAAAATCAAAGTCAAATTTAATGAATTATTTAATAAAAAATCCTGATCTTGGCC GTTTGACTCGATTGCGTGTCATGAGACTCTATTAGCGCCACAGTTCCTCCGACTCGCCAGAAAAGCACACAAGTGGTGAGAAATCAAGATGAATAAAAAACACAACAT GAAATACAATCCGCTCAAAGTTCAATGCAAAGGGAGATATTTCTTTTAAAAAGAATTCTGTTTAAGGACTACAACAAACGGCTGGTAGGGACTACAACAAGCTTCTTCCT GGGTTAGTGACATCACTAACCCTAAAATTACATAA
LG13	ref-43520	32.625			CAGCCGAAATCGAACAATGTGCAGAGTTCAC
LG13	ref-24759	32.785			TAAATGACTGTTACCACTTCCTAGAAATGGAAGATTGCATTAACAATTTAGGATCAGCCAAATTTGTGAGCAAGTTGGATTACTATAAGGGATTTACAAGGGGTCCCGCT AACTCCTTGCGCCACTGACATTTCTGCTTTCGTAACCTCGGATTATTTTATGCAATATAAGGTGATGCATTACAGAATTTCCCGTGCTACTTCACAGCGAGAATTGTGTC ATTTTTTGGGTATGGCAGGCTACCATCGTAGCTTCCATAAAAACTTTTCTACGGTGGTCACTCCCTTAACAAATCTGCTTAGCCATGCTTATTCTTTTCATCTGACAATTGTCA AAATGCATTGGAAGTGGTGAAAGCTTTAGATTCTTATGCATTGGTCGCTGGAGGTTTCAGGGATATAATCTTGATATCAGACATAAGAAAAGGGTCA
LG13	ref-66428	33.153			AATGAGTGTTGATATCATTGCCCGTAAACC
LG13	ref-14344	33.77			AGACCCGAACCCGTGCGGGTTCCTGGTCCGGTCCCGGTCTCGGGTCTCGGGTCTCTTTGTAGACCTCTAGTACACACCTCAAGCACCGGATGCCGTGCGCGCGCTCAA GGCAGTTGGACATAGTGGTGTATTAGAGGTAAAAATGATATAAAATACTGTTCCGTCTCTCGCACAAGCGATAGTTTCGTGCTTAGAACATCACTGTGTCGGTGTGTTG GGTCTATAAGCACTTCATATAAACCCAAAACTCAAGATGAAGCTCTCATGCCATGGCTGCCTAAAGCATCATTTATTAATAAAATACCTTCTTATATTATGAAATCTGAGCTC AATCTACTTGACCACCTTCCGCAGCTCCGCCAGGA
LG13	ref-68693	34.516			TAAAATCACTTGATGTGCTGCGTGCTTCTAGAACTCTCTGCAGTGAGTTATGAGTTTTGTCTGTTATTATCTTGCTTTTATTCATAGTGGATTACATGCATTGTGTACAAGG TACAAATTATACATTTAAGTATGCAATTCGTATGTTCCAGGAATTGAATGACTTTGCTGTTATTAGCACAGAATTGCACAATTTTGATTAAAAGAGTCTACAATATTTGT TTTATTTTCATGTATATTAATCATTATATTAATAAAAAAAATTTAATTAATGTAATACAATATTATAATCAATAGGCTATAATATATAAGTAATAATTAATATACCAATAATT ATTTGTATTATTTTCAATGTTTTAAAAATTAA
LG13	ref-13688	34.708	Chr13	33713539	TGGAGAGTAAGTGCACACACACACACAAAGTCTCTTCCGACTGGCTTAATGGGGCCTCACCTGTTGGCGTCCTGCACGAGTGTGTGTTTTAGCAGTTGCTGGCATGTGT TTAAAAAGAAGAACTGACGAAAGCCAAGCCAAACACGGTGGGGGAATGTCAACGACCGTCTTGAGTCAACACAACCTCGACTACGGTCGTCTCCGTAGTTCGACCCGCATG CCTTCAGGGGTCAAATGCTATGGTAGGGAATGGCAGGCATACAAACACACACACGCACACTCAATCTGAAGCTAATTCTTAAATCTGACTTGAATGGTAACAGCAGGTTT AGTGGCGGATCACTCCATTTGAGGCCTATCAACCCTTTTGGCAAGTTGAGACCAGCTTGATGTCTAAAGTTGGGCTTATGTTGATCTCTGTAGGCTGA
LG13	ref-67239_1	35.415			GGAAAGTATTGTACATTTTTTGTGGTGTGATGTATAATATTTGTTAATAATTTAACGTTATTGGGTGTTTCTCATACTTGTGTGATTTAATGCCATATTGCATACCTTTAATAT ATACTGTGGATTATTTGTTGCAATTTTATCCTTTGCTTGGTGTTCAGGATGCT[A/G]AGACTTTCAGCATTCCACTCGTATTGTTGTTATTTGTATTGTTGAGTGCATGAGA TTTTGTGAACAGTGGATTCAAAAAGAATTTGGAGACTTATTATTGTTCAAAACGTTTTTGGTTTATAATGCACCGACAGTATGTCCAAATGCTTTTTGATGCCACTTTATATA TTAGGGAAATTTACATTTTAATTAACATTAA
LG13	ref-15390	35.492			TGCAATTGTAAACAGTATACATACGATGCTTTTCGCCACAGTTTGATGTGCATCTTCGCAAAACATTAGTTAACTTTAGTAGATTGCATATCTTTAGATTAAAGTGGTCTCGA ATGAGCCCAACACACAAGACAGTGTGTAGATCACAGAGTGACATGACATGCTTCTTGGCTAAAGCTATAGGACTTCAGGATCTGATTGCTTCACGATCATGACGC AGTGTTTTCAAACGTCATTTGAAAGTTTAACCAATGGAAGTGGATCTCTGGTATAGTGGGTAGGGACGATGTGTCGAGACCAAAAGGCCACTGTTTTGGCACTGGTAGATC ACTATCGACCAGTATAGGGCTGCACGATAATGGTTAACTGATAATTGTGATTATTTTGCTCAAAATTATAATCGCGATTATTAATCATGATTATT
LG13	ref-23010_2	35.598	Chr13	33668007	ATTAATCATGCCTTTCCTGTGTGTGGCGACACAACAACAGTGGGGGACTGAGGGGGTGGTGGGTGGTGTCTAACGTGACATGGGCCGTCCACCAAAGCCCTATGAACCT GTATGAAGAGGTCCGTTCAACAATAATGCTTACCAGGTCACATAATTGAATTATGTCAAAAA[A/G]AGCATAAGGCACCAAAATTCGTTTAGCCATTGTAAGGAGGCCAAGACC TCCAGAGGTCCCTGTTAAAAAAAAGGAGATGGAAATATGCACGATTATGTGTGGGTAGTCAGTAACTTTTGTGTGTAACATTGGTGCCAAACAAAAAAAAAAAAAAG CACTATGCAAAATTGATCATGTAAATCTAGTTTCCAACCTCTG
LG13	ref-56016_29	36.002			TACCCAGTAGCGATCAGTTTGCAATTCA[G/T]ACA
LG13	ref-24749	36.04			GAAACAGTGACGACCCTGCTGCAGCTGTTGA

LG13	ref-70250	36.277			GAAGCAGGAGCGACCACTGCTTGGTCTTA
LG13	ref-5716_30	37.157	Chr13	30001089	TGACCAACCCCTCCAGTGTCACCATTTAATGTCAGAAGATAGAGCTGCCTCTGTAGAAATGGGCCACAGAAAGCTACGTGCAACAAGGCGAGAATCGAGTTCTTTCTACC AAATGTATCCACCGTCATCAACCTCCCCACCTCCCTTCTCCTCCTCAGCCTCCTCGCCGTTCTCCTCTGCCTCCTTTTCTCCTCATCTTCCCATCCGAGCCCGCTGCCAA AATC[A/G]CCCCGAGTACGTGACCACCTCATCTGGAAAAGGAAACCGTTCTTTAAAAAAATATCACATTTCATATATATCATATTGCGAGGTAAACTGAGCGATTTATGCGT GACAAAGGCTAAACAATACTCGCTTGGCGCGAGGACAATAAACAAACAGGAGGTGTGACTTTGACGTTGGGCTTTTAAATCGCTATTTTATGTCCAGT
LG13	ref-47714	37.539			CATGTACCTTCTCTGATGTGAATATATCCGTTGTGTTTCATCGCAACGAAGTATTGCGATCACATCTGTCAGCTGTCATTCTGACTGTCATCAGACAAACTGAGTTCGGGTC CAGAGATATTTAAACTCAGTCAAGAAAGTACACGGATACTTTTTGGGATTTCTAGGCATTGTATTTCTGTGTTGCGCTTTTATTAATCTTGATTCTTACGACTTGTGTGCTTT TTTGAGCGAGTCGGAGTGAAC TCGGGTGCTAATAGAGCACGACTTGTGTGCTTTTTCTGGGAGAGTCGGAGTGAAC TCGGGTGCTAATAGAGTCTCACATACGCTGACGCT GCGTAGCCATGCATTAAGTGCAACAGACAAGGTTGGGATTTTCGTTAAAACTACATTAAATTCATATCGTATACCCCGAAGCACTTGAAAT
LG13	ref-42949	37.777			CCCTGAGAAACTTTGCCTTCACTTGCAAAACCTTTGCGTTCCCGCACAAAACCTTTGTGTTCCCTTACAAAACCTTTGCGTTTCCCTCGAGAAACTTTGCGTTCCCTCACAAAAC CTTTGCGTCCCCCTCAAAAAACCTTTCACATTCCACCAAGAAATGTTTGTGTTCCATCGAGAAACTTTGCGTAAAGCTCGGTACTCATACTCGGTCCCTTAATAAATGGTATCGG TGATCCCTAGTTCCCTTCAAAAACCTTTATGTTCCCCCGAGAAACTTTGCGTTCCCTTCACAAAACCTTTGCGTTCCCGCGAGAAGCTTTGCGTTCCCTCACAAAATGTTTG CATTCCCTTGAGAAACTCTGCGTTCCCTGAC
LG13	ref-56264_14	38.269			TTTTGAACGACAGTGTACAAATATATTTAGTAATCAACATGTCACAGATGCTTACGTTGCATTTTACATATCTTTAATTTTCAAATTATTTTTGATCATTAATTACTATCTTT TTCTCTATTATTCAACAAAACGTAAGTGCTAAATTACATATATTAGTAGCTTAGTGTAAGTTTCTGCA[C/G]TCCAGTCGTCCAGCTGCTAAGAGTGGCAGATGCTTTGCTGT AGCATGATAATGGCCCTCATAAATTACTATTTATTTATGCTGACACCACCCATATGTTTCAAATTCAGTGCTTATGGTCCACATTGGAGCTATTCCAGGGTTATGAAGTAA GAAGACAATCTCTCCATATGCAATTAAGAAAAA
LG13	ref-23355_7	39.28			TCAAAC[G/T]TGCCGATAGTGATGCACTAACAGTT
LG13	ref-38890_5	39.399			ACAATATCTGACCCATCTGGTTATGCTATTGAGTTATTAATTTCTATCACACTTTTGAGGCTTTCACGCTGTTGAGAGAAACACAGCTGAAAAGGAAGTCTGCATGAACCT CTAACATGATTAGCATGAAGCTTGATATATATTTTTTCTGTTGTCTATTGTGAAATTATGCATGCTGATACAAATCTAGAGATAATGC[C/G]TATACCGACTTGATTGC CGTGTCAAACCTCAAATGGCACGTCGAAATGAAATAAAATGTAAGAGAAATGTAAAAATAATAGATTTATTAAGACCATGTAAACATGCTAATTTAGTAAATTAATTAATT ACATAAAAAAGAAAGGTAAATTTTAATTTAATTGTGCATCCTGAACCAAAACATAAATCTGTAATAAATCCTTCAACAACAGCCTTCACACCTTGCCAAAG
LG13	ref-38625	40.026			AAAAACAAAACGACCCCTTTGCAGTTAAACA
LG13	ref-20588_27	40.563	Chr13	37023612	CCCATTTCTTCTGATTTCATAGAATTTATCTGCAGAGCTAAACTCCTTGGGTGCCATATTGACCTCCCAGGGGTCAGAGGTCATAAAGTTGTTAGGTTTCGGATTTCAGAGGT ATCCTCCACCTGTTTGTATCTGCTGACGCAGCATGTATGTGACATTCAAAAGGCTCTGGCGGAAAAACAGGAGCAGCTACAGGAGCAAAATAAAACACTCGATTACAGCTGC AGGT[C/T]AGATATCTGTTTGCTTCTATCTATTATTACCAACACAAACTGATGAGATGGATGTGCAGGCACCTTGAAAAATTCCTAGTTACTAGACTACACTAAATAGATC AGAAAAATGTATGCTTATGTGTTTACAGTGTTATGTGTGTCAGCAGTTAAATTTTCGCAGGTTTTTACACCCCAAAACCTCAGATGTCTCACCTCATAACTGT
LG13	ref-12446	40.693			TGTCGTACACCGATTGGTCTGCATCTCGAAC
LG13	ref-3438_5	40.893	Chr13	22852602	GATGATCTGAATGTAATACTCACTGTGGGTGCATCTTGTATAGGGAGCCATCGATGCCACTGTGGTGCGGAGGCGCGGGGTGTTCTTATTGTCTTGAGACGTGTGAGGA TTGCCCCCAGTGTGGCAGCAATTAGATTAGCAGAGCGAAAAAGAGACAATAGCGCAAAACATGC[C/T]GTACGGCAATGCAGTCGTCTTCAGATGGCTCTACACCCAAGCGTG TCAAAATTTCTTTGGCTTTGGTAAGTCCCTCTTTGCTCCTAGAGGAAAAAGTGGTATTGTTGTAAGGTCGCAAAATATCATGATTTTCAGAGTCCACTTGAATTAGCTTTAATT TTAGTCCACTAGTGAATGTTCTTCCATTTTAAAAATTA
LG13	ref-36081	41.796			TGAGCAGGAACGAGGAGAGTGCTGGGACACT
LG13	ref-48950	42.076	Chr13	29293306	TTTAATTGGACTCAGTATCATGTTTGTCTCGACGTGTATTTTTGCCTTCGCAGAGAACTACGCGACTCTGTTCTGTCGCGCGCAGTCTGCAAGGGCTCGGCTCGGCGTTTCGA GACACTTCAGGAATTGCCATGATCGCAGACAAGTACACGGAGGAGGCAGAGAGAAGTCGCGCGCTGGGCATTGCCCTCGCGTTCATCTCGTTTCGGAAGCCTGGCGGCGCC CCCGTTTCGGAGGGGTCTGTACGAGTTTCGCGGGCAACGCGTCCCGTTCAATTGTGCTCGCTGTATATGTTTGGCAGATGGTATACTATGTCTGACTGTCTCAAGCCCTTT TCCAGTAGGACTAGAGAGAATATGCCAGTTGGCAC
LG13	ref-2541	42.342			TGTGCTGTTCTCATGTTGTATTTTCTGATATGGCATTCCCACTTCATTGTCACTCTACCCGCTTTATTCTATTTCTAGGAACTATTTTGCACACGCCTGGCCCTTTAAATCCCG CCCCTTGACAGACAACCGCACAGACCAATCATAACAGGTAAATCTACAGGCGTGGCCACAGCCCGCACAAACACCGAATCTGCATTTGCTGACGTCACTGAGATCCACTC CGACCTGCCTTTAGCTTAGCCTCTCAAACCTTCTCCTTTATTCAACTAGATTTGATTTGGATCAGGTCGTATCTTGTGTAAGTAGGAAGTAAGCGAGTGTTACGCCGGATAG ACAGTTACGAAGGCTGACTGTTTATCCGACAG

LG13	ref-58905	42.526	Chr13	25394569	CGAGCAGCCACTGCCCCTCAAGTGTTACAGGATCTATCAGGTGATGTGGGCCAACAAATGGAGACACCATTAGCCGTCAGTATGCTGGCACAGCTGCCCTGAAGGTAAATG GATTGAATGCCTGCCTTTGATTTTATGCTGTCCCCATTGCCTGTTTACAACACCATCTGTCAGCAAGTGGCATTAAAGATTGCAGATTTACGAGTCAGTAATCTTTTGACCAGT CATCTTATTGGGAGTGACTATATTATATAAAATTCTATAAAATAATTTATTCACCTATTATTATATAAAATTAATGATTAATAAAAAAGAATTCTTAAAGGCACACTACGTAATTTTT TGCTCTAGAGGTCGCTTATTCAAAACAAAGGC
LG13	ref-27417_5	43.154	Chr13	43451512	TTTGGGAAATCACCGTTCATCATTTAGTCTGGATATTGAGTCTGTGTGGAGAAGATTAATTCCTAAAGCATTTTTGCCCAAGTTTATGCATTTTGGAGACTTATTGTGCA CAACAGCCATGCCTTCCCTTCCCACCTTGAACAGCCTGGGGAACCTCTGCGGCTCAGGACG[C/T]AGTCAGCAGGTGGATCGCACCCGGATCAAACGCACAACTCCATCA AACGCATGTCTGTCATAGAAGATGGACGTGTGGCAGAAGTGCTGTACCTCATTCCGAAACAGTCTATGATGCAACAGCTGCCGTTTCATCAACCTGAAGACTACTACCTGA CCGAGAGCCTGACACCTGGTACGAACGGTTGTGCTGAAG
LG13	ref-44593	43.35			CCAGGATGGCTCGAGGGTCTCTCACCAACTGTATGAATTTGATATCCAACCGAGGGTCTCTACTAGAGAACGAAGTGTGTCTAGCTGCCGGACCCTCACTGTTTTGATCA CCCTGTGCTGTTTTTCTAGGCAGGCCTCAGACGCCAAGGTCAGATTGAGTGGTCCGCAACGCCTTGTCTTACAGCGGTACCTCTCAAAAAATGTCTTTTACAACCGGAGTGCA GACTTGCTCCTCACACAAAGCCATACTGGACTCTCTGCGGAACAGGGCAGGGGTGACGTGGTCCCGTGGAGGAGGGCTAATGAAGCGCTCCAACATGGAGAAGTTACACA AGAAGAGATGCTGCAGGACATCCCTGTACACCCAAACAGAAGTGCTGGCATTGTGTGCCACTCGTGCCAATCGATAGCATCCTCTCCACGTGCCAGAGT
LG13	ref-69813	43.757			TCTCAGATCTTTCGATCTAATGGACAAAATAAGCTTGTGCAATTTACATATGAACTCTAACTTTTCATCTTCAAACCAAGCTTGGGTTTCCAGCCAACAAAGTTAAATCCT ATCTGGATAGCTCACTTCCCATATTGTTTACTCATTAGGTCAGTAGGTGGTCTTTTGTGTGCTGTTTCAACGCATTTCGACCACATGAGCGTTTCCACTACGAACGCAATCCAA ATGCGTTTTTCGATTACCTCTGCAAGTGGTCGAAAGTGGACAAGTTCAAAATTTTTTAGACCCCTTTACGCGCGTATTACTGTCTGCCACTTGTGATCCATTTCGACCATCTT GATACCAGGTGTAAACAGGGCCTCTGTTGCTGTAGAACCATACGCACACATAAGGGAAATCAAATGTACCTGTTCTGGTGCCAACCTGAAAAATG
LG13	ref-53045	44.926			CAGCAGATGCATGCATGGGTTATCAACACACATGGGAATTAATGGCAAAATCAAATGCACAGCAGGCTAAGGCATGCACAGAAGCAGCTCTTTTTTAATGCTATATAGCA TAAATTAGGGCTGGGCAAGTCGACATTTTTCAACGTGTTAATATTTCAAAACACACCAAAGTCACACTGGCACTTCAGTCGAAACTAATTAATTGTTGAATTACTAAGTAA TGAATCAAATAAACAGTTTGGACTGATTACAGAAATAAATCAAACCTCA
LG13	ref-18856_32	45.121	Chr13	7667130	TTACAGTGCAAGCTAAAAAGGTCCAAACGAACTAGAATAATAACCAATGATACTGGATGTTGTATATGACATACTTTAGCAATTAATTAATATTTACAATTACAATAA ACATTAATATTGTCCAATCTGACTTGATAGGATCAATAATGGACTTTCGCATAAATGATTGGTGTAAGGCAAGGTGTCGTACAGTTAG[A/T]TACAAATGTTTAGCTTTAA ATGATGGCATGCCACTGAGGATTGATGACCAATTATTCAAGACTACAGTGATATACTACAGACTACCTTGTGGGCTTAGTGCATATTATCAAATCACTCACCATTCTTCCA GGAATGTAGTGGTCAATGCAAGTCAAAAGGAAAAATCA
LG13	ref-48059_3	45.565	Chr13	11106228	CCAGCCAGTGTGTTTCATCAAACCATTTTTACTGGCTTCTCAATCGTGAAATTTGTTTCTTTAGATCCAAAACAGTAGGCGGACAGTTGGTCTGGCAGGCGCTGGTGATGA TTCTACCCTCAAGTTTCCAGAGCATTGGGTCAAAGTGAACAGTCTTATTGGTTACCATT[A/G]TTACCAAGCACCAGGGTCGTGAACACTTTAGACGTTTCAGATTAGTGGTT GACCACTTTGGTTGATTGTTCAATGAATACGCTTGGTTAGAGCCTAAGAATCTGCATAACGATACACTTTCTCAGACTAAAAAGCTTTCAGGTAATACCTGAGCGATCGAC GGCAAATATGCAACAGGACATCCAAAGTCCCTCCTGCC
LG13	ref-68791_1	45.731	Chr13	7112235	AGACATGCACTGGGAAGGGTTTCAAGAAAAAGAACGCCCACCGTGGAGGCCGAGGCAGTGTAACAGAACACGAGGCTCTGCTTAAACGACTTGTTTCAGAGGCGAATG GAAGAAGCACAGTTAGACCCAAGCATTGAGATACATTCTCCATGCAAAAAATCGATCACTAGCAAAAGCAAAACAACTGAAAGAAGACTTGTT[C/T]AACGTTGCGACATG GGTGACAGCTGCTACCCAGAACAAAGAGAATGTGTGCCAGTTTTATGCCACACTGTACCATAAGATCTTCAGTGCCAAGCTGAAAGAAGTCGCAGAGTACACACTGTGTG ATGAGGACTGCATTCTTTTATTGCAGTGGGTGAAACAGGATTACCCCAAGTAAGAGAAGCAAAATAACACTAGACTGTTTTTTCTTATAATCTATCTATTATCTTC
LG13	ref-41831_7	47.262	Chr13	9589256	TGTGTGTTTGTGTAGGGGGTTGGTGGCATTGTGTCAGCTCGGTTCTCCGCTTGGAGTCCAGATTGATGGGTCACTCTTTCTCTTCTGTTTCTTTCAAAAGGTTTTCCTCAGA AAAGGTCAGATACTTAAACTATTGCTTCACAGCATGTCACTTCCCTTGCAGGGTCAGTAAGGGGAAAAGTGAGAGAGGCACGGAGCTTTTGTG[A/G]TGCACACAGAGTG CGTCTTAGTGCGCATGGACTTGTTTTAGGAGAGAGCGGGAGGGGGTAGTACCGACGGTGCCTACCGTGCCCTTGCTGTGTCGGCTGTCTCTACAGGTTACTCTCTTGTTT CAGACGTTAGCCATTAACCGTGGGGAGAATCTGAAGATTCTGACAGTGAAGGTCAACATCCCCGACTGGGTGAAGAATGATTTCTGTAGGTGGTGCCTC
LG13	ref-49218	48.64	Chr13	19452558	GCGCTCCGTTTCCATAGTGCAAAACAAGGTGGAATTTCTCAATGTTTTGCAAGTGTACATAGCTGGGTGATGAGCCATCAAGCACAGGCCGGCTGAAATATCACTGACCC TCAGTCACCCCTCTTTTTTCCCATCCGTGTTTTCTCCGAAACGTTCTTGATTTGCAAGTAAATGAGCACAAGAGTCGGCCTTGTAAGTACTCGCAGGTGGTTTCGATTG AAGGGGTGTTTTGATACAATTAGGCAACAGATAGAGGGAGGGGGTTCAAAAGGGGTCTCTGACTGTGAGAGTTGGGAAAATATGAGTAATTAATTGTGAGGCATCAGTT TTGACGGGGCCAGAATTAAGCTGTCAGACTGTAAG
LG13	ref-63385_23	49.39			ATATCATCATCCTGTTCAAATGTTCAAATCACACACCCCGGCACTTAAAGGCACAATATGTAATTTTTACCTCTAGCGGTACCTATTTAAACAAAGGCATAGCTTGATG ATGCCAAGATTGAGCACAGAATCATGGGAGAAGTCGTCTTAACCTCACAGCTGGTAGAAAAGAAATTGGCACAGGACTCG[A/C]ACAGAAATCATGTTTCATGGATGAGATT

					ATTAACGTTACTTTACTATGAAGCAGAGCAGGGCCGAGTGTGTATGTGGGGTAACGCAGTGTGTGTATCATATTAAATTTGAGTGTGTTGAAAATTATTCAATTGTGTTAC TCATCTGCGGCTGCTATGAGACACTTTCTGTACACTGCA
LG13	ref-19317	49.563	Chr13	14081131	ACCATGTAAACACATCCATTTACAGGTGGGGTGGTGTCTACAGTCTGACCGCTGAGATCTCGGAGATTAGCTCCAGCTCTGATCTAGAAGCGCTTCAGTGTGATCTTGCTC CTCAAAGGTATTTCCGGCATTACAAAACTGCAGCGTCAAGTTTACGCCATCCCTCCCTATTCTATCTGCGGGTCTTGGGGCAGTCCAGAGTGTGGGTGCGTGTGTATGCG TGCTGATTCAAGCCTAAGCGCAGCCTCTGGTGTCTTGGTAATTGAGCGTAATTTGGCTCCCTGCAGTAAAACTAATGGAGCGGAGACAGCCGGAGAGTAGCAAACAGGAC AAAAGTAGCACAGGATGGAGGGAAACAGCTGAAAGAGCTTTTTGAGAGTGAGTCCACTGAGGCTAGTCTTCACCTCAGCTGTTACTGAACTAGTTTTG
LG13	ref-24431_8	50.922	Chr13	11192146	TAAAGCCTGCTACCAGGGCCTGTCCTTTGTACCTCTAGTCATCACTTTAGCTGGTGCGTAAACAAGTTGACAGGCATGGCCAGTGGGCCGTGCTGGACACCCATGCCCTGCT GAAACACACAAACACACACATCAACAGCAGCACCAGCAACTGGTTCCGTCCTTCCGGATGGCAG[A/G]AGCAGCCCTATCGATCGATGAGCCCCATGCCGTCTGCATGC TGATATGAGGTCCGGCCTGTCCCCGTGTCGCTCTTTGCAGAGGAAATTTTCCCGCCACAGTAATGGGCCAGTAAACTTTTAGTGCTCTGGTGATTGAAATTTAAAGCATAGT CTTTTATAAGGGCAAGAGCCGGCAAAGTGAGGAGGGATG
LG13	ref-66424_29	51.042			ATGTTACAGTCGATGGATGTGCATTCTGTTT
LG13	ref-66424_27	51.148			ATTACGTTTTTTTTACACACATTCAGGATAATGTTTGGATTTGTCCTGTGTATGTTGCTGTTAGGGATGGAACCGTTCGGTTCTCCACCCACGGTTCGGCACGCGCTTGCAC CGCGGTTTCATCCTAAATCTGACGACGCATCTATAATATGGTTTGTGAAAACAACGTGCAAAATAGACAGACGGATTCCGGCTAATGTATGTTACAGTCGATGGATGTGCAT TCATTTCCCAATACGTTACAACAGCGATGATCAAAAGAACATGGACAAAACAGTCACTCTTTGTAACAAATGTTCAATGCCGTGCCGAATGCTCTATGAGCAGTCATTTA CGCCGTCAACACCCGGGTGTTGATAGCGCGGAGCTCAGGTGAGACCTGAACATCTCACGTTGCTATCTGTGTTAAACTAAACTCATTAAACC
LG13	ref-66424_32	51.148			ATGTTACAGTCGATGGATGTGCATTCTGTTT
LG13	ref-42672	51.253			TAATACACTATTTATAAAATTATGTTTTGCTTTAAACGTCTTATTCTTTTCCCCCAGATTTTATGCAAATCTATTACTGAGCAATACATTCAGTATCTTTGATGGCAGAT GGGGGCAGCACTGACTCTCTTTGGTTCTGCTCACCCATCCGTGAAGTGAAGAATGAAATGTCAAAAAGTTGGAGATGCACATCACTGCTTCAGACTCCGAGGGTGTTCTTT GCTAGTAAGTGCTTTATGATTAAGATTTAAGATCATTGACCAGTGTTTTTCAGATTAAGCTTGTAACCTTTAAAGTGA AAAATGAGATAAAACAATATATGCATTTACGTAA AATCTATATATGTGTATAAAATGGAAAATAGGGCTGGGTGGACAGTATCGATTTTAAATCGATCTTCATCTTAATGATTTGTCGTCGGTTGCATGA
LG13	ref-10232	52.129			GATAGTTTTGCTCAGTTAATAAGAGGTGTTGATTCAGAGTGACATTTGTTCTTCATTAACACAGATTTTGTGTTATTGAATGCAGTGAATTGCTGTAATCCCCCTTATTTAG CACTGTTAACCGCCTTACACGTGGTCAATATGTTGAACAGGTATTTAGCTGTTTTCTGGCACATCAGCACGGTCATAGTACTTTATCATTAAATCGGTCATAGTGACTTTG TGATCCTTTTGTAACATCATATGCTCATGTATCCTTTTGATGATGAATGTGAGAGGACACTTGTGGGTGGAATAAAAGGGAACACTGAATGTAAAAAGGGGGTGT GTAAAAATATGAATATATGATGCTGATATACAG
LG13	ref-26692_17	52.291			GTAATAATTGCATATAAATCAGCATTATAGGAGTTGGGGCAGCAGAGCTGCGTGTGATGTATCATTGACAGCATGGAGTGGTATTTCTGGCGTTTCATGGGACCTCCA CAACAACGCTGAGAATGAAGACCTTCACACACCCGACCACAACACAGATAAAATCCATCAGCCCATCTGCACCG[C/T]ACTCGACTCAAAACACATCACTCATTGACATGG TAAAGGCTACTGTATATGAGTGCATAAAAAATATGCTGTTCTGGAGTTAGTTAGATACTCTGTATAATGCAATAAGGTACGTTGACTCATGTGATTAAGCCATTTATTTAT ACAAACATTA AAAATGTACACAAAACAAGTCTTTCATATT
LG13	ref-37735_27	53.653			CCCGTGATAGAAGATACAGTAGTTTACTATAAAATTAAATAGAAATTAATTAATTAATTAATACAGTTTATTGTGTAAACAAAACGAAAATAATATCCAGGAAAAAATAATA ATTATAAACCATCCAGAAATACACCGTGACTCTTATTTTGAAATGTCTACAGTCTGCACTGTAGCAGTAGCATGATGCTCGTTCA[A/G]ATGAAGGAGATAAAACATGCATT CTTACAACCGTCTAAAACATACTACCATATAAGCATCGTCATAATTCATCAACATTAGCTTATAAGCAATCGCCTGGCATAAATGTGCGCTATTCAATTATTGCGAAGCAGT CTGAAGTGCTGCTGGACGAGCCTGGACGGCGCACAAACAG
LG13	ref-51979	54.619	Chr13	7527747	CCTTTATGAACACTATACGAAGTGTTATATTATTGCTATAGTGACTACAGAGGGCAGATCTACTGAAAGCCAGCGTTCAAGGACAATAGGTCAAGAAAGCATATGAGATA CTGGACATGACGCAGGTAAACACAATATAATCTCCAGTTTTGCAATGGACAAAACAATGGAGTTTCCGTGGCACTCATGTTGTTACTAGGGATATCTGCTGATAGAAATAC CACTTTCTTTGAAGCAAAAAATAAAAAAGATCGTTAATAGTATCAAACCTGTCAAAAGAACCTTGACATTGAGACATCAATCTGACATCATATTGTAAGTGGTATATGCCCTGA AACTGTCAATTTCCTTTTACACACAAAAGAAGAGTTTA
LG13	ref-25070_26	55.171			TGTCGGCACCCGACAACCATGCCAT[A/G]TTCAAA
LG13	ref-51686_8	56.171			CCTTCTTTCGCTGATCAAATAAAAAAATAAAAAAATTGACTGATGTTTTATTTATTTTACAGGCATCTACTGAACTGATCTATCTTATAATTTTTTATAATCCATTCCCAAACAC AGGGAATGGATTAACCAAGCAATATGCCGGGACTTTCCTGATCCCAGATGGCTTTTACACTCCTTTTATTGAAGGGTGTGGACAAACTGATGAC[C/T]GACGACTGTCTTGC ACAGCACAGAATTGCAAAATGAAAAGCTGAATGTATCTTAAACACTCTAAGTGAACAAATTGGCTGTCAATTTTCAATAAAATATCAGTACAATGTCTTATTTGACCCGTTT GATCTTTTGTACAGTGGTCAAGTGAGATATATTCATGTATTTTATTTGGACAAAACAGTGCTGTATAGAGTAGTCAGTGCTCTGATGCTCCACTTGAA

LG13	ref-69052	57.339			CAGCACCGGATCACAGCACGACACCCTGCTCAACTTCAGATGTCACACGGTTAATGTCTCGGGGTCACCCATGGGTCTAGCTCAGCCAGGTGAGAGTCATCGCTAACCAACC AATGTGTCTAAAAACCTTTGAACCAGTTATTCTGTCCAAGTTACTTGAATCAAGGCAAGACACTTCAGGCAAAAGCATCGTTTTTTCATGCACTGGTCAGTTTTTTAGGTCT ATTTTGCTTCCATAACATGTCTTATTTTAGACTAGTGGAAGAAAACTTCTAAAATACACATTTAAGTGTATTATTTATTACAGTTTATTGATTGTCATCTTTAGATTCAAT GTAAAGGCAGTGAGTTTGAGTGAGAAATCTCCA
LG13	ref-36799_14	58.444	Chr13	17338689	CTCCGATGCCGTCTAGATGGAAAGGGAGAGAGAGATGAAAAGAAAGAGTCTGATTGTAATAAAAACTGCTCCTCAGATGGATCTGCACCGACCAGCGTCAGCCATAGCAG GATAAGCGTGAGCTGTGCGGGAATTAACGTGGAGGTCAACCAGCACACAGGAGACCACATCAGGATCCAAAGCA[C/T]CGACGTGCGAGTCCTCGTCTGTACCTCTTCGTC CTCAGCCTCCGTCTCGGGTCAAGACTTGTAAGCCCCGTTTCTCCATACAAACCCGGCCAGACTGTTTTCTCTACCCCCGGCTGGCATGACGTACCCTGGCAGTTTAGCA GGGGCTACGCCGGCTATCCCCAACACTTCCTGCCCCACGG
LG13	ref-7248	59.553			TGCATGTTTTCGAAGCATATGCCATTGAACA
LG13	ref-41515	62.243			TCCTCGCAGACGAGGGATGTGCCCGAAAACG
LG13	ref-39159_4	62.268			CTG[G/T]ATAGCACGAAGGCACTGCAGATAGGAAC
LG13	ref-67155	63.603	Chr13	13141410	TTTTGTCTGTAATCCTAATCGCCGATTGCTTCTTTCTCTTTTCTCTCCTGCCAGTCTCATTTAGAGGAGGATCTGGCTCAGAAACATGAGGGTTTTACATCCGGCATCTGCG TCTCAGTGGACGCAGACTTCAGTCCAGAAAGATAGTCTTTAAACACAAGCAGATTGTAAATGTTGAGATTGAGTGAGCGGAAAGGAGATTGCATGCGAGAAGTGTGCA TGAGACTGTGTGTTGTGTTGAGTCTGAAGGTCAGATGACTGTAGGGGTGTTGACTAAGTGTGTCACGCCAAACGACTGAAAGCAGCGGGAACGGCAAAAGAGCAGACT GGCACAGCTCAGGTTGGTGTGTGTGTGAGTAGATAAAGGTGCAGACTAATTACCTGCTATATATCAGTGCATGTATTGATTACTCTGTGTCACAA
LG13	ref-11351_4	64.91			AAACACACACATTTATATAAAATAAAATAAACACATAATATAAAATTATTACATCTGTCAAAGTTAACCTGTGAGATTAATATGTTTAAATGGCATGTCAGTTATTTAACGC AGTTAGTGTAGTTCAGATGATTTTCATTTCAGTTATGTCTGACTTTTTAAATCAGACTCTTGTGGTGAATAAATTATGAGGGAAGACCTGTA[G/T]CCGCATCGAGTCATTG CAGTTTTTGTACTGCAGAGATTTCACTGAAGCTCAAATATCGGCTCCAAATAACACAAATATAATCATATAACGCACATACTATAATAAATCAGTATTATACATATTTATAG CTATTACATATAAAATAAATATAATTAGAGCTATATTCAACTGACACACACACACACACACAAAACAATCTCTATCAGAGTGCTTGGGGTTAGTAAG
LG13	ref-932	66.571			CTTTTCAAAACGAGCGTCATGCGCACTCTAC
LG13	ref-22565	70.851	Chr14	28705986	GCAGAAGTGCGTTCCAAAAAATTTTTGGACCCCTACACACTTCATCCCTTCGAAGCTTTCCTCCGAGGGTAAACCCCTTTGAAGGGATTAGGGCATAGGGATGAGCCC TTCCGAATGGAACGCAGGGTGGATGTACTGCATTTGCCAAGTTGTTATTATCATGTGACCTGCCAGCGGCAGTTACGTCGTTCACTGAAGTAGTAGGTATCCAGATACG TGTTGTCTGCTCTTTTATCAGTACTGAGAATTTAGACCTATTACTCTTGACTACTACTATTGAGTAGTAGAATTTAGACCTGCTACTATATAGTAGGGAAGAATGTGATTTTG GATGCAGCCCAAGTATCTGCATTATCAATAAGTG
LG13	ref-4388_31	75.451			TCTGACACATGCAACCAGTTATAATATGTCACAATATGTAGGATTTTATAGATTAATAATATCCAAAAACCACTATAACAATGTTATATATTTTGTGACTTCTGTACTTACAT TATCCCAATGTTTCCATCCTTCAACACGTTTAGTCTTATTGTTTAAATCTTGTTTCTTGATTCAAAACAAGAACCATGTTTTACCATGCCTAATATCGATCTAGCTGCTGA GCGAA[C/T]GCACAGAGTAGCACTATAACAACCTTCAACACTCAAATGTATCTAATATGATAAAACAGCGCTGCTTTACCCACGTGCATGACCAGAAGAAGCGGAAGT AGCGACTGCGGCATAATAAAAGATCCGCTGCTGTCAAGACGTGTGTCGCGCTCTTCTGTTATTAGCAATCGCTCCAGCAGCCTCGTTACTGCTCTCACA
LG13	ref-1216_15	79.298			GCATAATGCGTTGGTTGCGTTATGAATGCGGAGCCGCTGGGGTTACAGAGTGTCTTTACTTTTTAAGCTTCTTCTATTCCCATGACTCTGATATATTTAGCTGCTCTATCCA TTGTTGTACAAAGCTTCTCATGGGTCCGACCCAGCCGAGAGAAACAAGAGTGTCTGTTCAATCTGCAG[C/T]GGACTCGAATCAAAGCGTTGGGTTTCTGGGTGCGACA ACTGCTGAGAGGAGCAAGACGTCTTCAAGCTGAAGAGAAACGGACATAAAACCTGAGAGCCTGAGAGAGATCAGTCTGTCCACTATTTCTGTCTTACAAAATTAAGTTT TTTTTTGCACTGATGCCAAGAACCATTTCTGGTTCCCC
LG13	ref-62975_32	80.02			GGGAATGAGACGAAAGAGTTGCAAGACATTT[A/C]
LG13	ref-62975_23	80.15			GCTCTTCCAGGGCTCTCGGCTCCCGACTGTCCTGCTCTTCCCTCCTCAGTCCCATCAGAAGAGAGGAGCGTCTCCTCTGCTTCTCTCAACACCTCCAGACCTCCAGCAAA CCCCACAGACGCCTCATCAAACATCAGAGTAGAGCGTCGCTGCAGACTACAGACGACAAACAGATTCAATTAGGGCTTTTCTGATGTTGGGAATGAGACGAAAGAGTTGC G[A/G]GACATTTCTTTCTAACAGCTTCAAAGAAATATACAGTTTTGCAAAATACGACTTCAGTTACAAGAGTGTCAATTATTCAGCTCAATTTAGTTTCAGTATTGACTCAGTTC AGTTCAATGTCGATTACAGTTAGTTCAATAACAATGCAAAGTTGCGTTGTGCGAAAGTTTATTGATTATGAACTAATTTAATTCAGTTGTAAAGCACC
LG13	ref-72362	87.047			TTGTTGTTGTTTTTGGTGTGTTATTTGCGCTTGTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTCTCTATCTTAGATGTTTTGAACTGTTAATGTCTTACAGACCCTTTTGTGTTTC TCTCTCTCTCTCTCTCTCAGAGTCTCTGATGAACAACCTCCTCAAAGCAGTGAAAAGGGCACCAGTATCACTCCAGAGCGCCAGACGGTGTTTTTCCAGCGAGGAAA ACGGTCATCTTGACCCCAATGCAAACCTCTGCTCGGCCAGCCTTCAGATCGACACACATTAGAGGAAAAACAAGCAGAACCAGATCAAGAAAGAACTGAAATGCAAACCTG GATGAATTAATAATGCAGAGAAACAGCAGACG

LG14	ref-5920_9	9.836	Chr12	1874744	TTTCAAGGTTTATCACTGTCGGATTATGATTATGAGGAAATCTTGGGAAGCAGCCACCACCACAGCCTTTCATCTAACCATTTGACCATGTTGTGCCTGAGTTATATTCTGACTGAGTCTAGCAGGGAAGACCCTTTTATTTTGGAGTCTTGGCTCAGCAGTTGCAAAGTACCCTGGCATGATTTGTGAAGCTTTGCCTGGAAACA[A/G]CCGAAGATGTTGCTGGCCACAGACGGCTAGAGATTAACCTTTAGAGTCTAAAAATTATGCTGGAGCACACCCAATGCTACCTTATCAAACGAAGTTTGAAACTAAGCATACAAACTGTATAAAGTCAACTGCGCTCCAATAAAAAATGACTGACCTGGATTATGCCCTCCTAATAATTCATCTCAGCTTTGGAGGAACCTCATATCATGTGGAGACTTCATACGA
LG14	ref-26347_18	10.306			GGCTAAATGACGACTGT[C/T]TTGCTTTTCTGCAC
LG14	ref-26347_16	10.315			GGCTAAATGACGACT[A/G]TCTTGCTTTTCTGCAC
LG14	ref-72716	11.96			ATGATCTAAGCGATCTAAGTGCACCTTAAGGC
LG14	ref-2531	12.395			ATAGGGTAAGCGACGCACGTGCACCCAGCCA
LG14	ref-14161_23	12.826			TGTTACACCAGCAGTGTGTTGGTTTGTGGGTAAGATGATCGCTTTGTTACAGTCGAGACTAGGCCATATCTGGTCCTGATTCTACCAGAGTCACACTCACAGGATATCTGAGGTCACCTTCATCTGATCCAGCTAATCACGGTCGAAACGGAGGCTGGAGAGGCTCTTAAATTAAGTGCAGGTCCATCG[A/C]CAGATGCTCTTCAGCATCACAGCGACTCTCTCGCTGCAGACGTCAAGCTGGGCGAACCGAGCGTGCAGTCTTGAGGGTCGTTTACCTGGAAACGAGTCAGGAAGCGTCTCTAATGAGGTCCGGTCTGAAAACTCAATAACCAATCAGAGCTGTGGAGCCGCGGGGAGCCGCTGTT
LG14	ref-66902	12.963	Chr12	2533312	TCACATGACTATGGATATAAACATGTAGAAGGGGGAAGCACAGGCTACGGCTAATGTCCAATGGGGTTAAGTAGCTTGATAGGCATTGTACTCAATGTCACAGAGTTTGAAGACAATACCATCAGACACAAAATCCAACACTGAATCCATTATTCTGTGCTCACCTGCTGCTACATGCATGTCCTTGGGAGGTCAAAAAGAAGAAACAGGTTAAATGTTGTATTACTATGTCTGAATATACAGGGAGGAGTGAATACAGGTCTCCGTTACGGAGGTATTTACATCAAGAGTCTGGTGCCCGGTGGAGTGGCCGAACAAGATGGACGAATCCAGACAGGTACATGTTACTGTTCTTACCATCATGGA
LG14	ref-61395	15.959			AGAACCAAAACGACACATTTGCCACAATCAA
LG14	ref-23022	16.089			AACCTACAAAAATTTAACAAATTTGCATAATGCCAGCCCATTGTCTGCCCGTTAACAAAGTCTATGTTGCCCGCCCTCAAAACACTGTAGTTGTATCTGCGACTGGAAGAGTTCGGTTTCGTGTTGTTTCATGTTGAGAAGATGCTGTTTTCAGCGCTGCGAATCCACTTTGATTTCGCCCATGTCTACTGGCTGACATCTCGGACGTGTATTGAATTTTCATGCAGTTGAAGCATGCGAAGAGTCTCAAAAGCATCCAAAATGAATATTTAAAGTTTGATACGTTGCCATGGAAACGGTGTTTAAAGATATCAAGAATCTTTTTCACAGGTCTACATTCGCCATGTCTTGACATTATTCTGATGAAGTTTGAAGCAAAATCGGGTAAAAATAAGAGGGTGATCTCAAAGCATTTTGAAAGTGACACACTTCCTGC
LG14	ref-54167_7	19.267			TGTCCTCTGGTTTTGATTATCATTCCAGCACCGCTCATGCAATGAAATGTATGCATATAATCTGATAATCGTCGGCTGCGTCTCGAAAGGTCATCTTTGAGCATCATGTTACGACCTTGACTTGCGTGTGGTAGCTGAAGCATGTTCTCATGACGCAGCACATGTGCAACATGCAGGAGGAATTCAGTAACCTGTGACAGCTGC[C/T]GGCGATTGCGATGCCACATCAGTATAAAATTTGTGCCACGTGTTTAGAGTTTGATGCATGCGAGTAAACGAGTGAAGTCTTATGACTGATTCAAATTAGTTTATAACTGACAAATTTTGCAACATCGACACTATCATTGAAGTGAATTAATCAACACTAATCAGAACTTAATTAACACTGAAGTGAATCTATATTGAAGTGAATGAATCAACATTGAAGT
LG14	ref-71018	19.958	Chr14	34361093	GTGGATTTAAAGATACATGCACAAAAACAGCATGTTTTCTTCCAATCAAAAATGGGCATTTACAACATGGTATAATAATGATCTTTGGGGTATTTTGAGACATATTCTGGGACACCTGAGACTTATATTACATCTTGTAAGAGAGGGCATAATAGGTCCCTTTAATACAAAGATTTTCTTTTTTATCACTTTTTATCATTTTCATGATATATCTGCATGAACGTCCAGATCTGACACAGTCTGACCGTCTTTTCCAGCCGAACACAAAGATCTGATTTCCAATTCTGCATATTACAGTTGAAATGAAGTTCTATAGTGACCAGAGCACAGCACTGAGATAATACATTAAGTGAAATATGTTTTTATAAATTCTAGTGCAATATATATTACATGTATATCATAAAAATTGAGCTTCTATTAACAGA
LG14	ref-67571	24.09			TTCTTTCTTTTCTTGAATCCCCATTGGCCAGCACTGTAGCATTCCTATTTTGTCTTCTGTTTCTGCACCTTTGTCTTTCTATTTCTGGACATAGACTGGACTCAGAAAAGCATTCTACCATACTTTGCATACTATTTTGTCTGAATACACTGCATAGAATTCTGTAGCACAAAATGCAATGCACTCGACCCAAACATTTCCACTTCTATTTTTTTAGTATTTTCAATATTTCCATTTTCAACCTCAATCTACAACATCATCTTGACTTAGGCTATCATTCGATTGTAAAGAAAAGAGATTTTTTTAAACAAAATAATTTAAAGTGCAACATATAAGTGTTTTTAAAGTCAAAATGGTAACTTA
LG14	ref-73299	26.202	Chr12	47714288	GATGATTGTCTAGTAACGTTAGTCCTTTCTTCGGGTTTCATGGCGCCATGACATCCAATCCTCCAGGGGGCGCGCTGAGGCTCAGGAGCTCAATCCTCCCTTTAGCCGCATATATCTCAGTTTGATTTTACTCATAGTGGAGATACTTGCGCACTATAAAGTATAATCGTTTAAAGTCTAACAAATGTCAGCGATCAGCACAGAAATCTGCGACAGCCGTGTCTATAAAATGATTATATAAAGCGCAGCATCCAATAATTGCAACGGAATAATTGACAGCGCTGTGATTGGTCCATCTGAAGAGCGCTGAGAAAAGTAACACGCGCGTCATGCGTTCTGCAGATCTCCACAGCGAAAAATAATAAATCTTTATTTTCGATCTATTTAGATCCATCATACCTGACACATAAGCAACAAGATCTGGGCCAC
LG14	ref-34906	29.936	Chr12	48731774	TGCATAATGCTTGGACAGTTTTTACTCAAACGTTTCCATAGCAACAGCTATTTACAGTCATATCTTTAATGAAAAGGTAATGTGAGACATAGAGTATTCCTCACATCATTAATGCTGTAAACACACACACACACACACTAACACACAAACAGGTAATTCAGTGTCCATTCATAAAATGTCTACACTACACACAGTAGTTTGAGTGAGTAGTATGCTAGTATGCACAGTGTGTCTCTTAATAATTGGTGTGTGTGCGTCGCCCTCTGCTGGTGTGTTGACATCTTCAGAAATTACCTTTTTTTTCTAACATTGTGAAGTTTCTATTTCTATTTCTGCAGCACTAAAGAGATGAAACACTCATTAATACTAGTGCCTGAACTACAAAAAATGGCAACAAATTTAACCTGTAAAACCAAGTAAGTG

LG14	ref-43478	32.673	Chr12	48686824	TAATTTCCAACCTATTTTGGGTTCATTTTAAGCCGGACATATAGTCATTTTAAACAATAGTTGAGTTAAATAAGACTACCCAGCACATTGGGCAAACATTTAACCCAACCACTGGGTAAACCAACCCAAGCATTTGGGTTTGTCCATATTTAACCCAACCTGGGTGTTTTAAACCCAGCATTTTTTGTAAATTTTGATTTTCTGGCAGCGACACTGGTGCTTCTGAAAAATATGAATACGTAACATAAAATTTAGGCACAAATGCATCATGTGTGCGCAGTGAGCAACACGCACAGGCTCAAGGTCAGTTAAAAACTTTCTATATTCCTTAAGCTGCGGCAAAGAGTTTCTACATGTTTATGGAGGCGAGTCTATTAGGAAGTTCAGCTGGGATCACAAAACTGAATCCCACTAGAAAGGGCATATA
LG14	ref-54990_19	33.433	Chr12	40009457	ATGAAGCTCAATTTCACTTGTTCATTTTGTCTGTGCATAAAGAGAGAAACATAATGAGGGACCTTCGAAGAACGAAACAAAGTGGTGTGTTTCTCCATCCAATAGTGAGCATCTGTGCCTAATGGAGTCACTTAGTGGTCACTCATTCTCAAGGTCGATTTGTCAATCAGAGTGAAAGGGCATTGAG[A/G]TCGTTGATAGTCATCTTTTAAACACTCTCCAGTCAGAATAATTGTTTCTGTGCATACAATAGCACAGCAGTCGGGACGACTCCTCTCAGCATGACTCATCCTTTATTTTCTTCCCGAAGGAAAACAGCAACCGATCACTACACCTCTCCATGTTCTACCATCTAAACTCGAAAAAGAAA
LG14	ref-64176	38.521	Chr12	38487288	AGACAGCAGTTGACTAGTATTTGTTCATGCTTTGCCACATAAAACAAGCTTTTGATAGCGATGGACTCACTGTGACCCGCCTCAAGTGCATATCAAAACCAAATAACATCACA TACACACTATGATATGTAAACACATGCAGTGTTTTGGATGGAATAAGTGTGTTTGTCTTGAATTCTCCATATCTCAGATAATGGTCAGAACAGATTCAATCGACAGGCTTGTTGGCTGATACTCACCCTGCAGTGGCCACATCAGCTCCGAGAGACGCCAACTCAGTATCAGAGTCAGAACCCCAAACACCATCATCCTGCACACACACACCATAAACAATACAGTATAATAAAACAATTTTGGTACCGTGCTGGGTACCCTTGACGCCAAACATAAAATTCAGTTGAGAAACCAGTTAAGAATTAGTATGACAATAT
LG14	ref-41968_8	41.173			TCAAAATTCCTGTGAATAATTGGACCTGTAGCTGGCGTCATGGTATGATACCACATACTGTACTTCCTCAAGCATTAAATGATCTCGATTCAAGACAAGTGCTACACGGCTCTAACGTGGTAAGGGGGTGCAAAGCATCTTCTGCAGTCTCATTCAAACCGCAAATGCGATGAGCCGTTAGAAGTGTGTTTGTGTATTTCAATGCTC[C/T]AGCGACCAATTTGCTCCATTTTGTTCATTTTAAATATAATTTTGGGCTTTCTGCCCAAATAAAATACAGTAAGAGGAGAGACATTAGGGAGAATAGAAGATGGGATTGGAAAGCAACACAAACTAAAGTTAAACACAAAGAGACATTAGGGAGAATAGAAGATGCGATCAGAAAGCAACAAACTAAAAAGTTAAACACTTTTTGAAATGGTCAGCTTGG
LG14	ref-62005	44.418	Chr12	36772499	TAATCCACCTGCATAGACCTCTACAGCGCAGCTGAATTAGTGCTGTGCTACTGCGAGGTTAAATCGCACAGTAATTAAGCAGCTCTTGGGGGATGTTTCCAGAAGTTTGA AATAGAGCACCATTTATCTGCTCACCTCTTTATCTTCTGCTCCAAAATGGTTTTAGAAAAACGAGCCTGGATTTAGGCTGAGGAATGTTGTGTTTGAAGGGAGTCAATTGCA CGGCTATACGTTTTACAAACCAAGATAATGCATGACATAACAATAACCTGCAAACCTAGATCACACAAGAACAGCTTAAAGGGCATATTGCAGGTTAAAAAAAACATA AAAAAATCAAGATGAGTATATAACCTTATACGAAAATACCATATGAAAAGGTACTGCAGATTTTAAAAATGTTTTGCAGGTCACAAGGGCACAAATTT
LG14	ref-32491_31	46.06			AGAGAACCACCGACAATGTTGCCAAGTCTG[C/T]G
LG14	ref-46692_1	46.517	Chr9	32060932	TCTGATGAGCATGTGAACACAATGGCCAATCAGAGGTGTTTACGAATCCACTCAACAGCGCTCAAAGCGTCACCTTTTTAAATTTTCGGTCTGAAGTCGGTACTTTTGAC ACTACTTTTGAATATTTCCCTGAAAAAATACTTCTGAAAAAGTGGG[C/T]GACACTGTTGCACCTTTATTCGCAATGCTTCATGCTAATGCTAATTGGATC AATGTAAATGTGTTTTCTGGTCATTTTGCAGCTAAGGGATGAGTTAGATGAAATAGAGCTTCGCACTGTGTCTTAACAGACATAATGCATAGATGTCCGAACCAACCA CCAATTTTAAATTAACCTACTTGTCACTAGAAACATCT
LG14	ref-44346_23	46.809			CCACTCCTCTCGAACCACCTGC[A/G]GGCTTGAGC
LG14	ref-35029	47.593			ATACAGTGAACGAAGAAGTTGCTGTAACCTCA
LG14	ref-5632_9	48.077	Chr2	42780123	AGCATTCACTTTTTCCGCTTGCAAATTCCGCCATGTAAATAGCGAATCCACCATAGCGCGAGTGCAACTGGCTTTTTCAAAGCGAATGGGAGATGAGACTCTGATTTCGGTT TATTGCATGTTACGCCCAACACACACCCATGACTCATTAAGAGAATAGGGACAACCTTTTAGACCA[A/G]GCACAGGGCTCGCCGACCATTTTCTGTCTTCAAACCTAGC AAAAGTGGATTTCGGACACACCCTAAGTGCACCTGACCGTGAGCTTTAGACCATGCGCTTAGATCGTTAAATAGGACCCTAACACTAACATTAACATATTAGCATGTGAA CCAATGCCAACTCAAAGAGAGTGTTTTTGATTGACTGC
LG14	ref-12636	49.225			TGATTTCAGCACGATTGATGTGCACCTCCTGAC
LG14	ref-8419_26	49.76			CCGCAAGTACCATGTTTTACCATGCCTAATATCGATCTAGCTTACTGCAGTGTGCATTAAGTGTCTCAAAGTAGCCGCCTAACGAATGCACAGAATAGCATTATAACAAC TCAACACACACATGTATCTAATATGATAAAACAGCACTGGTTTAAATCCACATACATGACCGGAAGAAGCGGAAGTGGTTGTCTGCTCCACTGCTTACGAGCCGTGTGC CGCG[A/G]TTGTCTCATTAGCAAACGCTCCAGTGGCCTCGTTCCGCTCCAACAGCTTTCAGCCCCACCTGCTTCATAGTACAGTAATGTTAATAAATCTTTAATACATTAG CTCAATCCATGAACATGATTTCTGCCAGAGTCCCATCGGACTCTTTTCCACCGGCTGTAGACATGAAGACAACACCTTCCATGATTCTACGAAATCAAGGC
LG14	ref-26811_32	49.854			TTTGTGGTAAAAATGTCTCGGTTCAATTTCTTAATGCAAAATATCATTTTGTATTTTCATTTTATTTTAAATAATAGGGTGAAAATTGTTTTCATCAGATGTTTTTATAACACT ATTTAACTCTCTTAAGTTAAGAATAGTAATAAACTACCCACCAGGGAGCAGGCCGGACATCAGCACTGAAGTCGACTGGTCCA[G/T]CTTGTTTAAACAGAATGTAGG CGTATCTGTGAAATCCTGTCCCTCTGGCAGGAAAAGGGCTGATGTAATGACAGATCTTTCACCTGACGTACAGAAATCCCAGGAATATCCCACTGTATTGAATAAGTA GTAAAAACTGATATCACCACAATTTGTCTCAAACAA

LG14	ref-43767_30	49.903			TCCAACATGACAGCTGTTCCAAAAGGTAACCAGCAATTATATGCTGGCAGATTTTAAGGCAGATTTTACGCAGCAAAGTAGTTCAGTGGTTTTGGATGTATTTCCACAATTT TACCCCGTCTGACTCACAATCAGACGGCCTCATAGACCTCAAAGTTCCTCTGTTCTGGACTCATGGACAGACAGCGCTGTCTCTCGCAGAATGAACCGAAGTGTGTGCG CGCGCG[C/T]GTGTGTGTGTGTGTACAGTGAGCAGGTCTTCCTCTCAGACTGAAGTTGTAGATTAGTCATCTCAGCTCTGCTTTATGTCTGATACTAGGGTTTCCCACTCAC TGGACACACTGGGAAAAGAAACAGACACTGTGGACAGATAACATTGTGAAATGTCCTGGTCAGCACATTTACAGACTCTCTGAAACACTCAAACAAAA
LG14	ref-10724	50.507	Chr12	41260157	AAATGGATTTCGGACACGCCCTAAGTGCACCTTGCGCCGTGCACTTTAAATCATGTGCTTAGATCGTTAAAAATAGGGCCCGATGTGTCAAAATGAAGTGAATGTCCTGCACA TTAATTATAATGCAATCTGGAAAATGCTGTTTACTACTGACCTCAGTAACAGTTGGCTGTGGAACACTGCAGCAACTTCGCACTTTACTCTGAATGTCCTGTCTTCCAAAAA GGTGACTTTGTCTGATAGCATAACCAGTGAGAGATGAAAACAACATAGTAAATTATAGGCAGCATGTTTTGAGACACTGTTATATAATGCAGTGAAGTCATAGAGGCAGG AAAAAACTATTGGTGTCTATAATACAATTTTCAATT
LG14	ref-52806	51.064			GAGTAAAGTGCGAAGTTGCTGCAGTGTTTGG
LG14	ref-24949_15	51.211	Chr12	27153484	CATGGAGGAGGCTAAGGTGGAGTTGCACAAGATCACTCGTACGTCAGAAAACCAAGGAGTACCAGTGTGGTTTTAGCTAACAAACAGGACCTTCCAGTCGCACTGCCTG TTTGTGACGTGGAGAAGGTTTTGGCTGTACATGAAGTGTGCTCCACCTACACCACGTGCAAGGGTGCAGT[C/T]CGGTTCGACGGGCAGGGGTTGCAGCTGGGTTTGG AAAAACTGTATGACATGATCCTCAAACGAAAGAAAATGGTTAAGCACAGCAAAAAAAAAAAGATGAGCTGACTGTGACAGCCTCGGTGGACCTGAGTTGTTGTCATAGG ATTTTTCGAATCCCTGAATGAAGAAAAATGCTCCAGATGGCCC
LG14	ref-32138	51.834	Chr12	31531631	CAGAACAGTCACAATATAGAAGTTTCCAGGCCTGCATGGGTTTTGCAATAGTAGAGAGGGGCAGGGAGCAGCCACCTCCCGCTTAACCCCCCCCCTCCACCATTGTTGGC ATGAAATCGGACCTGTTCAATAAAATAAAAGCAGACGGTCAGCAGATCAGGTTCCAAGAGGGAATGCTGCAAGAGAATCGAAAAAGAGGAAAGGGATAGTTAAAGTTTT GAAGGGAAGGTCTTGGATCCAAAAAGGGATGAGGAAGACTGTTGACGTGTAGCCAGGGGAAGGATGTTTTCACTTAGACTCTGTCCAGGATCACAGCTACTTATGACAGC AAATGATACAGAAGAGAAAGGACAGAGAGGCAACATGGA
LG14	ref-55516_23	51.879			AGCCATTCACTTGTTCCTGAACAAATCGTTTGAGTATATGATTATAAAAAACAGTTATCTATGCCACCTACTGGCTTAACAATATAACCTGCAGAAAAAGTCAAAGCACAAT TATTATATTATATTATATTATATTGTAGCGTCCTTCTCTGTCTGCTTTGAATTATGTAGGACAGCGCACAAAGGTTCG[A/G]TAAATATGTTGAAGTTAGGCCCTCTGAT GTCATAAATGAAATACTTCTCCCTTAGAAAAATTACTTATAATTAATAATCCATACTCAAACAAGATTAAATTTGTCGAGAATAAAACTCTTGATAACAAAATGTAAATGAT TCAATTAGAATAAAATCAGAATAGTCAAAAGTCAGAAT
LG14	ref-22915_14	52.018	Chr12	23397584	TTGTTACATTCTGTAGCTGATTGCAGACTGGACTAGGGTGTACATGACTTGAGTGATTGCTCTCTTCTAACCACCACAGCCCCCTTCCCATACCCCCACCGTGGCCCTC ATCAGGTGATGTGAGTCTGAGTGTGTTGCTCCTGTAGTTTTTAATCTGTCTGATAGCTGAACAAAAGCAGAGTGGAGGAACAGAGGGGGAAGAGGGCGAT[C/T]ATGGT GCATTGTGGGTAATAATACAGCTTGTAGTAGGAAAAAATGGGGAACAAAAGCATTGTTGTTATTATGTTTTTTTTATAGCCTGTCATTATTGCAACTCTTTTTTCGTTTTCTT TCACTCCTTCTCACATGCTCTTCATCTTCTTGCTTGAATGGATGTTGGTCCTGTGGTTTTATTTTTTTTCTTGCTACCCATTCAATTACA
LG14	ref-66729	52.034			GGCGTTTACACGAACAAAATGCATGTTACAT
LG14	ref-36023	52.624			CTGTCTCTGAACTTCCATAAAGTGTCTGGTTGGCTCAGCTACAAAATCAGACATCAGAAGACTACAGAGGATGGTTCGGACTGCTGAGAGGATTATTGGTTCTCCCTGCC CACCTTCCAAGAACTGTATACATCCAGAGTGAGGAAAAGGGCTCAGAAAATCACTCTGGATCCCTCACATTCAAAGTCACTTTCTCTTTGAACTGTTGCCGACTGGTCGGCA CTACAGAGCACTGAGCACCAGAACAACAGGCACAAGAAAAGTTTCTTCCCCCAGGCAATCTACCTCATGAGCAGTTAAACGTTCTCTCTACTGTGCAAAAATATATATATA AAAAAAGTATAGTGTAAAAAAAGTAAAAATGTGTACAGTTTCTGTGATGGGTAGGTTTAGGTGTAGGGTGGTGTAGGGCGATAGAAAATACGGTTT
LG14	ref-56625_18	52.952			AGGACTTTGCCGATGTG[C/T]TTGCCCTGAGCCAT
LG14	ref-31449_31	52.981			CTACTGATGACGAAATTCATGCCACACACA[C/G]T
LG14	ref-31449_30	52.988			CTACTGATGACGAAATTCATGCCACACAC[A/T]CTGTAAACGCTGACCCTTGCAAACGCGTAAAAAGTGAAGTATACATTGGGCTTTAGCCTCTGTATTTCAGTGTATATTA CACCTTTCTTTTAGCTTCTTATGTCTGTTT
LG14	ref-65708	53.101	Chr12	38273244	CTACTACATTGCACCATGTTGACTTTCCACTTGTAATATTACTGACATTTTGCGCATATGCCCTCACGTTTGCATCCTGACTTTTATTTTATTTTCTTTAGCCCAGTCGTGA CTATAAAATCAGTCTGTTGGCCCTAATCTAATTCTTCGACACCTAAATAAATGGCCCCCTGTATAGGGAATATGCAGAACTATCTGTCAAGCAGACGAATTGGCTACTGT GGAGGTGAAATAAAATACAGGGCCCTTTTTAATCAATGACAGGCAAGGGGAAAAAGGACCACACTCTGTTGTCCCTAATGTGTCCTGGCTAATGGCTTGACAAAGAC TAAACAGAACAGTAAGGTGTAACCTGGCAGAGGAAGATTAGCAAGCTCCATCACATCACTAAGCAATGACACTGCATGGATACATGGCTAAAAGTA
LG14	ref-39081_31	53.203			TCGATCTTGACTTTAATACAAAATAAACAAATACAAAGCGAAAGTAAATGGCACAAAAGAAGGAGGCGGGAACAGCGAACGTTACAAAACCTTTAATACACAATAAA CAAAGCGAAAGTAAAAATGGCACACACAAAACATAAAAAACATAGCATAAATCCAGGTCTGGTCCTCTCTTGTCCTTAACTGTCGTCACCTCCTCGTGATACGAGACCGGT GCAGTGC[G/A]GTGATGTCCTTAGCAATCACGCCACCGGCCTTGCACTGTTCTCTCACGGCTTGACACAACAATAGTTATTTTAACTGTAATAGTAGTTCACAATAT

					TACTGCTTTAACTGTATTTTTTATCAAATAAAATGCAGCCGAGTAAGCATAAGAGCCTTTTTTAAAAAACATTTTAAAAATCTTACAGACCCCTAACTTTTTGG
LG14	ref-45783_30	53.759			TCCACTCCACTGAGAGGAGGAGTAGATACAGAGGGAATGGTGAGAGACGGTGACAAGTGGGTGGCAGAAATGGCTGAGGGCTGAGGATGAGACTGGAGTATGAAAAAT AGTCTGATGATAAAGGATAAGTCCTCTATGGTGGTTAGGAGAGGTGGTGGAAGAGGGAGGCTGGGTGGGACTGACGGGACAGATTTTTTAACACGAAGGTCCGAACTTT GTGCTGCCAGA[G/T]TCTTTCTTTTGGTGGCAGGAGGTTGGACAGGTCTCTCCTTCTTGCCCTCCAATTCCACGATGGCTCCCTCAGCGGTGGATGGTACACCTGGTCAGACT CGTGCATCTCAGGCTCCGTGGCGTTGTTGGGCTCACGCTCCCCTGATGGCGTGGACTCGCAGCTTGCGGGCTCAACATCTGCGGTGGGCATGAAATGCTTTATC
LG14	ref-41317_32	53.987			GACAGATTATTAATCAAAATGTCCTCCCAATCTAAAACTGGAATAATTTAACAGTGATATGACTCCTTAGATGTTATTTGATGTTACAACATTTATTTTTATTTTTT TACCTGCAAGAGTCTCCTAGGACAGTGCTACTCAAAGTACAGTACATAGGCCTACCCCTGGGGGTACGTGAGGTGACAAAAGGGGGTACGCCACGCGAACAAAATGCT GAGTAGTT[A/C]ATTTAACTCTACCATACCTTGAAATAATATTAATACCGAGCATGTATTTCTAACTGGTAAAAATGCCGTAAACCCAGTACATTTAATCAAATTACCTCATCT TTTGAGTCAAAAATTGACTGACGTGCAGTCGCTGCCTCAAATAGCGCTAAATTAAGTACCTGCTCGACAATGCATCTTTGTAAAAGTGGGGATTAGCA
LG14	ref-37202_2	54.215			AGCTTTAAGGGGTTTTATTTTGAATAACGAAATACTGATTGAACATTATCCACTTATTACACAGCTTCTCGCAAATATAAATGTGTGGACATGAAATATTGATTAGAAATT ATTGTATAATCATACCTGTATATTATCTTAAATCTTCCGTTAAGGAATAAAAAAGTAC[C/T]CTAAACATGCAAATCAATCGGCTTAGCAGTAAGACGAACTGCAATTA AACTGAAGTTCTATTTAAAAAAGAAAAGAAAAAAGATAAAGTACGAGTACGATTGAGTAAAGTGCATTTGTTGAAACAAAAGAGAGCAGTCAAAATAGCAAAAT TTCATGCAGGGGCAAAAAAGATCCATCATCGATTGTCAAT
LG14	ref-8834	54.404	Chr12	21546436	GCATTTTGGCAAACATATGGGCTAGATGATAGAGTGAGTGATGAATTTGCTCCATAAAGTTTGATTGGCGCAATTTTTTAAATTGTTATTTAGTCAAATACATATGTACTA CTGCAATGCTTTACTAGCTTACCTTCCAGCTAGCACTATCCAGCCTTTACAGCTGATCCAGAATGCAGCAGCACGTTCCGTCTTCAATCAGTCTTAGAGGAGCCATGTCACA GCCCTCTTGGTTGCCAGCATTAAATATAAGTCTCAGAAGGTAGCATATAGAACCGCCTACAGTTCTGCATGCTCTTACCTAAACACTTTACAAAATTTATGATCCTCCTTAT TCCCTGCAGTCAGTCAAAAAGTGTGATGCCTGG
LG14	ref-63963	54.662			AAATCGTGTTTCGAGTCTGCTGCGTTGCGAGA
LG14	ref-30367_1	55.039	Chr12	30618106	AAAAGTATATTGTAAATGGTAGAATGATAAATAATGGCATAATACATTATTTTCATGTGTGTGGATTACATTAGAGAGTGTGTGAGTTCTTGGGAGATGACGGGCTGTC TCTGAGAATGCTGCTTTCTCGCGTGGCCCTTTTGGAGTGCTGTATACTCTCACCAGCTA[A/G]CTTACCTGCAAGGCCCTTCGAGAATCCCGCCACTGATGCCTGTGCC TTTTCTGCTGTAGTTCGTGCCCTTTGTCTTCTTAATATCCTGATTGTCTGCGGATCGCTTCAATGGAGTGCGGGTGAGTCTATGATGTGTAATTGTCATATAAAATGCTTT TATAGTGAATATCCTGTTGTAATTTAGAGTCTACACT
LG14	ref-39225_23	55.148			TATGTGTATGTTAATGACATGTTAAGAATATTTATCAAATATTTTGTGTGCATGTATTTTCATGTAGAATATTAATAAGCTATACATCTATAATGTAAGTCCATTCAATTT GAAACAAATATGAAGAAAACATCACAAAAAACTGGATTTTAAAGATCAATGAAAAAGCAAAGCAGCACTGGTTTCG[C/T]ATAGACAAGTACTGTTTCTGTCTGAAA CTCTGCCACACTGGCCATCCCTACTGAGCCTTGATTGTGTATCTTAAATGACGCCATAGCCAAAGCTGTACTTATCAAAAAGAGTCTTCTTCTATGAGGGAAAAA AAAAAAAAAAAAATCCACACAACCGCATACACAGACTGT
LG14	ref-16620	55.227	Chr12	31299874	CCCCCTGCATAAACAACACCTGCAATGTCGCCGGTGACATGAGACACTCTTCATCTGGCTGAAGGCTGCTTGGTGCTAACGGTGTGATCACATCCACATAATGCGCTTTT AAGTGACACCGCGCGACACATTTACGCCATTATTGGGGGAAGGCGCCGTGGCAGGTGCCGAAAGGAGGGATGTGTGTCGCATGTAAATTGTCCCATCATGTGATGTTGA TTGGACAGTGTAATCAGCGGGGCCCTTTTGTGCATGCAGGTTTGCTCACATGTGACACGGACACATGTCGTAGTTGTCAGAGCTCAACCGCGCCAGAGGTTTAAATGAAG CGACACCTCCTAACATGACTTGATTGCGGGGTGCCT
LG14	ref-5067_7	55.73	Chr12	24106076	TTCTCTCCCACTCTCCCTACCCCCACTTCCCCATTCTTTTTTTCTCTGCGCTGTGAGCTCTATTAAATCTGTGTGAAAGTGCGTGGAGAAGGAAATGCACGTTTATCTTTAC AAATTACGGTCTTTGCATTAAGCATTTTCATCTTCTGATGAATTATCTCCAAAGCGAACTGCTGCCTGTGCTAATTTTTTTGCTCCGAATT[C/T]GCACGAGGGTAATGCTA GCTCAATTAATTCCTTTTCAGTCTGTACAGCCGGTCATGATTACGGTACATAAAAGTGTCTGAGAAACGTTTTCAGGAAGATGGACAAATACTGCCAATATTGTCTATCC ACTCAAACAGCAGTCAGTCTATTGAGCAGACTATTTGCTGAATACAAAGTGTCTTGACGTATCTTTTTATTATAAAAGTTTGTGATGAAACGCATTAT
LG14	ref-67305_24	56.77	Chr12	9445718	CCGTATGGGTAAGTTGGTGCCTGGCAAGATTTTGAGCGATGTTGAATCTTTTCCGCAAACATTGCAGCCAAATGGTTTTTCGCCAGTGTGGATTATTTCTGTTGGTTTTGAG ATGTGCGGCTTTCCCGAAGCATTTTCCGCGAGACTTTACAAACAAATGGCTTTTCTCCTGAGTGGACTCGATGGTGGTCAGACAGACTCTGTTTGTGGCGAAAGCCTTGCC[A/G]CAAAGAACACAGCCGAAGGGCTTTTCTCCAGTGTGAATGCGCTGATGTGATTTGAGGTTGCTTTGAGAAGAGAACTCTTGCCGCACTCTGAACAAATAAATGATCTC TTTCCGAAGAGTGTAACAGCGTCTTGAGGATCTTCACAGCTGTCTTCTAGCAAAACAGATGCTACTCCATCTTCTGAAGAAGTGTTAGGTGACCTGACA
LG14	ref-53742	57.193			AGCCAGTCATCGATCAGGATGCGAATGCCCA

LG14	ref-52354	57.354	TGTGATTTATTTATTTATTTGAGGAATGTAATGGATTAATCGTCTGCAGTAGTGCCAAAAGAAATATCACCTTTGAAATATCCTAGTCAGCTGGTGAATTAAGTAATAACA TCATATAGCTACAGTACAGCGCGACTCTTATCCTCTTATCAGGGTCAGGAGGATGTGTAATGGGCGGCACATAACTCGTCATCAGATTTTAACCAATCAACGGGGGGTTC TCTGTTGCGGAGAAGCCAATCAGAAGAGCTATATTCACCTTTTCAAACCTGCCCGCCATCTTGCGTATGTACGTTTAGGACATGTAAACGTTTGTTTACGGAATATAGATAT TGCGAATTATTATTAGTTTTTGGATATAGCATT
LG14	ref-50905	57.356	CCCACGCCCCGAAGAGACTGCAGCCTTAAT
LG14	ref-22617	57.438	AGGGAATGATACGCGGTGCCATACTTCAGATATGCCTGTGCAATTTCTTCAGACAAGCGAATCTGGTGATGCTCTCGTGCAGGTGTTATTTATAGACTTAATCACACACAA CGTTGCATCACCTGCCTTAGTCCTTGGCCATTGGCTTGGCGTGTCTACATGTGACTCAGACACCGACTCACAGTGAAGGCATCACATAGCATCAACACGATGATGTTGCCG TCTCATTTCCCTTTCTCTGGGAACCTGGGTTATATACATTAATCTGAGATGATTTGCTTGTGGCAGGGGTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTGTACTGTAATTATATTAACCAACACAA TACAAGAATGTTAATATATAGGGCTGAGAAAGTAACACGTTAATTTCTGTTATTAATACTTGGTGTTAACCTATTACAAATAATTAACGCAGC
LG14	ref-59022_27	57.445	TGTTGCAGTACGAATGCGTTGCAGTG[C/T]GCGCT
LG14	ref-21961_4	57.475	AAATTAGCTAATTGAATTCAACTGTTAAAAACCAATACTTATAAGCAGGACAACCAAAGTGTGTTGTAAACAAAGTGAGAAGTTGCTTGTCTACAACATCCAGAAGCTTGCA TGTGAAGGCCCCACGCAAAGGTTATTGGAATTACAGTAGGTCAATCCAACATGGCATCCAG[A/G]TGGTCAGCAAGATCATCGAACATGTTCCCTATATCATCAAGAATGT TCCCAGCTGACTTCACTGTGTTAATGCCCTGAGAGAAAGAACAAGAACAAGGTTGAGAAGGTTAATATGGAGGTATTGTGGTGTATGTCTTAATAAAGGAGTGTTT ACACTGACAGCAACCTGCAGTCATTTACATTTCTATGAG
LG14	ref-41579	57.603	AAACGATCCTCGACTACATTGCGTTTCCACA
LG14	ref-57409_5	58.204	TTGCATTGTGGCTATGGCTATTTTGATAGCTTTTGCTCCCTGCGGTATTTCAGAGGAAACAAGAAGCGGGAAATGTGTTTTTCATTGCGCAGTGTCAAAAAACAAATGCTTCGTC AAGAAAAAAGTTTTGCTAAATTACAATGGAACACACTTACCATATCATATACCAATAAAC[A/G]CACGCGCATAACTGTGCTCTACGCTGCTGCTGACTCCCAGCTCTGTA CGTTTCCC GCCCGCAGCGTGACGCAAAACGTCAGGTTACCACGTTTTGCATTTGTATGACGTGATCAACTGTTGCCTACTATACAACTGTACTGTGCGCTGTTTCATCTTTC TTTTTTTATTACTTTGTTATGCTAAGTTAATTTTAA
LG14	ref-28004_30	58.29	AGTGTGCCAGAGCGAGCTTAATGCTGACAGCGCTCAGCTGAATATGACATGACGCTCTCCCCAGATGAGACTCATGGAATATATTCACTCTGAAAGAGCATATCTCTGGTG TTCGTAAAATGTCGAGCCTCTCAGCGCGTCGCTTGCCAGCTCCGCCCCCGCAAGCCGCGTTCATTGAGGACCAATGCTCTCACTGCGAGCACACGAGTGCGAGCTCAATGC TGACAGC[A/G]TTCAGCTGAATATGGCATGACGCTCTCCCCTGACCCAGGCGAGACTCTTGAATATATTCACTCTGAAAGAGCATATCTCTGGTGTTCGTAAAATGTCGAG CCTCTCAGCGCGTCGCTTGCCGGCTCCACCCCCGCAATCCACGTTTCATTGAGGACCAGCGCTCTCACTGAGGGAGCAAGCTCAATGTGACAGCGCCCAGC
LG14	ref-29678	58.865	TGGCCGGCCACGACCCTGTTGCTGCTTCACC
LG14	ref-33198	59.617	CTTTGTTTGTAAACGGTGTATGTATATTTGACTAGGTGAAAGATGCTGCTATCCTGACCCTAAGCCATACGCTTACAGGCATGTCATCCATGTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAA TCAGATCTCTGAACATGCTTCATGTGTGTAACAATTATTTATTTTCAGAAATGTGGATGTTGTGAAAGCACTCATTTCGGACCACCAAGAGAGATTTGTCATGAAATTGGA TTAAAAATTTAAAATAATCATTTTTTCAAACCCAGAGTGAAGCTTGAGCTCGGTGATTACAGAACGATCCATTCTGTAATCGATCCACTCACATACATTGATACAGTTAGT TTGAGGCTTTGGCTTATTTTGGAACTATTTTCAT
LG14	ref-39677_31	60.313	TCTCCAGCGTCTCCATTCTCCAATGTCTCCATTTCATCTCCAGCGATCCATCCATCTGTAACCTATATCAAAGACTATATCATCTATCTGCATTCCCAAACCTACTCTATCATCAG CACATACTCACCTGCTTCACCATTGTCTCTGCTGTGTGTTCAATAAATCCATCTATTTGTAATCTCTGCTCCGAGTAGTCCGTGTTGTAACACCTACGACCTGTCTGCCTAA GCAG[A/G]ATGTCTAGATTCAGCACTCTCACAGATTTCTCCAATGAGAAGGTAAGTCAAAACAGGCAATAACCATTTCAAACCGGATTGAAATGGTTGTAGCTCTAGAGAGA GGAGGCCTAGCAACACTCTACTCTAAAGACAGCAGTCAAGAAGGCTCATAAAGAACCTTAGTGCCACTGTCTAGAAGGAAGAGTTCTAAAGAGCGGAG
LG14	ref-21387	60.514	GCCTGTTATAACCCGCCATAGAAGGTTTTGAACAGGTGCATTGGCCGGATCAATTGTGTCTGCATGTAAGTGCAAGCTGGTCTCCTTCACACCATAGTTATCAAAAAAAGT AGTCCAGGAGACTGATCACACAGTTGGCCCCCTTGCCAGTGATGATTGCCTCATCTAGAACAAGGATCACCATCTGTGGAAGCCCTTCTGTTACAATGCCGAACACAGCGC ACTTGCAAGGCTTCTTGAAGAAGATTGGTCCTGGCTGCATGGGATCGTGGGGATAATGCAGCTGTTGAGCAAAGTCAGGGCTGTAATGAACCTGAAAAACAATGTGCAAA TGTTTACTCACTTTGTGCGATACACCATGTTTTCTGCAAAAAATGAAAAATCCATTCAAAAAACCAAGTGCTTAATGGTAGAAATGAAAGGCACTGCAAGATTG
LG14	ref-33834_10	61.126	CAGAGCCTCGTATAAGCTCTGGTATGACTGGGTGCGGTTTCATCTCAAAACACAATTTACACAGTGTCTTAACCAGACGCGACGCTGTTTATAGCCTATTCCGTTGCTAGTG CAGTGCGCTTTAAGAGAGAGCCCCGCCACACGCTCTTCTGATTGGCTGTGATTTTGTATTGGGGCT[A/G]CGAGGCGTGTGCGCTCTGGTGTGGACAGACAAATTTCTGTGC GCTGGAATCTTATCGCATCACGTCTGGTTAACGCTAGTCATTTTCTCTCTACTGTCTGCCACTACATCCACTTTAGTCGGTCATTACAGATGTTTCGTACAATAAAGAGG GAAATTAATTATTATGTACGCCTATGTATTTTAAAAAT
LG14	ref-11698_6	62.107	GAATG[G/T]TGAGCGAACATTGTGCTTGGTATGTT

LG14	ref-20732_23	63.502			GTTGACTATTTGAGAAGTCATCTAACAAACCAACTAGTTGATCAGTGTAGTGGTTGATCGATATATATCGGCCGATATTTGGCAATTTTTTTTATTTTCTGTTTGGTGGTTAAGTGACAAAAGCAGACTTTTATTTTGTGTTTGACAGGAATTCACAAATAACTGCAAAATGCACCTTTTGGCATGCTGATCG[C/T]TTGCTATATTTAGCATTTATGTCTATATCTTGTCTTTGTTCGCTTTGCACAGTACACAACATTTGTGCAGTTTCTCCATCTTTAAATGCAAGTGATCCTCCATCTTTGAATGTGTCCTTTCTTTATTTGGTTGAACTAATCCTTTAAGTGTGTAAATATTTAATTTTTTTTGTG
LG14	ref-62265	64.627			GGTCTGCCCCGAGCAATGTGCTTAACTAGG
LG14	ref-60462	65.616			GATTACAGCACGACGCAGCTGCAAAGCCTGG
LG14	ref-30279_24	66.998	Chr12	13653514	TGAAGAAAGAAAGACATTAACATCTTCACACTCATCATTCATTCCAACTTTTTTCTGTCCCATCAAACCTGCAATGCTCATGAAGCGATGGGAGAAGATGGACAACCTGGA TGGTGTTAAGTTCAGTTCCCTAAGACACACTGCGTTCCTGCAACAGCAATACACACGTCAACATCCTCTGTGATGAGCCACACACGCCGGCTCCACGAGAATTGTGC T[G/T]ACAAAAGAAGAAATATTAATAAAAAAATGAAATTAATAATATATGGTTACAGAAAATGTGAAGATTTCTAAACACCTTAGATCAACCTCAATTGGCAAGTCCC AGAATAGAATTATTACTTAACCGCAGAGCTGGTGACTGAAACAGGTAGTGACAGTTTCCCATCAGAAGGATAGTTTCAGAGAAGAGCTAAACCCCTACTTTT
LG14	ref-30796	68.69			GTGTGCTTTCCGAATGGAGTGCTGTGGCAGT
LG14	ref-66634	69.792			CAGATCCACTTGGTCATTTTACTGAGGTAAACGCTGCACAATAATATCACTTTTTTACAACGTGACACACATAATGGTAATTAATATAATTAGCCTTTTGCTACAACATCATC AAATAGTTTCAAACACGTTTGTGAACTGTCTTAAGATCACTGCAGTTTAAAGAGAAAATACTCAGCAACGGTGTTGACATGAATTTGCACGTTTTTTCTTAAAGCATAT TAAAAACACCACATAGACATATAAACAACTTAAAACTTGATTTTCAACAGGGGAACTTAAAAGTTCCTAATTTTGGTTTGTAAAGATTCAGTCTCTCTATAGAG ACAGAGCGACACGGGTCATAATCTGAAAACACG
LG14	ref-8351	70.255			GTAGAAGGAAAAACAGGATGTGAGGACAGAGGGGCTACTCCGGAGCAGGAAGGCCGTTTTACCCCTGAGGTTTCGACGGAAGAACGAGACCCGAAGACCCGTGCCGTG GAAGTGCTGACAGCGTGGGGATAAAACCCAGGCATCAAGAGCGAGGGTGCTGCAGATGAACCCAGAGGGTGCGTGAGGTCGGTCAAGGCGGGAAGTTTACACAGAGCA TGTGTCCCGTCTTCAGGCCGAGAGTCTATGCAAGCAAGAGCTCGAGAGGCCATAAAAGGGCTGACGGTATCTGCTACGCCCCAGTTCAGACCTCAAGTGGGAGATATA TGCCAAATTCATCCAAACCCCTGGATGTTGAAATGTCCTA
LG14	ref-58100_10	72.139			GAGAGCGGCAATCTTTAGTGAACGCGGCTTGTGGGGCGAGCCGGCAAATGACGCACTAGAGGCTCTGCATTTTGAAACAAATTGCCAGTGAGA[C/T]TAGCTTTATTA AAATAAGCTCTATATGCTCACCTGACCAAGATGGCAGGTTGGATGAGCTGAAACAGGTGCTCTAGGACGCTGCAGGCGGCTCGAGAGCGAAGCACTGACCAGGCTGCTTG GGAGTGGCAGGGAGAACAGAGCTGCTTGAGAGTAGCGAACTGATCTGGCTGCTGATGAAGCAGCGCTTGATCAGAGCTTGCATGAGAGCGGCGAGCTTATCAGAGCCT GCAGGCTGCTTAGAGAGCAGCAGGCTGATCTGACTGCTGCAGA
LG14	ref-48115_29	76.691			TTGCTCATTGCGACTCTTTTGCCAGCAC[A/G]GGT
LG14	ref-41144_24	78.345			TACCATCTATTAACAACCTTGTAGCTCACAGTAGGTCTGTCTTTAAAGGTTTGTAAAGCAATCATTCAAAATCAATTCCTTATGGAGAAAATGAATGGGACTTTTAGAGAC ACTCACCAGTGGACTGGGAGTGAAAAATAATATAAAAAAGCCAGACAAGCATTGATTTTACTCTACAGCCCAAAGGCATAAGATGACTTGTGCTGGACCGATGTGTTG CT[A/G]GACTATCTCATATAAATTATCCATGGTGACATAGATTGTTTCGTAGTCCAGCCTGAAGCCTCAAGCACCACAGCTTGTGTGTGGCCTGTTCCAAATTTTAAATC GGATAAATCAGTCAAAATCTGTTTACTTCCCAAATATTTTATATATCCAAATAGTTAATACTCCAAAAATCTTTGTTTACTACAAAAGAGTGCTGGCA
LG14	ref-53018_4	81.809			TTA[A/T]ACAACGCGAACATCATGCAGTATGGCAA
LG14	ref-67456	83.911	Chr12	9547057	AATTTTTAAATAGCCAGTATAATAGTTGTATCTTGACACAACCTGCCTTTTCTGTAAAGAATTAACATTTTGTGTCTGTGTTAGGGTACAGCTGTATTCTGGTATAATCTC TTTCCCAGCGGAGAAGGAGATTACAGCACAAAGACACGCAGCTTGCCCGGTACTGGTGGAACAAGTGGGGTGAGTGTCTTGACACAGTGTATTATCAGGAGATTTCT TCATG
LG14	ref-1571	86.649	Chr12	8120834	CAAACTCTAGTGTTCATTAAATGTCTGTTTTGCACATTACACCGAAGACGAGACCCACGGCTCCATCCTGCTGCAATTAGCACAGTCGCTGTCAAAGAGGCATGAACT GATTCAGAAATAACTTGACAGATGTGCAACTGAAATCTCTCTGAATCTAATTCAGTTCCCTTTTACAACACGCCAACAAAAGCCGTTTGTGTTGAATGTGTCGAGCGGCGCT GATTGGACGTGGAATTGCAGCGCTGCTTCAGAATGGGCCGCTCTGAAATATGATGACACCGCCTTAGAAAATTAACCCATTTGTATGAAACGCGAGAGGTTTGAGAGA CAATGCAAAATGTTGCTTGTAAATGCTCAGATGAAGGTTAAAGAAAAACAAGAAATATCAATGTCAAAACACACTTTGTGGGTTAAAAAGTTCAAATAAG
LG14	ref-60066_28	88.556			TCGCGGCTGCAGTTTGTGTTTGTGCACGGAGAGACAAATCTGTGGTACGGCGGAGCTCCTCCACCACCTCAGGGGGGATCCCCTGGCCCTGGTCCAGGTCCCTTCAGCAGGT CAGCCTGGTAGGCTTGACGACTGACCCGCTGCCGCATATGCTCTGCCATTACGCCGTGATGTGACACGCAGTGTCTTAGACGGCAGAGATGGCGTCTTCGATGCGGATGC CTCAC[C/T]GACCGAGAGATATCTAGCCAGCCTCTCTGCACAACATATATTCCTGCATCACCTCCACATCAGCATAGTTTGCTGCATACGATCGATATGAGCAGAATATGGT TTTCCCCAAGATCTCTGCACCTCAGTGTGAAAACTGGGAGAACGGGAAGACTCATACGAGCTGGGCAGTTATGTCTGACAGGAAGCGCTCATCGAGGCG
LG14	ref-66895	88.709			ACCTGTCACTCGATGAGATTGCATCAATACC

LG14	ref-41376	89.158			TGTCTCAGTACGACGTCAGTGCGACGAAAGG
LG14	ref-55694	90.946			GAGTTTTTGCGAAATAACTGCATTATTGCC
LG14	ref-12065	91.883			TTAAACTGCCCCGAAGGCTGTGCCCCACCCA
LG14	ref-49797	93.307			GTGTTTTTCGCGACATTTCATGCTGAAAAATCA
LG14	ref-59783	94.558			TAAAGAACAAAAAGTAGAAAAAGTGTTGCATCTTTTAAGAATTCAAACGTCCTGTATCATATCCATCCAACGCGACAAGCAAACGCAAATGCAACAAGTGGTTAACGC TGCAAAATCAAGAGATGTTTAGCATTAGCAGTGCCGTCGCCTCTTTGAGCAACTCAGTGTAAGTGTAAGAACTTGTAGCATGAGATCTTTGTGCTTTTACAAAGCTTTTGC TAATAAGCCATCAGCCATTTTCTAAAGCTTATTCAAATGAGTTGGTCTTTCAACTCTAAACAAAGCAACTGATATGTATTAATGTTTTTCAGTAGTTTAAAGGTGAAGT GTATAATTTTATGGGATGTTAAATACTTTCTCCCCTGTTAAATATACAGAGAAAGCTATAAGCGAGCCATTTGTGAGTTAATTTAAACCCAAAAAA
LG14	ref-38066	95.562			TTTTGATGGCTGAAATCCTTCTTAATCATTTTCAGATAAGATGTTGGGATATACAGTATTAGATGAATCCCAAAAGCACCAATGGTCAAAAAATCAATGGACTTAGTTAGAC ATTAATGGGTTGTTCTCCTCTCTTTATGCTTTCGGTTTCACAGCCTTCAACAATTCAGTGTTTTTTGTGCATCTCTCTCAGTTGATATCTGAATTTTATGCCTTTGTTTTATTG CTTTGCCACTGAGATGCAAAAGAAAATCTTGTGCAGTATTTTGACATTTGAAAGGATCGAGAAGAAATGCTAAACCTTCTGTTTTTTTGCCGATTTTCATTACATGGCGTCCT CTTCTGCACCAGCGAGTGTTTGCGGACTCCT
LG14	ref-33121	96.549			ACCTCTGCTCCGATGGTGTTGCCGCCACCCG
LG14	ref-32288	97.359			TGCAAAAACTCGACTCCAATGCACTTGACAG
LG14	ref-48809	98.011			ATTATGACCAAGGAAGCTAGGGAGCTGATTGAGATGCAGGGAATGACATATACCTGACCATCTTGTATTGTCTTGTCTTTTGAGCATGCAGTTTCTTGTCTTTAGTTTGT GTCTTGTGTGCGAGTGTCGGTTTCGAGTTCGCTCAGGCCGTCTGTTTGTGTTATGTTCTGTGTAGCACACGATTCGTGTTTACACTTATGAGTGTTGTCATTAGCTGCGT GTTGTTGTCTTGTTTTGTGAGCAAAATGGCTTGTGATCGTTTTCGCTGCCCATGTGCATATTTTCGTTTTGTTTAGTGTGAGCACATGGCTTGTATGTATATTTCTTTGTGC TATGTGCTCTCCTGTCTATTGTCTTAACCC
LG14	ref-71899	99.861			CAGTCCACAGAGTTTCTACTAAACGTCATGGAGAATCCTCATGCTCATTGGCTGCCGTCTCTGCAGCTACTGCTGGATAACTCGAATTTAAAGGTCTAAAGCCGGAAGACAG CGTAAACGTGGGTACAGCATACATTTGATGACAGGTAAGGAAATTAATAATTGTGCCTAAAACCTACTACTATCTGTGTAATTTACATAAAGTCAAAAACGAGTTCGCTGA TCCACGTCGATAGATGGCAGTGCAGCGTCGACTCAAACCGTATTGGTACTTTAAGCACACAAAGAAGAACGCACGCTTAACAGACCAGTAGAAGTGTCTTACTGTATGTTA AATTCAGAAATTCATCAGGGTACACATCTAACATTTACAGACTTAAAGTTTTATTAATTTATTTACATCAAATCACATTTTACACCGCATACAATAG
LG15	ref-32744_17	0			ACACTGATTATCTCGTCACCACGGCATGGGATATATTAGGCAGCAAGTGAACATTTTGTCTCAAAGTTGATGTGTTAGAAGCAGGAAAAATGGGCAAGTGTAAGGATTTG AGTGAGTCTGACAAGGCCAAATTGTGATGGCTAGACGACTGGGTACAGCATCTCCAAAACCTATACGATGAGTTAAAATCACTAAATGAGCCTAGATGTCGATGT[C/T]TG TGCGAGTGATGACCGTACTTGGCGGCGCCGCGAGGAATCTGAGGTGAAGACTCTCCACCTCCTCGTCCACAGGCATGCTTAGCAGACCCACGCGTGACCCCTCCGCGTGG GCGCCATCTTCACACACACATCCCTGTTCCCAGACGCCCTCACGCTGTCCAGCAGACTCGCCAGCAGAGAGTCCCTGCAGACAGCACAGAGACGGCTCTAAC
LG15	ref-47568	0.873			GGGAAGTATGCGATTCCGATGCAGCCTTTAC
LG15	ref-62831	3.611			TTGAACTGATTTTCATGTCTGAAATACAAGCATAAAGGAATAGTTTAGCCAAAAATAAAAAATGTCACTGGAGTTATTTGGTAGAATGTTTCATACTGCTCCATATAACAAAT ATATCTATATAACAATACATATAACAAATTGTCATGTGGGGTTTCAAGCTTCAAAAAGGGCAAAAAAGCAAAAAGCATCATGTGTGTTCAAACCCAGGTGAAAAAAAAGT ATATAAAAAATATATATTTAGTTACCACTTGTAGTACACTTGTTTCATACAAAGATGGGTTCAAATGTACTACAAGTGGTAACTAAATATATTTTAAATACAGAGATAGTA TGTTAAAAGCACATTTTGAGTACACTTAGATGTTCT
LG15	ref-31207	4.253	Chr24	39631152	GCTCTTTGGGTCATTAGATGATCGTAGTTGACATTCCCCCGCATCACTTCCTACAGACTCGAACCTGAACCCGAACCGAACCTGCGCTGATCCGGACCGGCTCCGGTAA AACCACCGCCTTTACCAGCTCCCACTCCTCTGGACTGGTGATGGGGGTTCGGAGATGATCCTGATGGACTCGATACGACCGCACGGAACCAAGAAACGCGAATCGGCTG CTGATTGATCGCAGTTTCTCTTTTGTGTTGGGTTTCGAGGGAGTATGCGTAAAAGCCACGCAGACTTAGCTTGCGCAAACATCTCAGATATGCGAATGCGCAACATGGGA GCGTCCCGGACTAGTTTGAAACAAAACCTCCCCGAGTTTCGATACGTCATTCTCTCAAACACGTGGACGGTGCGGAAGTGCGGAGATGTTACATAAGC
LG15	ref-61212_18	4.549	Chr24	39467031	GAGAGGGAACACCAGATTGGAAAAATAGGAAGGTGGAGTGCTAAAGAGAATGAGCGTGGGTTCGGATCGGTTCGTATAGTATCGTGTGCACGGAGGAGGATGGTCTGCGT TTAAACAACCATGCATGGCGGAGGGATGAATGGATATGGCAACGGCAAAATCCACACTCGACGGAAAAAGTCGCAACCG[A/G]TTCGTGAAGAAGAATGGACAGTGCAATGT GCAGTTCACCAACATGGACGAGAAGTCCCAGCGCTACCTGGCAGACATATTACCACCTTGCGTTGACATCCGCTGGCGCTACCTGGTGATCATTTTCACGTTCTGCTTCGTG GTTTCCTGGTTGGCGTTTCGGCTTGGCGTTTTTGGGTTATCGCG

LG15	ref-22977	5.374	Chr24	39594463	TATCTCTATCATCATTATCAACCAGTCGATCATAAAACACACGATAGACCTCATGGATCCATAACCGGATCAGCTTATCTCCTTCCTGAAGAAAAAGAAGCACAAAACCTCAGATTCTGTAAACTATTTAGTATATTTACTTTGCGCTTTACAGAGAAATATACACGTGTGCATTTACCTGCATGTGCGCCGATGGACAGAGCATTACGCCCCTAATCACTCTCGCAAAATCTCGCAGGTTGAAAAATATAATGAGATTTAGACGGTGTGGGAGGAAACTCTCGATTGCATCCTTGTACTGCCCATAGTAGCTTGAACCATGATTTTACCCAACCTACAACAAATACACAGTAGTTACAAAAACAATTT
LG15	ref-38516	6.218			TGCCTTTCTCCGAATCTCATGCCTTATCTGC
LG15	ref-28191	7.3			GCATATGATGCGATTGAGCTGCTGGTTTGGG
LG15	ref-6314	11.996			ATACTCCACACGATGGACATGCAGTTCGCAA
LG15	ref-27424_8	13.39			GCTATAACTCGTGAACGGAATGAGGTATTTTACCCAAATTCAGCACAAGAGAGCTCATTTCTGTAGTCGCGTGAAAAAGAATGCAGCAACTGGCCACTTGGTGGCGATATAACATGAAAAAAAAACATAAAAAATGGCTATAACTACTTCCTGTTAGTCCGATCGACTTGAAAAATGG[A/G]ATGCAGTGTCTTCGTCTGGGTGCCATGATTGTCTATGAGGACATTGAAGCATCTCAAAAAATATGTCCGCCATCGACCAATGAAATTTGAGCAGCTATCAGACAAGGTTTACGGAGGCCGATCGGAACGAAACTCGTGGGGCCTGTTTGACTCACAGCCCTAGAGGCCTGTGAGAAATTCGAAAAAATCAGC
LG15	ref-10059	13.714			AAAATAACCAAATTGCAAAAATATTATTATTCAGTATTTCTTATTAAAGACAAAAAGGAAGTCTAAGAAGCCCAGATGAAATGAACTTTTTTAATCGTTTCCTCTTTGAAATCAACAAGAGGTTTCGTTTAGTTATCTGAGCACTTTTTCATATCTTTGTGTTTCACATATTTTTGTCTTCCTGTTTGTGAGTGACGATTCATTTTACACACTTCGATCGCTGTGAATCTGTACTTTCCCAAAGATTTAAAAAAATATTTATTTGAGTCAAAATGTGACGGCCAGTGCCTCAATAAAGACTTAAACATAAAAAACATTTCAACTAAAAATAAACAAAAAGAAAGGATCCAATCAATTTTTCCAGTCGGCTCATTTTCATGGAAAAATAAATAATAATAAAAAACCTACATTTTAAAGTCATCTATGAAGCTTCT
LG15	ref-53851	15.065			CCATGCCAGAGACGCTGGTTCGAATCCCACTCGGAGCAGGTAGAGTAGGGCTGGCTACATTGGTGCCGTGATCCGGATGGGAGTGAGGTTTAGGGGGTAAGTGTAACGGAGGCCACCTAGTAAAAGATGTGTGAGTAAACATCACTTCCCTGGCCTCAAGAGGCCCACTAGCGATTGACGTAAAAGGCTGCGTCCTTGTAGCATGCCCGCTCCTATGCCAGTGACGCAGGTTTCGAATCCCACTCAGAGCGGGTCAAGTAGGGCCGGTTACATTGGTGAGTGTAATGGAGGCCAACTAGTAAAAGATGTGCGAGTAAACCTCGACTGACGTTAGAGGTTGCACCCTTGTTAATGTGACCGCTCCCATTCCTAGAGATACCGAGTCGAATCCCACTTGGAGGATCAAGTGGGGCCGGTTACATTGGTG
LG15	ref-70505	16.578			GTTGTTTAAAGCGACAACCTGTGCGATTCAAAA
LG15	ref-72252	16.588	Chr2	41111180	CAAAATGTTTCAAAAAATAAACTGAGGGTGTCTGCAGTGTGTACATTTCAGGTGAAAACACACACACACACACTGAAGCTCAGTGTGTATTAATGGGATCTCTCACTGCACTGATTTTCAGCTTTGGGCGACACCGTGACTCTGAACTGAGGACAAAAGAGCCATGAATAAGAAATGTCCTATAAGGACAGACGGGTGCCCCCTGAGCACGAGACGAGCGCTAATAAAGTCTCTCGTATAATGAAAAATGAGTATGAGTACTGCATGTGCATTTGAGCGGGATGATGCTTTTCAGGGCATTTCAGTGAAGTGCAGCAGAACTTTGGGTTTGAATTAGAAAAACACTTCCAAATGAAGTGAGACGACCCTTCACAAGATGTAATATACGTCCCCAGAATGTGTCTGTGAAGTTTCAGTCAAAAATACC
LG15	ref-28486	20.071			GCATTGAGATGTAAAGATCCTCAGTTTGAAATGCATAGTGTTACGACCTTGGTCCAGGTCAGGGAAGCAGCATAAATAAAATGCCTTGAAAAATCAGTTTCAACAATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTTTAGTTTCATCACAAAGTCAAAAAATAAATGAAGCAATTTATTCGGGGCTGGGCAAGCCAAAAACAATAAACAAAACGACACTAAACTAAACCCGAATTATACTAAACATTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAAGAAGGCCTACCTCCTGGCTAATTCAACA CAGGAGAAAAGATGTACACAAAAGAAAAAGACCCCA
LG15	ref-54000	22.744			AACGTGCGTGAGCTAAAGACAGACCAAAGGGAAGGACAGTAAACTGATATGCGATTCCCTCTGGTTCTTGGGAACCAGAAAAAATACGACTGTAAAAACCACTCTCGCTCTCTTCAGGACGCACTACCTCTACTGCTCCTTTTGTGAGCAGATTCTAAATTTCCGTTCTCAGAAACATGGCGTTTAGATCGTGAAGTGCAGACATTATCACGCCGTTGAAACAGTGTGTCTGCGAGCAAATTGCAGAGTGATCCCTTTTCTATGATATTCAAAACCCACCTTGACGCGCTGGCAGCGCTCTCCATTTCTCTGCGTAGAGTGCGAGAGGTGT CATTGTGAAGTGATGTGGCAGCTTGTTCGCGGGG
LG15	ref-4722	26.262			AATATTCAAACAGAATTATGTAAATTGTTGTGAAGTGTAAGGGGACTGCCAATCATTTGAGCCATAAATACCATGTGACAACCTTCTGAAAAGGCCAACGTGAATTTTCA CAGTGTCTGGTCTAAGATTACTAATGCTTTCTGCACTCTCTTTAACTGTAAATGACAGGAAATAGGCAGAAATGCATGAGGACAGTGGGGTCATGCTGACAGAGAGATCTGCATTAGATCAAAAAGTACAACTTCAAGTGTGACGTGCCCTTCACTGTAGCCACAAAAAGTGAGTCACAATCAGCCAGGGGGTTAAAAATGAGAGAACGAAAGCATCTGCCA GAGAGGAGGAGAAACATAGGTGTGTAGATCAAAACAAAAGAAGCGGGATTCCATCACTGCGTCATTCTTTCTCATCCATCTCTCCTGAAGAGATCACAA
LG15	ref-24218	27.082			TCCCTGATAACGATCTCTTTGCAAAGTTTGC
LG15	ref-70693_15	28.061			TTACTAAAACCGAT[C/T]GCTTTGCTTCAGAAGGC
LG15	ref-18532_23	29.923			ACAAAAACTCACTAATGTGAAAATGCCCTATGGGTAATCTCTTGAGATTCAATTTCCACCTTGTGATACAGCCTTCAAAAAATGCCATCAAAAGCAATAGCACTTTGTCCATCAACAATGTATAACATTTATTACAGCCCGGAAGAACCAAGCTTTTATGTGAGACACAACAAATTGGAAAACAGACCTTTGGTCTAGCCGAGACTCCCGACTGCACTGC[A/G]AATCACTGAGCTCAGGACCCCTACTGGCATCATGAGCTCTAAATGTCTGCCAACCTGCTTTATTTCACTACTAGTGGATTCTCTAAATGGGAAAGGAAGCAAGA

CCACTGTTTCATTTCGAGCCTCTACTTTTGAATACATTTCAAACCGCTCATGGTAAAGGTTGTGGTTTCTTTCGTTGGAGAAGGTTGTCAATGCACAGATTTTC					
LG15	ref-59035	31.58			CATTGAAACACGAGCTGCGTGCTACACAGCA
LG15	ref-32853_7	32.939			AAAAACCTAAATAACTGACATGGGAAACTTACATTGGTTAGAGGTTCTGAATTTTCGGTTTTGATTACTTTTCGATTAATCATCCAGCCCTAATTTGCATAGTAGATGCTAGT GCCGTTAAAACTGAGTGGTATTGTTGGTTTGCAGCTTGTTACCAGTGAGGCATCAGGTGTTTGTGTTGGTCGGATGAGATATATGTGTCTGTTGT[C/T]TTTCGACATACGTGC TCCCTGACCTGCGTGTCAGTCTTGACGTAAACGCATATTTGCAGTGACGTTGCAATAACCTCGCTCCAGAAACGGAAACATGAGGGTCGGACACCAGAATCTAAAAACAA ACATTGGTTTCTTTACAGCTGACTTGATTGCCAAGCTGATTTATTTTGATATTGAATAACGCCCATTAATAATGAATAATACCCATTAATCTCTAATCA
LG15	ref-42415_23	33.917	Chr24	3931906	AATAACGCTTTAAAGCTATTAAATGACTAGCAGCTGTAATAACGCCAATGTTAATTTTAATTTCTAATTTAATTTGTACAGTAAACAAAATTATAAGAGCAAATCTCG GATGCCAGAGATAAACTTACTGTAAATTAATGTTACAGTTAGCGGATATAGTTGCATTTGTCCAAAGCAAAATTATCG[A/T]CCCGCCTACATCATCTTTCTACCACAC GGAAACGTGCGCGAGAGCGTCTACTATTGGTCAACATTCTGACAAGAATGCGTGATCTGATCAGCCATTGGCTGAGAATGCTGTCTAGTCACAGCATGTTGATGCAGGTTGA GGAGAGGACGTGCAGGAGGAGACCGCTGGAAAGAGAAGA
LG15	ref-45178	34.763			CACTGTTTTCCATTCTGTTTCCTAGGTTTCGCTTGTTACTATGGTGATTTAATTGTTTGATTCAATTCCTGCACCTGTGTCTCGTTTCCTTGATTAGTGTCTTTATAGCCATG TGTTTGCTCTTTAATTGTCTAGATCTCATCATTACTATTGTGGTTGAAAAACAAAAGCTGCTTGCAAATAGATCCAGCTCTTTTCCAACCCAGCGTGGCACTACTAGCAT CTATAAATACTTTATCTTTTAAATAAATAATATAGGAGAATGATATTTTGATTACACTGAGAATTTGGGGAAAGAGAACTTAATTGTCAATTAGAATAATAATATCAAAATGC AAATTAAATGGTCCAAATATATGCTTAAAA
LG15	ref-46039_2	35.36	Chr24	1227582	ATCCAGACACATCAGCACAGAATTTAGGACTGCGGAGGATGGGGAAATGTTGAGGCTGAGGTGGGAGACACGCTAATTTATTTACGAGAGGTACAGACACCAAACAAA CACATATTGGAGTCCCAATGTAAGGAAATACATGTTGAGCTCATGTTCCCTAATATAACA[G/T]CGAAAGGTGCAAGCAGGTCCGATACACATACTCAAAACAACAG GCCAAACATGCAGGCTTAAACACATGTAGCAGATGGAGAAGGCATGTGTGTTAAATGGACAGTAGTTTTATTGTTCACTCACACTGAGCCATTAGCCCTGTTTTGAAAAC ATAGTGAGTCACCAGCCCAGACAGCAGGCATCAAATTTATGT
LG15	ref-53140_24	36.299	Chr24	22015292	AAGCCTCTAGGCTGCGAGAACACACCGTTCCCTTCGCTGAGCAATCTCCGTCCTGACAGATACGACACTGGATGGTGAGGAACGTCCCAGACTGAGCTCTGTAATGTGTC GTTTTGCCAACTCGGCTCTGAAGAGTAGGTGCTAAAGAATTACAGCCCACGGAGACAGCAACGGATTCCACACTGACCTTTAGAGATGAGAAAAGGCCACGAGCTGACTG CCT[C/T]CACCATCGAGATGAGTTCAGAAGTGTGTCTGCAGGAATAGAGGCATCTCTTCCCAAACCTGCGTTGGAGAGAGAGCGCAGCGCTGGGCTAATTCACAATGCCTG TTTGAAAATGTCTATAATGATATGTAATTATGGATGTTTGCAGTTTACCCCGCTGAGCCTGCCGCCATCGAAACCAATGTGCAATTACAAGCTTTAATTTTCG
LG15	ref-66526	36.576			TGATTGGTTTTGTTTTACCCCCACAAGACTTTTGAAAAATTACTTGCCACTGGAACCTTGCTGAGTCATGTTTGGTCAAGACTTGGTGTAACAGTCTGTTAAATGAGGCC TTGACGAGACCAGAGTTACATTCAAGTTCAAGCCCCATGTCTTATGGCAATAGGCATGGATGACTGTCTTTAGCGCTACCTTTTGCACTGAAGCAGGACGAGCCTTCTGCT GAACAGGCTCCCCATTCCAACAATCATGTCTATGGAGGGAGTTAGACATATTGTCCATGATGGTCAGCAATTCGGACATCATTCTCCTCTCAGAAGCAAACTTGAGAGGTT CAATCCACTCCAATGACAAAACCTGTCTTCCTAATTAGTTTATTAGCCAGTTGGCATCTCCAACCTCTAATTCCAGTACCTCAGCACACTACAGCA
LG15	ref-29197	37.875			CTGTCTCTTTACGACCACAACAACGGGATACTTTTCAAACGCGCATTCCTAATTCGCCTCAGCACCAGGCGCAAGTCAAACGAGCGCGGAAAAGGTGTTAGGTGACGAT GAGGGAGCTTCAGTTGAACACTCAGAAAAATGAAAATGACTATCCAATCAGCCGTTATACTGTGCTCTCGGGCCGGCGCGCACCCAAGCACGCGCGGCGCGTGTGGCTG CAGACTATTACTTCATTATAGCTTAAATAAAGCGCAAAAGAACTACGAGCATGCACCGTCGTTGTTCTGTTGTAATAAGTAAATGCGATTAAAGCTGCCTCAAA
LG15	ref-45671_32	38.109			ACTATCACAGACTGATAAAGTCTCTGAGATGAGTCGAGCTGGTGAGCTCTCCTACATGTGGAATCATAAATTCAGTCAGAGTCTTTTGTGTGTCTGTGTGTGCTATAAACCA CCGAGATTATTTCCAGGAACAGAGGGAGAGTGGAGGAGGTAGTCTTTGTGATTCACTTCTGCTGTTGGATTTTGCCCTTTTCAGGGATCTAATGTGATCGAAGTAGCTGCA GATTGGGGT[C/T]GTCACCAGGGGTGGTTCTAGGATTTTATCCTCAGGGGGACTTAGCCTTCAGTGAGAATGTGAAGGCCTCTTTAAATCGGCACCACTAGAGTAAGTCAAA AGTAGCCTAACAGTACTTAAATTGGTACCAAGTCAATACAAACATTTTATAAATGATATATTGATACCACTCTTTCAGCAGTACAGTTCAAATCGGTAT
LG15	ref-52226_24	38.526			GGCAGAAGAGCTGCGCCGACCCACAGACTGGGCCACCAAACAGACTGCTGCATCGGTGGGAAGTGCGATGGCAGCAATGGTGGCCACAGAGAGGCATCTGTGGCTGAAC ATGGCTGACATCGGGGAGAAAGAAAAGGGCTTTCTCCTCATTACACCAGTTTCGTCTCTGAACTTTTCGGCACCTCCGTCGA[A/G]GCGGGCATACCATTTAAGACGTGCA TTCCGCTGAGATCTGATTCTGGGCCCAGACAGACAGGAGGTCTGGCCCGTCTCGATTTGAGGATCGGAGGCAGGGTCAAAGTCCAGTGTGCCTCTCGGGCACCTCCTC CTCTAGGAGCAGGTCCCAGAGAAGCGGGACTCCAGGAAG
LG15	ref-7240_15	38.635			ATCAGTACATTCAACATATGAAGCTTTCAAGAGCAATACTGGCACAAAAGCCAAGATCAAGTTTCCTGGGTGCACTGCTATCTTTTCTTACTGTACATTTATCTCCTCATG AAACTATCATTACTGATGGATAAAGTCATCATCTGTGCTGCTGAATCCCTCCAGAAGAGAACATGAGCAC[A/T]GGTGTGAACAGGAGGAAGCAGCTCCAAGCTCTCAC

					TGCAAAAGTCTGTGAACTGACAGCAGACATTGCTGAAAAAAGCCCAATATCAACAAAAAAGTCACAATCAACAATAAAACATGCATTTGTTTTCATTATGAAAATTTTGCTTCAATTATTATGCAAGACAATTCCTTAAAAAGATAGT
LG15	ref-7474	38.801			TTTTATAGTATATTTTTTAATAACTGTACTTGCAAGTAAATTTAATGTCAATGAAATAAAATGCTGCTTAAAGTATACTTAAAGAGAGTACACTTTTCATGACTAAGTTTCTTAAAGGATTAGTTCACCTTAAAAATGAAAATTACCCCTAAGATCGAACACATTGCTTCACCTCAGAAAGGCCTTATTAACCCCGGAGCCGTTTACTTTATTTTTAAAAATTAATATTTTAAATCATTATTTTAAAAATCCTTTGCCATGTTTTAAACACTTATTTTGATGTGTTTCAATTAACGTACTAAAGCACTAAGTACTTTTAACTGTAATGTATTGTTTGATATTACATTTAATTTAATATATTTTAAATGTACTATATT
LG15	ref-1798	39.035			TACCACTCTTTCAGCAGTACAGTTCAAATCGGTATACATATTTTCTTAACTCTTTCCTCCCCAACATTGATGGAATTTTCCGGCTTTCTGCGTTTTCTACTGTTGTACAGTAGGAGGCGCTATTAGCGGCTGTTACATATCGTGTCTTTGTGCGCTCAAATTCGTTATTTCAAACGTAGGCGCTCGACAGGCGCGCTCATAATGGAATGCGACACGCATGCAGTGCATTTTCAGGCGCATCCAGTTGAAAAATTCCTCAAGTTTTCAGAATGCCGCAAGTGCACCGCAGGTCATGTGACAAGAACCAACTGATCAGCTTCGCCCTTTCCGTAACAAAACACCGAAAGCTCAGCCGAACAGCTGATCATAGGGTGGTTTTATATCTCACCTCCATAAATCTATCTAGTAGTAGATATAATGCAAGGGCTA
LG15	ref-73239	39.722			CATAGATTATCCCAATTATACCATGGTCATTTGTAAGCACTTACAAGTTAAACTGTTAATGATGTTTGCAGTACAATATTTGACTGGAAGGGTAAAAATGCCCTCATGCAGCTCATTAGGTCTAGCATTCTTGCCCACTTTAAATCAGACACAGAGATGAAGTAGTGCGGTAAACATGCATATTCATCGACAGAAACATTAGCAGAACTCTGTCTGTTGTGTTTTAGGTGTTGTTTTTACCAAACCATATTATAGATTCTGCATCAGATTTGAGATTAACCGCGGTGCGAATGTATGCCGAAGTGGAGAGAACGGTAGGACCGTAGGAAACAGAAATGATTAGTTCACCTCTCGAGTCTTCTGGTC
LG15	ref-64554	39.928	Chr24	15125308	TACCTCTTTAGCGTATGCTTGCCCTTTCCTTTCAAGTCAACAAGTGCATGCTCCCCATTAGCATGCAGGAAAGGCGACCCGCAAGCTAGTCCCTCAAACCTCAGCTCGCTCCACATGGAGAGTTCTTAAAGGGTCTGAGAGAGTTGCATTAATTACACCTGAAACAGCTGGAGCCGCGCAGAATGTAATGAGTCAGCTATAGACTGTCTCGAGCTGAATGC AATTACCAAGTGCTCAAAAAAAAAACAAAAAAAAAAAAAAGCTGAATGCAATTACCAAGTGCTAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAACCATCGATATTTAGCCTGCTTTA GCTTGTAAAACATGGTTTGCTCATTGCTTTTAACTGAGTCTATCCTTTTTGGGCCGTTTGGGTGTTAAGAAGTCTGTGGATTGTGTTGGGAATGAACAC
LG15	ref-58466	41.367			AGTGGTCTTACGAGCAAACTGCTATCTAAAG
LG15	ref-69422_23	42.484	Chr24	24090813	AATATTCGCAGAAATACTACAACTTTTACTTTAATCTTGCTAATATTTCAAACCTGACAATACCGAAGGGCTCTACCCGCGTGTTTCTCTGCCTGATCCGAGGGGAAACAT TTTACGCATGGTTCTGTCCACATGTCACTTCCACGCTGTGGACGGCTAAACCAGAACCCTTGTTCAGCGTGGCAGGAGTGGTCACTTAGGCGGTCCGACTGTGTGTGC[A /G]TTCATCCATGCATACAAAAGACAAGCAAAAGGAAACGCTGCCAGGAAGGGCTACAGCTGCAGGTTCAGCACCGAGATTAGAGCATGTCTGCCCTGGTTTCTAGG CAACACCTGCACAGGAAGAGGCACATCTGTCCAAGAGAGCATCAATAATATATCACCTTGAACATACATGCTGTGGGGCTGTATATGAGTGTTTACT
LG15	ref-51177_4	43.304			AGGAGCCACAAACAGCTCCTTTCTTTCTTTTAGATAGCAAAGGGTGAATGGCCCTGAGGTGCCCATTTTAAGTTATGCACTAAGCATGATAAAGACCTCATATTTGCAAA AGAGTTGAATGACCAGTCGTGCACTCATCTGATGGCATTCACTGCAAGTTATGGGTAAATTAATGGCAAACCTGGCCAAAATTCACATGCCA[A/G]TTTCAGCGATGGAGG TGCAATTTAGTTAATAATGAGTGATTCATTTATTTCTATATAGGCTACTAAGTAGGAAGCACCAATGCAATACTAGAACCCCTTAAATGCCCTAGCAACCACCCCAACA GTACAGCGTTATGGTAGAGATTTTGCACAGGTAATACTTCTTGGGTCTGACGTCAATGTGACAAGCACACTTTGATTACCTTGAGATGGGGACATTTGGCA
LG15	ref-39836_9	44.595	Chr24	28243673	ATGAAATAAATGAGAATTAATGCACGAGATTAGTTATACTACTGTTTGAACTACTAAAAACATATAAAAGATTATTATTTAATATATATATATATATAAAACAGAATCT ACTGTATACTGCAGTACACATTCAGTACTCTAGTATTTCTTCCGAACATAGCCAGTGTGTCCTGTGAATCAAAAAGCGTGTTTCAGAGTTAAAAATAC[A/G]ACGATGAGGAT GCAGCCGAAAGCTGCTGGGATTGTCTCTCGGCCTGATGACATTTAACCATGTGTGACAAAGTCCAGCTGTTCTCCAGCAGGCACCATCTACATGTCATAGTGACGCTGT CAAAATCCATTAAACTGACCAATAGGATTGCAATTTCTCATGCGGTGTGTGACATTCAACACAGTCAGAGTTAGCGCTTGCTGTTCTCATTTTCAGCACA
LG15	ref-4352	45.074			TAAGAGCGTCCGACTCCCATGCGGCTGATTG
LG15	ref-6204	45.777			CCATGAGTCACGACACAAATGCCAAATGATT
LG15	ref-54188	46.465			ATACCTTCAGCGACAATTATGCAGGCAGAGT
LG15	ref-5921_10	47.706			GAAAAGTGTGGAACGCCAGACTATAAATAATGGGGGGGGGGGGGGGCCCTTGCCCTTATGAATCGCGCTTCATTTTTTTATTCGCATCGATTACAAAATTTCAAAAATCGA TTTTCTAAAGTGTTACACTTCTTTAACGTTGCAGTTCTACTAAAAGTTATTGACATTAGAGTATTATTAATCACAATAAGCAGTGA AAAAGGACTAAT[A/G]CGATGCTCGT GCTGACGGACATGCAGCCAAAGCATGAACACAGATGTCACCTCTCAGATGCATGCGATGCCAAATTTAGTTCTCTTTCACAGCTTATTGCGCTTG CATGGTCAAATACACA CACAATTATGTCAAAACGCACATCGTGTGGAGTATTACGTAAACACAGTCTGTTATGTCCAACGTGAACGTAAACAGTTAGGAGAAAAATCGGATGTGTAA
LG15	ref-6103_10	48.5	Chr24	33468944	CATTGTCGTGAGGTGGTTCAATATTTTCATAGTGATTGTTTGTGTTTGGTGTGACTCAAGGTATGAATGACAGTGTTCCTCTGGTCAGAACATGCTTTGTTGGGTTTGTTCCTG CTGTCATATTACAAAGATGTGATTGTCTGCTCCAAGTTAAACACAAAGAGTGTGAGAACTCAGACTGAGCTTTTGTGTGTGCGTAACCTGAGTCT[A/G]CGAAGCCCTGC TGGTGCACAGAGAAAAACACCTTTTACCCTTTAAACAGGGCTGTTTAGTCTTGAAGTGATAATTAATAAGCTTAGCGCACCGCTGTTTGAATTCACCTGTGCTCTGTCGT

					TTCTGTCTTGCACAACATCAGAATCGTTCGTAAACACGTTTATTGTAGCGCGGCACTTCCAACCTTGCTCGCCAGCGCCAGCATTTTTTATCATTTTCA
LG15	ref-52768_15	49.437			ATACGCAAATCGAT[G/T]AATATGCAAATGAGCCC
LG15	ref-26040	50.762			TTTTTCTCTCGAGATGCTTGCACCGACAAA
LG15	ref-73249	51.792	Chr23	45811650	TTCTGTCATTAATTACTCACCCCTCATGTGCTCCACACCCGTTTCATCTTCAGAACATAAAATTAAGATATTTTTGATGAAATCCAAGAAGTATCTGACAGCAATTTAACCACC ACTTTCAAGGTCCAGAAAGGTAATAAAAAACATTCTGTTAGCGCTTCCAGGTTCTACGTCAGAACGCCGGCTCAGTATTGGCCGACATTGTTACGCCGATGCTGATGCT GACGCTGACGCTGACGCAGGAAATGCTGAATGTAAACAGCGTAAGAGAATGACACAGAAAGAGAAGATACTGTTGAATAAAGCACGCAAAAGTATTCTCGTCACTTCATAA CATTAAAGGTGAACCACTGCAGTACAGTGGACTATTTTAACAATGGCACTGTTCTTTTACTGTGTACAGCTCATGATCCAGTGTTTTTCACTGTTAGAAA
LG15	ref-12582	51.862			AAACCCCTCTTTCCCGGTCTGGGGAACCATCCAACCTGGCATCCGTAACAGAGTGGATGCGACGTAGAGAGGAGACCTGGAATCTAGCCCATCACCGTCTACAGTGCGC AGTGAGAAGGCAGGAGGAACAGGCCAATCGGCATCGACGCCCCAATCCCGAGTACACCATGGGGCAATGGGTCTGGATGTCAACAAGGGACCTTCGTCTACGACTCCCAT GCAGAAAACCTCAGTCCCAGGTTTGTAGGGCCTTTCCAAATTGTACCCGGAGGGAGCCGTACCTGAATATTGACTTTCCACCATTCCGACTACGTTTCCCATAGGCCCTC ATTCTGGGACTGATTGCGCACACACCTGCACCACATCACTCACACTATTTAAGCCACACACACTCACTCACACTTTGCGAAGTCTTGATTGCCCCG
LG15	ref-72966	52.395			ATTGACGAACCGACCAGGCTGCCCGTGTTTC
LG15	ref-25368	55.253			GCCGTGTGCACGAAATAGATGCTGACACTGT
LG15	ref-62327_26	56.52	Chr24	10005461	ATATTACAGCCTTATTTAAAGTCTGATTTGATAGCAATTCTTTCCATATTCTAAACAAAGAAAAGTTTTAGAAAAGATCACACTCCTGTTCTACCTGCTATTAATAATGC ATTTTTAAATCATTGTTGTTCTGCCCTTAGCTGCATTCTGATGTTGATAAGCGCAAGCCTGCGCAGGCAGCGGTGTCGAAA[C/T]GAAGTGATTTAAAGACATCATAAGGC CTTGTTGTTGCTGCTGCATTGTGCTTTGCTTTAGCCTTTGAAAACACAAGACAGAATGTGTACGCATGTAAGTAAAAACCAATTCGGGGTGTAACCAAGGGCTCTGA GAAAGTGTGTAAAGGAAAAAGTTCATGGAATGA
LG15	ref-67841	57.994			GCATATGACCCGAGATCCATGCCCTCCACAG
LG15	ref-37374	58.501			CATCTCCAGTCGAAATGCATGCCAGATATG
LG15	ref-58643	60.145			TGTGAACATACATTTGTAAATTATACTGTAAGTGTAGAAAATAGTAGTATTTGCTAATTTTAAAAAATCACAATTTTTTAATTGTAGTATTATTATTTAATTTAATAAATTA AAATTATTATGAATAAAAAATGGGGAGGGCTGATTGTCTTTATGCAAAAACAAAATATCTTGATATTTGGAATATGCTACACACATATGAGATACCTTGATGTTTCTGCAC TTCTCTTGCACTATTTGTGTTGGGTTTAGGTGGACAGCATGTGCTTATAGCTCCAGGAGGACCTGTTGCTAACAGTGCCGATTTCTCTGCTCGTGTCTCAGTTCAGAATG TTCTGTCTCTTGCAGTTGCTGAATCTGCTCCTGTGCTCTTTCAGAAGGCGCTCTGCTCTGCTACAGTTTGCTGCAGGGCCACATGGCCGT
LG15	ref-29704	60.674	Chr24	16821502	GAGACGCTGTAGCTGAGTCTTTGTACCTTCTGGACAGTTTAGGAGACAAACGTTTACAGGTGTGACAAGTAATACTAATACTGTTGAAGCTTTTAACTGTAGGCCAGTG TTATTTAAGAAGAAAAATCCTTTTAGGCTTTTATTGTAGAAAGGAAGGTTTGTTATTTGTTCCAAGCATTGGCGTTCTCATAAAAAACGAATACAGACAACCTTTTGTCT CTGACTCATTGCACTGTAATCATCTGTAGAGCACATAATACTCTTCATGTTTACCACATTGTCTTCTCTGTGACGTTCTTCTGTATCCCTTCATTCTGTTACAGGAAGTC ATGTTTTTTGAGTGCGTATTCCACGACAAGTAGTCTGCTCTAGGAGTGGTTAGAAAAATGAAAAGGAGACTAAATGAAGTGAGGAAGTCA
LG15	ref-18486	60.779	Chr24	21229760	GGCCACATCCATAACAACCTGGTTTTCGGATCACTCTTCTTTTTGGATGAGGGGAAAGATCGCTTTCATCTGATTTACAGGAAACATCAGACTGATTGTTTACATTGA ACGTGTTTATCAAAGATGGGGTCAGGATTATTTGATTCTGCTTTCATTTCAAACTGGCCGCAAAATGGCATCAGATTCAGTTTCCAGAATTGAAATTTTGCCATTTAATTTA GCAACCAGAGACTTTTTTATTGGCTACATTAATTTTGAATAAAGAGCTGTTGAATACTTCTCATATTGATCGTTTTTGTGTTGAAGGATTGGAAAGCTTGAGGATTAGTC CTGTGGAATATTCAAAGAGATGTTTTTGGATC
LG15	ref-2659	61.502			GATTTTTGCGGTAAATCTGAAGACTGTGCGGAATCTTCTGAATGAGATTTGTGGACATGTGGGACATATTTAAGGCCCATTCACAAAAAAGAACAAGATGCAGGGCA GTGGAACCTGGA AAAATGCAAAGTCTAGAGAGACTAATTTTTTTTCAAAAAATTTTTAGCTTGAGAGCTGCGTTTTTGAATGATGCGAGACACTGCAAACGATGTGAGTG CAACGGTCAAACACGCTGTCTAGTGCTTATTTACATAGAAAAACAATCGAAAAGCACCCTGCGGAATGCAAAAACGTATGAGAACGTCCCCCTATAGATTCACTACTG AAAATGCTGACATGCAAAACAGTTTACACACAAAATGACAAGCTAAGATTTTACACTGATATTGAGCAAAATGCATTTCTCAAAAAAGACAAAATTGATC
LG15	ref-11175	61.888	Chr21	19505683	GTTTATCTATTGTCATTTTTGCTTATTAGTATGGTTGAATTGGATCATCGAAGGACAGCAGCAAAGACATTGGTTAATAAAGTAAGATTAATAAAAAAGTATATTTGTGT AATTTAATATTCTGAGTTTTTATTCATTTGAGGAATACTGACTGTTTTGTGCAAGTGAGATTAGTAAATGCTCACAATAACCGTCATGTTTACACACGACGTCTCTGCAC TACTACTGATTTCTCTTTCAACATGGGGACAGGAGAGCTGTCACTCAATATAAGGGAAAAATAAAGTAACCTGTATTACTTATTTCAAAAAAGTAACTCAGATATTTATTGTA AATTTAAAAGTAATGCGTTACTTACTAGTTACTTGAAAAAGTAATCTGATTACGTAACCTCAAGTTACTTGTAATGAGTTACCCCAACACTGT

LG15	ref-53661_25	62.635	Chr24	23417958	TAAATATGTAATGCATTTATTAAATATGCAATAAGTAAACATACTTGTATAATATCATAAACATACAGATATATCTAGTAATTATGCTGATTTGGATGAAGCTCGTTTTCAA AGCAAGCTTGACAGCACATCAGACACATGTCAAATATGGACCCGTTTGATACTCTGACATATTTTAACGTCTAATTAAGCTCATTAAACAGCTGATTAGCGATTGCCTTGCCC [A/G]TGGCAAAATAGAGCCTCCCATCATTTGGCCGGCTTGAGTTAGCTGGCAGGGGAATAGGGCGTCCAGAGCTTAACAGGCCTGCTTTTGTCCACACTGACAAGCAACAT GAGGAGGCCAATGCTGTTTTATTAAATTAGTCCCTTTGAAAGTTGAGCCATGTGGCTACACACATTACGAAATTTGTGAGGCTGCTCCACGCATACACAGT
LG15	ref-70420	63.221			TGTGTAACCTGGGGTGAAAAAGAGAAGGATAAAAAATGTTACTAATACATACAGGAGGTAACATAAAAGTTTATGTTTTTGAAAGAAGTCTACTATGCTCATCAAGGCA ATTTATTAGATCAAAATGTTAAATGTAATTCATTCCCTGTGATGTAGGCTTGCTGCGATAGTTGGTGTGACAGTATTATCGGTGTCAATGGTTACATCACCTTGACCTCTGCG GCACTGCCCTGAATTTGGTGCTAATTTGAAAGCAAAAGTAAAAATTTGCACGGCCGCACGGGCATTACATAACGGTGCGTGTCTATTGGCGCAACGTGTTTTCAGTTTATTCCCT ATGGAAGCTCAACTTGGTTGTGCGCATTTTAGTGCG
LG15	ref-32703_10	64.034			CCACTTGGG[A/G]CGATCGAGATGCTTTGGCTTCA
LG15	ref-12399	64.622			TAGTCCATTGCAACATACAAAACAACTGGTCTAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGACAAATATATTACAGTACTATTAATACAGAAGCCCTCTTAGGATATTCAGTGC AATCGATGACAGCAGTTGCGTATGAAACAAGAGGGAGCGAGTCTGCAGTGTGGTAAGAGAACCATGAAAGTAACACCAGTGTCTGCGATGAGCGGTCTGGTCTACACTGCT GCCCTGGACAAATATTAGTGAATATTAGGAAATATTAGACCACTAATTGTCACAAC TGACCAATCAGAATCAAATATTCCAGAGAGATATGTGAGCAGTCGTATGATGGG TAACAATTTACTATCGGGAACACATTAAC TATTAACTATGACTTTTGCCCTCAATTAAC TCTAATTTACTGCTTATTAATAGATAGTAAGGTAGATGTTAT
LG15	ref-57033_4	66.004	Chr24	20386182	AATTTTGCTTTTCAAGTAAACGTATCTTATTTTGAGGATGTACAGATGTTTTTATTGGAAC TCAAGACTCGTTTTTGTAGTGTATGGTTGCCAGCTCTTGACTGAAAATCTCA AAACAAGTGTTTCCAGTTTGCTGCCCTCTGTTCATGTTATTAAGCAGCAATGTATTTAA[A/C]ATGGATGCACTGTACTCGCTCACAGTTATTTTCTATAAGCATCAATCTT AATGCTTATGCTAGAGCCTCAATAAGCGGATCAAATTATTTAATGCCACTGAACCTGAAATCAAAACACTGAAAAATGGCTTTGCCATTCCCTGCCATTCAGATCCCAGGT TTGTAGCAATTTCTTCATGTCAAATAGTTATCATG
LG15	ref-4463	67.5			CTGACTCCCGCGACAAAAGTGCCCTGATCAT
LG15	ref-64856_2	68.349			G[A/C]TTTCTCTCGATCTCAGTGCAGCTTTTGAC
LG15	ref-71743	71.313	Chr24	24350597	CTGAAGCTGTATGCTTGCTTTAATATTGATAAAAGATTAAATATTAATCCTATCGTACAGCATTTC AAGCCAAAATATCTATTA AAAAGATAGTAAGACAGGGGAATACAA AAGAGACATGACTAATGTGTAAAGCAAAATGAGAGGTGTCATCATTTATTACAGGGTGATAGTTATTAGCAAATTAGTCCTCCTGTGAGATACACCTCATTCAATTACAC AGGATGTTTATCATTATAATTAAGATGTAATTTATCATCAGTAATGAGCCAGATTAAAAATAAAGCATGCTGAATGCTCGACATAAGTGCTTTCTAATGCTGGTATAAATG ATGTTTCAACCACCTATTATCTGAATATATAAATAAA
LG15	ref-48971	74.368			CTTTTGATCAATTTAATGCACCCCTTGTTGAATTATATATATGTAAATAGCATGTTTATCAGTACTATGATATATCATAAACACCATGGCATTTC CATCTGATATCACAGTACA CTTTTGCTCATGTTCTTCTTCCAAAGAACATTAATTACGTCTAAATTGGATTGTGTAATTAAAGTTTCTCTCTCCAGAAAGAAATCCCACAAGCCCCGACATTTCTGCTCAT TAGTTTCCCTTCTGAAACAGACACTTATCCACTCATTCAGGTAAAGGTCAGGAGGTCATTAGAGTCATTAATGCTAAGAGAAAAGGGAAAGGTCTCCTTACGCAGAGCGT GACCTCTGACGGCGGCCCGTCTCTGCTCATGTGCTGAAATCCAAGAATCGCTCAGCCCTTGACCTTGCTCTCACACACACACACACACAC
LG15	ref-8824_1	75.656	Chr24	31475688	TCCGATCAGCTGTGTAGTTGTTTCTGGTGTGGTGTGTAATGAGCTCTGTATAATGTGCATAATCCCTCTTTTTTCAGTATCAATTATTTTTTGAGTTCAGCGATCGTCTGGAA AGCATCATGACTAAGGCGTATATCTGGAGGTATGTATGAAAATGTGAGATTTTATATGCAATTC TGAATTTTTTTTTTTTTTAGT[G/T]TTTGTGTTGCGATGTTGTTGCTT ACTAGCCTGTGCTAAGTGTGATATTCGGGTATACCCCACTAGAAATTTACGCTCCCAGAACATTCTCAGAACTGGTGTAAAGGACCTTTTTTCAGAGTTGGACGCACTAC TGGATATCTGCTCTTCTGTCTCCATATCAACTCCTGCCTTTACTATGTAGCATCAGAATATGAGGGGCTGGGCAGCTCTAAATGGACATATGATGG
LG15	ref-10370	78.266			GCAGTGATTCCGAGGGATTGCTTTTGATTT
LG15	ref-55224	80.588			CGACAATGATGTACTAAAAACGTTTTTCTTTGTACAAAATGACGTTATCAAAATATCCCCGTTACACCGATCCGCGAAAATGACTAAAAATGCTGTATTACGCATGCCA GACAAGCAGTTGGCGATGTCACTTTGCAAAGAAAGACTACGCACCTGCGCATTTCGATTCTTTACAAAGCGCTCGCCTCGCGCATGCCCTCGCGCATTTTTCATAGTTTACTGC ACTTTGATATTCTTCTCGTTATTAGCTTAAAGCGGATAATAAATCGGAAATCTCGCACATTACAGAAAACACGTAAAAAATAAGGCGGACAGACTAAACATAAAATAC GCATGTGCATGACGTACCGTTTTTCACAGATTCGCG
LG15	ref-43265_9	82.427			TAATAAACAGCCAATATGCAAGCTAATAAGCAGCTAGTTAAAGTGAGAATTGTTCCCATACTAAAGTGTTATCAGGCTGTTTAGTGCACACACATTAAGAGTAGTGAGT AGTGAACACAGACACCATTTTGTGTGGTGCCCGGGGAGTGATTGGGGGTAGGTGCCTTGCTCAA[A/G]GGCACCTCAATCGTTTTCTGCCATTAATGAGAATCGAACCT GCAACCTTCAGGTTACTAGTCTGACTTTCTAACCATTAGGCCACGACTGCCCTATCAGCTGTCATTGTATCACAAAAGTATTA AATGACAAAATGGTTCTGAAAACCTA CACTTTTTGAAGAATATCCTATATTTATCATGATTTTA

LG15	ref-72482_16	83.511			AATAAGGTTTTATTGAACAACACTGCTAAAAATATATACAAAATATTGACAATCATCTTATGTTTCATTATGTATTATAAAAAATGCCTGCAGAGGGTGCCAGCGGCCTGGAGATTATTATACTTTACAGCAGATCAAACCCCTTGTTAATATTGGCCAAACAACATTTTCATTGAAATGTCCACTTAATATTTAACATTGGGCCACCCCTTACGATA[A/G]AAATGCTACAGCCACTGTAATTTCTTGAACAAGAATATGTGGACACTTTAAAGCATGCAAACCTCAGAGTGAGGGTTTAAAAATTTATTTTGAAATCGTGATGAACAGTTAGCATATTAGAAAAGATATTGATGTACACTCGTGTTAGCGTAGGTTTATAAATGTCTTACCTTACAAATATGGTGCAAACCTGCACTCCCAGATGAACGTTATAAGCAA
LG15	ref-4886_5	88.169			AGAATGGATGTATTTATTTTCGATCTTTTTCTATCATCTAGGTTTTTGAAAGTTGTTGATTAGTAGTTCATGTAAATAAGCATTTTCATCTTAGATATTTTACTTTTTTAACAGTGTTTTGGCACAAATGCTTAAGCCATATTACACACATTCAAACAGTATAGTACTCACTC[A/T]CTGGTGCAGAGCAGTCGCTTGAAGTTTCTGCCTTCTCACTGCAAGACAAACACATTAACACATCACACACCTTTTACATCGCTTTATAAGTTGCATGGACGTGCATTAATAAAAGAATCACATTAATAATGAGTGTTGACAGCTTTGACTGCCACTCAAACTTTTCAGGTTTGATAGTGATGTTCAATGGTATTAG
LG15	ref-27195	89.688			GCGGCGACAGAAAGCAAAGGAGGCCAAAGCCATGCTGAAGCTCAAGAGACTCAGCCAGCAGGCGCACTGGGCGGAAGGAAACGGGACGGCCGGCGTCATCGAGCGCAGCGGGGAGGAGGACAGCTACATGACCAACCCCAACCTCACCATCAGCGTGCCCCATCGCTCCCGGAGAGTCGGACGTGGAGTTTCCAGAGGAAGAGGAGGAGGATGATGATGGTGCAAGCGAGAGCTCAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGATAGAAGAAACGAAGCCGGTGAGTGAAACGCAGCTAAAGCTGAATCTTGCATACTTACCAACAGGGCTTGACAATAACCAAATGCGGGTGATTTCAGCAGTGGCGTGTAACGCAGTCACTCCTACTAGCCAATTTGGTGGGTGAATTTTATATATATGCATTTTCAATAATGGT
LG15	ref-26247	91.376	Chr24	36926085	CTGCCTGGTTTCGCTCCATCCTTTCCCTGATCTGTGGCACCAAACCTCTGACGAGAGCCTCATGTAGTGGGCTGGGATCACAAAGAGTTGGTACCATACTACGGTACATATTCTCCTTCATCTGATCCAATGAGCTGCAGAATATAATCTGACCTGGTTGCGTGTTGAGTGACGTTGGACGAGCAAGGTGATCGGGCCCTTGCAAAAACCTTGCGAGTACTCCGGAGGCTTGTCACAAATTGGTGGAGAAGGCGGATCAGACGTGTAGCCGCGGTTATCATTGACGACGTGCCTCCGGCGATAGTCGCGATCCTTCTCGTCAGGGCTGTAGTTGCGTCCGTAGTCCTCATGTAGAAGATTGCTGTCCAGATTGC
LG15	ref-13808_28	91.467			CCGTGACCACGTCTGACAATTTTCGTCTGCTTAATCTTCTGGATAAAAAACGAGTTATTAACCTTTAAAACTGTACAAAAATGAACATATACATAAAAAGTTAAACCGAATATCAACTCAAGCCATGTACTTTGAATATTATATCGTCAAAAATTTACCTTTAGAAATCTGAGGAGAACTTCAGTGACGGTTAATGAGATTCCCGCTCTCGAACGATGACGATGCACAGA[C/T]TGCGCATGCGGAGGTAAATGCGACTGACGTCACGTGATCTCGTGATGGACATTAATAATTAAGCTAATGATCATTTTCATTGTAACCTTTTACATTTTGTATGTACTTGTATTTTGTACCTTGGCATTAAATTAAGAAAAAATAAATTACTAGCTTGCGAGCTGACACTATTGTCTTTTATTGTATTAATAATATT
LG15	ref-3710	91.762			ATTATGACAACGACTGCACTGCTCCACTGAC
LG15	ref-72482_5	91.919			CCAC[C/T]CCTTACGATAAAAATGCTACAGCCACT
LG15	ref-51016	92.861	Chr4	15119581	TTATTGATAAATGTACAACCTTAAGATGAGATAAATACACATCCAACCATGAGATGTTTCGTGTTGATGAATCTGTCCTCCACCTGCTGGCCAGAGAAGGAACTGCAGCAGCTGTATCTCTCATCTCCTGTTTCTCTGTGTTCTGTCAGGTTGACATGGAGAAGATGACCAAGGTCAGCACCATCAGTGCCCGTACCATGTTTTGCCACCTGGATGCTCCTGCCAACGCCATCAGCGTGTGTCGGGATGCTACGCAGGTATTGTATTTTTTGTGGTTGTTACATGACTTTTTAAATGTAGCCCATTTCAAAGAGAAGCATTGCTACACTGAATTAAGAAAAATGGTGTAGGATTTTCTTTTAAACAGTTTCACTCAGATATTGCTAGTAAATTCACAAATAATTACAAAGAAACAGCAAGTAACTCAT
LG15	ref-13055	93.357	Chr24	35940085	TAGTGATGGACGTACGTGTCATATTAGCATTTTCCCAAACGTTGTGAGATGCCGTTTCTGAGAGCGTTTGCATCTGCTACGCGCTGTTTCTCTCGCTGCCATGTGAGATGGAATAAACACACATGCACGCCAGAGCAACGCTGTCAATGAAGCTTATCTCATCTGATGATTAGTACTGCAGTGCCCTCTAGCTGACTGCCAACTAAAACCAACCACTATGACAGGCTGTGTGGAGCACGCTGCGCACGCTAGTCCGTGCAAACCTCTCTCTCATCACTATTTTGCATGCCTGCTGTCTATCTCTGATGACAAAGATAGACAACCACTCATTCATACATGCAGAAAAATAGCCTTGATGTATAC
LG15	ref-38139	93.545			AGGTCTTGCACGACCCCGGTGCTGATGCTTT
LG15	ref-46864_6	94.722			AATTTTGAGTTGTTCTTTTCAGCAATTTTCATTGTTGCATTATAGACAGGGACAAATAAAACGATAGATAGAATGATAGATAGATAGATAGATATTGCATTATATATCACTACTGCATCTTCTAGAATATTCACCTTCACTGCCAATTGGATCCGTGTTGACTGACGGCTGCGCCATCCAATCCCTCTCAGCTCGTAGCGAAA[C/T]GCTGCGATGCGTCTGCTGATGTCTTGATGTGGTGTGCTTGCAGGAAGAGGGCTGTTCTGTTCTCCGGGATGGCACTGAAGCAGCGCACATGGGCTGGGCCGGGCGTTTCGGATGTCTCGTCTCCCAACAGAAGCTCCAGGAACCCATCTCGCTCCAGGTAGAGCTGAGCTCCACCCAGTGCTGATCCGGCTTGATGCAGGCCGACAGTGGGCTCCTGCTGGACT
LG15	ref-33348	96.001			CAACTGCACAGCAACATACTCACAACTCAGAATAACCGATCAACTGCATAACACACTCACAACTCAGAACAACCCAGCAACCCAGTAGCAACACATTTCATGACCCTCAGAACAACCCACCAACTACATATCAACACCCTCACAACTCAGCAACCCAGCAACCCAGTCAAAATCAGCAACCCAGCAACCCGCA TAGCAACACATTACAAAGCACTAGAATACCAAGCAACAGCATAGCAACCCACTTAAAAACTCAAAAGACCCAGCAAGTGAGTTTGCATAGGAAAACACTGCTCACCATTATTTCAAATGTAAAAATCTAGTTTGATCAGTAC
LG15	ref-24909	97.567			AAGACAGACTCGAGCTGTGTGCCATCAAAAT
LG15	ref-13808_9	99.408			CGCTCTCG[A/G]ACGATGACGATGCACAGACTGCG

LG16	ref-10920	0				CTTCACATCACGAGTGCAGTCTGTATTGAG
LG16	ref-5359	1.167				CGAGTCTGGACGACACTTGTGCAAATCCAAT
LG16	ref-52902_10	1.502				NNCCTTGATTATAAAAAACAGAAGTCTCACCATTAAAATCCACGTCCCAATCACACAATTATAAT GTTCTCATTATATTATGTAGTCTATATGACAGACTTGCCTGCACGTTGCACTTAAGTGTATTTCTCTTTTGAAGTGATTTCAATCATATTTCAAGCAAT[A/T]CGAACAGTG TGCATCTGAAGTGTCACGGCTGAAGGAAATAATACATTATTTATTAGCTTCTATCATTTTTCTTTTTGGGCCGATAACAATAACATTAAAAATGATCATATATCGGCCGATAC CGATATGGTGGCCGATATATCATGCATCCCATAAAATCTCAAATTTCACTCAAACAATGTTGTTTTCTCTTACTTAAGTGAAGCCCTGAGGCCGTAGGTC
LG16	ref-52902_9	1.515				TCAAGCAA[G/T]TCGAACAGTGTGCATCTGAAGTG
LG16	ref-10198	5.288	Chr16	50960357		TCCGATATGACTGTTACACTGCGGTCGCATTACAAAACATCTGACCTGTGTGCGATTTAGTAGCACATATGACACAAATCGGAATTGAAAAGATCAGATTCCATGTGGTT TGTACTGTTACACTGTCATGGGAAAAACAGATATGAGTCACATGTGGGCAAAAAATCAGATTTACCTGCAGCGTGAACGTACCATCTCCATTGAAATCAATGCATTGCG ATTGGAAAATCTAGCTTGTAGGCGCCCTATTATCATTTCAAATGTGTACTGTATGTATTGCGATTTTTTTTTTCCCCATGCTGTTGATGACTGTAATGTATGATATATTCTGC CGTAATGATGTAATGCTCATGTCTGCCTCGATGACATAACCAAAATCCTCAGTATCCTGCGGTTATGTGCACACATTAACATTTTGGTGCAATTCT
LG16	ref-62754_25	8.135				CCCATCAATGCGAGTCGTATGCCA[C/T]TGAAAAA
LG16	ref-23578_10	8.724	Chr16	50791004		AGCGCGAGGCCGATACCCCTGCGGGAGGTCACGCCGCCATTGATCTGTCTTTCTGCACCCCTTCTGACTTCTTCTTCTTTTCTGTCAGAAGATGACACGGGAAATCAATAGG AAACAGATAGCGAATAAGTTGTTCTTAAACGCTGCTGAGTGAACTTTACTTCAAAGGAACCTCTGAAATGAGTTGGAAGGAAGGGCTGTTTGCTG[C/T]CGACTTTGATG CTCAGGCTGTGGGACGTGTATCGTTAGATTGGGGTTAGGAGTCAGAGGAGGATTAGAGGTCAAAAAACACTTTTGATACAATGTCACAAATGAAGGCTGCTCTGTTTTCTA AAGCTCTTTGTGTTGTGTGAGAGCTCACGGACCGCCCACTGGGGAGGGAACCGAAAGGAACCTACCGATTCCGGTCTGGTTCCGTTTGCATTCTTTTA
LG16	ref-5725	9.561	Chr16	50680022		TAGCGAGCGGAGCGCTGGGATATTCTCATTCACCGTTCCCTTTCTCTATTGATCTCACTATCTCATCAAGCACGTTTCCTTGAAGATGCATTTTCCACCACATCAACACTGG GGTTGCGACACTTTGTTCCAGACATGCAACGGCACAATTGATCTCAGCCTTTCACCACGGCTGCCAGCGCACACCTCGTCCCCGGTGCGAACGCTCTGATGCTCAGATGAA GGTCTGTGAGGTGGCGGTGAAGCAGTCACACGTGAACTCATGCCCTCTGGAGGAATCTCAGCAGAAAGGGCGCATGACGCAACCAACAGTGAAATTTGCATAAACTAA TCACATGCCGTAGGGATGAAACGTGTTCCGCTGCA
LG16	ref-31412	15.19				AGTTGGACAGCCCATACAGTATAACGAGGGACTCATAGTGCTTGATGGTGTGATGAACACAGTCTTTCATTCATCAACCTTGTGTGTCCAAACAAGTTCTAGGCACTCC GCAGGTCCAACTTTGTGAAAATACAAGCTCCACATAACTGCTCCAGGGCTGCAGAGACCAGAGGGAGAGCGAGGTAGTCGATGCAGGGGTACAAGCTCCGTCTTTTTC CCAACGAAGAAGTGCACGGGCAGTGGATGGATGGATGAATTCTAGCTTAAGAGCCTCCTCAATGTACTCCTCTATGGCCTTCTGTTCCAGGATGGACTGTGGGTATACTTT ACCATCTGGTAATGTGGCCCCAGGCAGCCGGTTGATC
LG16	ref-47266	17.465				GATACTTTGAACAAGAAGAACTGAACCCATATGGAAGCCCATTTTTTCCACACAAGAAAAAAAAAATAATGTAGGTTATAATCATGACATTA AAAAGTAGAAATTATGAC TTAAAAATCATAATTATGACATAAAAAAGTCAACATGTTGCAGCACAGGCTGCTGTGGACGGAGAGTGGCGCATCTGGCGCGCGCAGAGTCTCTAGTTTCTTCTCTGACGC GCTTCTGTGCTTACGAGAAGATTACAGGCGCCATCTGGATCAGGGGAGGTTTTTAAACTGGGAAAAGTCAAAGAGCAGGAAAGAAAAACA ACTATTACAACATATGCA AACCCGTCCGTTCCGGCCTGCGGTGAAAATGACACTCG
LG16	ref-65156	18.318				TTGTTTCTCCGACAGTCGTGCGGTTATAGA
LG16	ref-40371	18.761				TTAACTGTGTTATTGAAAAAGGCTTCAGTATCGAGGAAAAAATGAGTTTTCTCTATACGCAGTATGAGTGAAGTATCGAAAGGGAACCTGCACTAATCTGTATCACCAA AAATGACGGAGTAGGCCTATCTTAAGTTGTTTCAGTGTCTATGAGGAAAAATCCATCAAAACACGCCGGCGCGTTCATCGGTGAGAGGGTTAAAGAAAACATAGCCTATT TAGTTTCATATTTATGTTTAAATATTAGACTATAGCCTAATATTAGTTTTTAAATTACATTTATGTTGATTATGAAAAGTGAACAGCATGAATAAGATGCCCAATATGTCGG GAGACATGCAGTGGGTGAGACATGATTTTGACCACT
LG16	ref-58873	20.824				ACCCAGCTGGAGAAACACAACATGTGCGTGAGCTGAACACTAGTGAACACACAGTGATTGTTCCCCTCAAACGTTCCAGAATCCAGTCACCTGTATGACGTTTGTGTTGTT GTTTGTTCAGGTCTCTTATGGCGCAGCTGCATAAACTGCAGGCGTTGATCAAGCAAACGGCCACCAAAGCGGCGCAGACGAGCAGATGCATCATGGTACGAGTGCGTCG CTCACTCTTAACTCATTAAACACCAGCATCAGTCTTTCATCTGAACAATGTGTTCTTCTCTCTCACAGATTCTCATCTTCTTTGGCTTTACTCATCTTCCCAGTTACAGTC CGTTCAGCCGGAGTTCCCACTGAGGACAGTTATGCTCCGTCCGGAGGTGAGAATAAGTCATTGAAACACCATTACAATAGGCTTGCCACA
LG16	ref-1900_32	21.403				TGTGGTTTTGCGAAGTGTGTGCCAAATTAGG[C/T]
LG16	ref-26181	23.017	Chr16	887631		CAGAAAAGCTTAGGCCGAAAAGGAAGTAAATTTGCCGATTGCAATGGACGCAGACAAAACGATAATAAGATTTTGTCTCCGCACCATCTTTAAAGTTTCAGCAAAATAC TGGTCTGACGTTATTCGCCATCGTCGCTTTTTCTACTGACGTACGATTTCGAATATCCGATCTGTCCACTTACATGGCAGACGCAATGCACTCATGTTTCGCGAACAGTATAC CACTGGTCACTTTTTTCGAATACCCCTAAACAAAGATTGAAAATGAACTTTCGGCGAGTATATTGGGACCTTTAAGGGTTGAGCCGGCATTAAGAAAAGCAATCCCATTT

					GAAATGGTCAAGGTAATTGCTCCTAACTGAAACTCCACTCAACAAAGGCCACAAAGGACAGACATTGTCATGCAGAAAAGTAGCCTTTGGAGAC
LG16	ref-50727_28	27.393			CTGGTCACAGCGATACGGCTGCACACA[A/G]GAAG
LG16	ref-56846_24	27.469			ACATTGCAGACTCCCTTTGCTAAGCTGCCCTTTGAGTCGTAGGGTTGCACCCTCCCCAACCTTCTTAGGTATTAAGTAGGGTCCCTTGCTCCCTTTTTAAACCCAGTATG TGAACCTAAAAAGCAGAGGCACCTTGCTTAAATACACAGTACTTATTGTTATTCTGCACCTTTCTTAATAAAGTGATGGAAATCTGTCTGGATTCTACGAAGACCATGCAG[A/G]CAGGGTGTGAGCATTGCCCCCTTATTGCCTTGAAGTCATTAAGTAGAGCTGCAGCTCCCCTGAGGTTTCCAGGGGGAGTTTATTGCAAGAACTCTGTGCATCTAAGAA TATGTGCCATTCTGTACTGCAGCCTCTTAATCATTCTTTAAGAGCTGTGTCAAGCGGATAGAGGCTGTCACAGCTGAGCCATTTTATTCCTTAGAGCT
LG16	ref-16827_18	27.723			GAAAGATTTCTATCTCATGTGAAATTGCTTTATTGTGGTTTGCTTGGAGGGTTGAGGTCAGTCTAATCTTTAACCTAGCAAAATAGCATGAAACAGCTGCAGAAATACTCCT TTCTGGAACAGAATCCATTAGAGATCGCTGTAAACCGACACCTCAAAACACACTTTCACCCAAACAAAATGAGCCTTGATGATTTTTAAGGGGCGCACCGATGGCG[A/G]T GCTGGATCACTTAAAGACATGAGCCAAAAAATACAGCAACAATTAACAAAAAATCAAAATAAAGTAAGTAAATAATACACTACCGTTTAAACCGTTTTTGTGTTGTTTT TTTCAAAGAAATTAATACTTTTATTACAGCAAGGATGCATTAATTTGATCAGAAGTGATAGTAAAGACATTTGCTTTGTTGAAGTTGAAGTTATTTACAGCTT
LG16	ref-44868	29.409			TGGGGTTTATGTGAAAGTTTTGAATGGTGGCTTGTCAAAAGGCACGATCACGTATCCTTTATTATCTTTTGCCAGAAAGTTCATCAACAACCTGGGGTTCTTTTTTCACGGAT TGAAGATTGGGACAGTTGAACGAGAAGCCAGGAAGATAGGAAAGACCTGCTGAAAAACCATTTGATTAGTCCATTAAACAGGTCAGACACGAAACAACGATTGGATGCT TTGTAAGAGCTTTGAAGAGCTCTTGGACATTGACAGGAGTTTTATTCTTTTTATGAAGTGTGTGCGACGTGGGCATGCAAATTCGGGTGGCTGTTCCCGCAGTAACTG CAAACATGAAAGAACTTACAATTAGGTTGTGTACAGACATTTTCATTAATAATTGTAACATAAAGGTGTTGTCTTTCGGACTTCACCTGATCAGAG
LG16	ref-69995_16	32.591			AAAACGTTTCCTGACTTTCTCCTCCAAAACATCCCAAAGTAGCTCAATAATATTAGATCTGGTCACTGTGCAGGCCATAGGAGATGTTTCTGTTTATGTTTCAAAACCAT TCTGTACACAGTCTTGCTGTGTGATTTGTGAATTATTATCTTGATACATGCCACCACCTTCAGGGTGCACA[C/T]GGTTGCTAGTCTTGGCAGTGACGTGCCCATCTATC ACAAGTAGTGGGCCTAGGGAATGCCATGATATTGCAGCCCAAACCATCACTGATCCGCTCCAGTGCTTTACTCTGGGCAGCAACAGACTGGGTAGTAAGTTTCTTTGGGGC TTCTACACACCATAACTTTCCCGGATGTAGGAAAGAC
LG16	ref-942	35.349			GAGTGACTTCTGAGTAACTCTTAAGAAATTAATCATTTGTGTGCAGATTGGGTTTATGTGAAGAGTATTGATCATGATGAGGTTAGTGCACCTCACCTGCTGACTGGTGAAG ACTTGTCATTCTCTGCAATTCTGTCTCTCCATCATCTGCACAAACAGACATAAAAGATAAAACAGCAGCGCCATCCAATGGTCAAGATTAAAACTACAACGAAATTGC TGCAGGTCAATAATTACAACACTTTTGCGCATTACACACGGACACATAAGATCATGTATATGAATCCTAATTCGATGCTTCTATGAAAGCTTGATAAAAAAAAAAAAAAG TAAATGGCTTTCATGCCTTCATGCTTTACATTTT
LG16	ref-2867	36.032			ACAACAAACAATATGTAATAAAACATTGCCAGATTCACATTCAACTGTTTCTGATAAAACTGTACATGCTTTTAGTGCCACTCACTGGACAATTCACTTTGAACAATTCACA ATTTTCACTTTGTAATATAATTTTGCAGAAATGTTGCCACAGGTACATTTCCAAAGAGCCAGTGTTGGCAGATACTTCGGACGGTGGTCTACAACCATAACAAAATGTCAA TTGCTCCACAGAGCCCATCACAGGCACCAGCATGCCGAGTTCTGATGATTGATAGTCTGTATTTTCTGTACCTTCCCATCTGTGATTTCCCAACCAGAGCCTGTTTCATAA CATGGCCACCACACCTAAGCCATCAGCCAAGATG
LG16	ref-67451_31	37.391			ATTCTTATTCTTCTGATATCTGATAATACTGTAATAGTCTGTGTGTGCATTTTGCATAGCAAACTGTGGACTCAAGTAATGAAAAATGCAGCAGCGTTGTCTGGCCTCCATT CCTTCATTGGGATCTGTGATCTGTGTGCGCTATTGTTCTTGCACTTCTGCATTATTAACGTGTTGTGGCATTGAAGTCGTTAAGGT[A/G]GAAAGTGTTTCTAAATCGCCCCCT CTGTTGTTCAAGGACACGACAGTGGCAAGTTGAATCAATTGAATGGGTCATTTGAGACGTTTCTTTCCCATCAGCCCCGTGTTCCCTCTCCCTTTGCTTCCTGTGCTTGAAGC AAGCGCCACTATAAGACAAGGGCATTCCTTCACA
LG16	ref-36807_32	37.784			ATCCTCTGAACGATTCAATTTGCCTGGTTCGT[A/C]
LG16	ref-36807_30	37.961			ATCCTCTGAACGATTCAATTTGCCTGGTTC[C/G]TC
LG16	ref-33817_9	38.207	Chr8	6483515	AACAATCAATGATGCAAACTTCATCAGATGTTAAATAAATAAAGCAGCTCTACAGAAGACAATAGTGTGCTTATTAGCTCATTTCACTTCAAGTTTTGTTCTCATCCAG TCGTGTCAGTGCAGTCAAACCGATAACGTTACTGAATGTTAAGTGTCTTTTACAGCCCACTAAGCAAGCCAAAGGCGAGCGTGGCGAGATTCAAT[C/T]CCGATCCACGTG CTGCGCACACGTTTGGCTGTGACAGCGGGCCTCAGCTACACAATATTAATCTCACCGGTCTTTGTGAGAGCAAAACAAAAGAACAGCTCTCTCTGCATGACAGATCCTT TCTTTATCCGTGGAGTTTTCTTCTCTATTATGTCAAACCTGCTTGCTGTGATTGTCCATCACCTGTGTGACTGTTACTAATGGATCATCCTGTACAG
LG16	ref-29748_27	38.258			AGGGCAACTTGCTGCTTGTGTTGTGTCAGTACTGCCGTTTTTCCAAGTCCTCAGTACCAGAAGAAGTGTGAGTACTATGACAAGCCTTCTTCCCTCACCTGGAGAGAGGAGAT TTAGATTAAAGAACAGCAGAAGAGGACTGAGGGAATTTGGAAGAAAAGCCTGCTGAGCGGAAGCGTTGCACACGCATCGGCTCA[A/G]AATCAGGTGTGAGCTGCACCTC ACTGGTTTTTGTGAACCATTCTGCAGATGAGATTGACTTGAAGAAGGGAAGACATGAGGAGTTTCACTGTAGGCTGATGGCTCAGATGTGTGGCTTTAGATGCAGTTTCTT AGCTACTCCGTTCCATGTGTCTGTACATGTTACAGAAATTT

LG16	ref-38964_31	38.433	Chr17	41049147	TCCTATGGATTGGTTTGCAGCGATCGAACTGAAGGATGCATACTTTCATGTCTCCATTCTTCCTCGACACAGACCATTCTTCGATTGTGTTTTAGAGGGGCAGGCATACCAG TACAAGGTTTTCCCATTCGGGTTGTCTTCACGAAGATTGTGGAGGGGCATCTTGCTCCGCTCAGGGAGCAGGGTGTTCGTATCCTCA[C/T]CTACCTCAATGACTGGCTGATT CTAGCTCATTCTTGAGAACAGTTGTGCGAACATAGGGACCTGGTGCTCAGGCACCTCGCCCATCTGGGTCTTCGGGTCAACTGGGAAAAGAGCAAACCTCTCCCCGTGCTT TTCTCTTTTCTCAGTATGGAAATAGACTCGGTTGCCA
LG16	ref-68349_2	38.692	Chr16	50737043	GTTTTCAACATTGATAATAATCTGAAATGTGTCTTGAGCATCAAATCAGCATATTAGAATGATTTCTGAAGGATAATGTGACACTGAAGACTGGAGTAATGATGCTGAAAA TCCAAATCTTTCTATATATATATTACATTTATAATTTGAAAGGGAGACAATTTTGCTTAAACTTGCCGTTTGTACAGAAAGATGTGTG[G/T]AAAAGAGTCGACCTGAGT GCAATCAAAACAGTATTGGATGGAGGGGTCTGACTCACATGGTCCATCAGTTCTCGGACCATGCCGTTCCACTGGCCCGTGCTCTCTTCCTGCGCTCCGTACTIONTCCCGTCTCT CCACCAGTCGCACCTCATAGGTGAAGCCCAGGATGGCAGCCAGCTCTCGCAGCAGGTCGATGCAGAAGCCCTCGAAACGATCGTTACCGTATAGCGGCTT
LG16	ref-48846	38.73			AATCGATCAGAATTAGTTATAACATATGCTTGAATGTGGGATGTAATGCCATATGAGATTAACATGCTATATATTTTTTAAACGTATTAACCTACTACAATATTATGTA TCTCATGACTTTATATCCCCCATTGAAGTATATATTGGAGTTATTTTTTTTTTAATGAATAAAATATATAAAATAATGTTTCGTTGTACGTGATTTCGATCAAGGGAATTGCTGA ATGAGTAGCTGCGTAGCCTATACTGTATGACAGCTGGTAAAAATAAACCCACCTGCCGGTAAATTCGAGCAACGGTCTGAGTGGCCGTATAAGCTACAAACCAGTAGAAAA CGGCCACCTTGTAATTCTCTATGACAGGAAAAACCTAATGTAAAAATGGTAGATGTAATAACTCTCATCGGGAACGAGGAGATGTTATCTACCTCT
LG16	ref-60054	39.015			CAAGCGTACACGAGAATCTTGCGCATGCCAG
LG16	ref-37915	39.35			TAATTTAAACAGGGTTAAACAATTAATCCTGGGTATTCATAAGATGACGTTTCACATTGTACATTTCGTAAACCTGGGTAAACATTCTTATTGTCATGTTTGCAGGAGTCAGTG TCATTGATTGGATAAACGCAACATGTGACCTTTTTACATAAGCTCAAGCGTTTTGCATCCTCGAATTGCCGAGGCTTCGGAACAATCTGACACCGTCTCCACGGTGACCCCT AGTGGTCAGAACAGTGTAATGCAACAAAACGCAGGCCAAACATGCATAAAAAACACCTTTTACAAATCTATTGCAAAAGGTTTCATTGAAAGTAAAATCTCAGACAGAGTA ATCAAAGGAACTACAAACAGGTGAGAATCACAGAG
LG16	ref-15392	39.393			CTACGTGAAAAATAGCAGTATTTTGTAAGTACTGTAGTTGTTAGATGCTATTTTATATTTAGTGTAAATACTGGCAGATACTTTTTGCACCTCAGTGTATTGTAATATAGCACA AAACAGTATGCAATAATAAACATATTTCAGTGTTAATGATTATATTTATTAATAATCGTGAATGGATGCAGCGTTATTGGGACATTACTTGTCACTCCCTACACTGAATTG GATTGAAAGATGCATGAAGTGTATGCTTCGCATCTCCAAACACCCACAGTTCTTTGTATGTATTTCATATTCACAGAAAAATAAATAAAAAAAATTTGGCAGTGGCTATTT GCACTAAGTGAATAACTGACAGATGCGATTTAC
LG16	ref-24558	40.435			TGATTTAAGAAATGTTCCAAGAAGCATTTTGTGCTTTTTTCTTCATTTTTTCTTTTTTCATTTTAGACCACGTTCTTTTTTTTTCTTTTTTCATTTTAGACCACGTTGTTTCTT TGTTTTATATTGTGAGAAACACTAAACTCAGTTTATTTTCTCAGTTTATTATTCTCAGATTGCAATGTGGTTCGGAACCTCCTCCACTGTACAAGACAATGTTATTTTATTA GGACAGTCTACAACAGTCTGTGAGGAGACAAAAAGCTCTCAAAAGGACCACAAATGGATTAGTGCATGGCTGGAACCAGGCAATTTCACTTAAGTTTGGCCACACAGT CCTCCTGCTGCATGACAGAGTACCACACTC
LG16	ref-8240	41.755			GAATTCACATTCTGAGCAACTAAACACTTGACCTTGCCCTCAAATAAAAAATATGGGACCGTCACACAATATTCGAGCTAGACAGCATAGAGAGTCTTGTTGTGAATGA ATGTTTATTATGCTAAAAATCTGACTTAAAGCATGGTCACATTTGTAGAAAAATTGCAAGTACATTTTTTACACCTTTGTTGCCGTGTAGATTTGTGCAAAGTACCGCCT ATCGGTACTGAAATTTTAAAAATGTGACACTTTGACAACAGTTGTGCAGATTTCATAAACACCTCTGATTGGCCATTGTGTTGACGCGCTCACCAGATATTTTGTGATTGGC TACAATGATCAACACACAGTAGCGTTTGAAAGCACACAGAAGTGTTGAATTTTAAAGCGGGAGCGTTTGAAAGCAGGCGTCTATCAGCAGACT
LG16	ref-14647_14	42.702			GGAACAAAACCGA[C/T]GTCATTGCAATCTAAAAA
LG16	ref-10784	43.394			AAAGTCAAGCCGACTAAATTGCTGATGAGGT
LG16	ref-51441	44.405			CCGCTCTGTTTCCTTTAGTTTCCTGTTGCCTCGCTCTGTTTAGTTTCAGTTTTTTAATTACTGATTATGTCCTCGTTGTTTCTATAGTTATGTATTAATCCAACCTGTGTGTCG TTATGTTACCATGTATATATTCTACCTGTTTCATTGATTATCTGAGCCATGCATGTTGGATTGCAACCACATCGTGACAGAATATCCAGCTAGAGCCCACTACTGCTATA GAGCTAGAGCCAGCCACCATGTCTGTTCTGAGGCCAGAGCTTGTCACCAAAGCCATCCAGAGTGTGCGTATCCTGCCTTGTCATCCTAGAGCCAGGAGCAGACCATTGG CTAATAGATTTCATGGTCCGAAGATCCAGGTC
LG16	ref-46065_3	44.633			CC[A/C]GGCACAGCGACATTAATGCAACCAATGGT
LG16	ref-39396	45.286			CAAAGCTATAGTCTGAACTTTGAGCATCACATTATAACACATTAGATTGGGTTGCATTGAGTTTAATGCATTGAGGAACCTTAGCCATGTTTTAGATGGAATGCGATAGCC CAAAATTTGGAATATCGCATAAACACTTGTGAATAAAGCACCGTTTCCATCCAGTGAGTCTAAGAGAACAAAAGTGTGCTTCCGTATAAACTGGTGCTAAATATCACTGA GAAAAGTAGGTGAAGTCACTGTATATAATAATTTTCATATATAATGAATTACTTGTGCCTTAGAGCACACAGACGAAACGCAATAAACGCAGTTGCTTTTGGAGGCAGATG CCTGCTGTTGGGGATCACAGTCATGTAAGACAGTC
LG16	ref-13218	45.441			GTTACGATTGCGAGACACTTGCCTTTTTATG

LG16	ref-58432	45.964			AAATCATGTTTCGATTGATGTGCAAGAACCAA
LG16	ref-46065_28	46.25			TATATAAAATCAAATATTTTCAGCTGAATATTACAAAAATGTCACATTACAGAAGTTAAACGCATTGCAAAATGTCGTTTGATGCCTTTAAAGCTGAAATATGTCATTCTCGAA TCTACCCCCCTTAATACCCCAACACAACCCAAATTTACAGTCCCACCCCAAAATTTACCATTGGTTGCATTAATGTCGCTGTG[A/G]CGGGCTTGCCAGGATGCTTAAACA AACTGAGCAATTTTGATGGCACCAAAAAGCTAAAGCACTACTTAATTGTGTAGTTGTCCTTGCATAGTTAGTTACCCAAAAATGCCAATGTCATTCCAACCTGTATGGG AACATAAAATAAGATATTTTGAGAAATGTATTAGTGT
LG16	ref-40381_18	46.278			GAGCTCGCCACGATTAA[C/T]GTGCCAGCTTCAAG
LG16	ref-51215_26	46.487			AGTTACAACCTCCACCACTGAAACCGATGAGCTCCATCAGAAGCAAGCTGTGTTTCGCTGTGCGGGTGCGTTTGTGTTAGTCAGACAATCTCGTCTGATTCCAAGCCGTACTC CTCATAGAGAGCGTCCAGGATGGACAGCTGCTTCCCCATAGCTGGCAGGTAGCGGTCCAGATCTCGATGCATGCCGATCGTAA[A/G]ACCCTCCTTCAGCTCATCACCTTCA TGAGAAACCACTGTCAGCCATGAAGCCCTCATAGGACGGGGCGGCCGTAGAGCCAGCTAACATAACACAAAACACACAGAGTCAGAAAAGATTTTCCAAAACCTGTATATTG TTATTTTCAATGGAGCACAAAAAGATATTTTAAAGGGG
LG16	ref-14788	46.756			AAAACGATAGCGAGAGGCATGCCTTCTGGCT
LG16	ref-66477	46.77			ACACGCGCACATGGCAGCCATTGTAAGTCCACAAGACCGAAAGTGCATATGAAGTGTGCTAATTGGGACTGGGCTTTCAGGAGCTGTTTGTGTTGTAGCACGTATAAAG ACAACATATCATGGATAAGCATATTGCTGGCGCCATCCAGCCAGGATGAAGTGGATTTAGTTGATGAGGGCAAAGATATCACTTGCGGTGTGCCCTCTCAGCCTACCAGCCC TGCATACGAGGAACCTGCTGGAGGTAATGGCTTGCACCATGACTAGATTGGATCTAGTTTGGGGGCACAAGAGACAGAAAACTTTCTTCTTGATGCGCCAGTCTTGCCCTCA GAACTTTTTGGCACATCTGAAGACGGTAGTCGGA
LG16	ref-48743	46.907			ACGTCATTACGACAGGTTTGCCACAATACA
LG16	ref-47302	47.198			GCTCATAAAGCAATTAAGTTTATAGAGTTATTATATGGGCAAATGCCGGTCGTGATATTTTAGACTTATTTTCAATATAAAGCATTTCAGTTTAGTTTGGTTTATTATGGGCT TGTTCTTGTTTGCTGTTTTTTTTTTTTTCTAGCAAGATCTGGCATCACAAACGAGTCAAGGCTTGTCATCGCTTTCGCTGTGATTTCTTGCACTGCGCATACAGTTACGTCT TTAAACAAGTAGTTGTTTCAGTTTGGTTCCATACACACCGTGTACGATTTTTGTAAATGCGGTTGTCACCTCATGTAAATTATAAACTCTGTGTGTACAGAACATGATTAAGCC CTAAAAGGAGAACTGGCAACCGAATTAAAC
LG16	ref-13309	47.976			AATCTTAACCCGACTACTGTGCACTCCCTGA
LG16	ref-59402_15	48.425			GCTTCTGAACAACAAGAGGATGTTTGTGACCTCTGGACATTGGACAGTCTTATGGAGACCAGTGTGGCTGATAAAAGTTTCTCACAGTGCAAGTCCTTCAACAGTACAGG CACAAATCTGAGAAGTGAACCACTACAAAGCTGCAAAGAAAAACAACCCCGACACACAATGGAAGGCAAC[A/G]GCTTCGAAAGGCAACCAGCATCTACCGATTTA GAAAGCTTCGAGGAAAGCGTGTCTCCTGGTTGGGAAGCATTGAAAGAACAAGACGTATTCCAACCATGTCTACCAAATACTCTGACATGAAGTTGCTCCCCACGGG TGTTGATGTTTCAGACCTGTCACCTCCTTCCCGGTGATTCA
LG16	ref-20466	48.984			GTAACACTGTGAATGCAAGCATCTGTTATAATAAACCCATCCATCAGGTGCACTTTTTGACATGACACATCTGTTTGATGCTGTCTACGCATCAAAGTAAACATTATAAACT GATACATATGTCTTCTGAATGGGTGCATGATATTGTTGTATGATATCTATCCTTTAAGGATGAGACTATTGAAGTGTCCATCGTAGTGCATTGCAATGACCCGTTTGCTTT GACGTGTTTCATGACCTGTTTAACTTTGAAGGTCTAAGGGTATATTTACACGACAACAATGTACTAAAAACGGAAAAAGTTTACTTTGTGTTTTGAAAAGTTTGCATACA CATGACAACATTGACAACAAATGATCACTGTTACGCCTATCTGCAAAAACAACAAAATTATGCTTTTTGAATTTTAATTCGCTGGCAAGCCAT
LG16	ref-9875_18	49.089	Chr16	10556995	GTTCCTCTCCATTCTCGTAGGCACACACATATTGTGATATCTTTGACCCTGTTACACCAGGTATTATTTTAATCTTTTCAAAATATGATGAAAGAGTGACATATTGT TCTTTGGTGTTTTAGGGGATGAAGCGCTTTGAGGCGAGGAAAACTGTGTCTCCAGGCACTGAAAGATAGAGGGCAGTTTAAAGGAGGTCAAAGACAATCCGATGGT[A/G]GT GCCCCGTCTGCAAGTTAGACACTGACTTCCACTTAACTCCTTAACTTTCAGTGGTTGTCAACTGGTAGATCATTGGGCTGGTCTGATAAGGTTGTGGACAACAGGGAAAAATC CAGTGCTAAATAGAAATAATTGACTAAATGCCCTTACATTCCCTGAAAGTGTGCATATAGCTTGCAAACTCTTATTGCAATGATTTATAATAAATCAA
LG16	ref-11795	49.731	Chr16	21362867	TAAAGTGTACTTATTTTTCACAAGGGCACTAGTTCACAATGTCATCACCTGAGTTCTTACTTAGCAACAGTGGTAAAAAGATGCTGCTAGCGTGCTAGTTCAGACCTAACTG ACACCATGTGAAGAGACGTGCAGGGAACAGCCAGTTGGAGGTGGAAACAACTTTTGTGTGAGTCAAGCAATCAAATCGAGTCTGAGAGGGTGTGTACTGCTCACCTCAG CATCAAAGCGGGGATCCTGACAGACGTCACTAATGTTAACAGGCAGTCCGGTTGATGCAACCAACTCAGCAATGCTGTTATTGATTAGCCAGTCCGAGCAAGACACCTTCT CCATGCTGACTTTGTCAAATGCACACACATACAC
LG16	ref-59402_17	50.407			GGTTGCCTTTTCAAAAC[C/T]GTTGCCTTCCATTGT
LG16	ref-5686_4	50.916			AGA[A/C]AGCCCGCAACAGTTTGTGAAGACAAG
LG16	ref-56721	51.031			ATTTATACAGCGACGAATATGCAGTGTCAAT

LG16	ref-5686_10	51.395			AGAAAGCCC[A/G]CGAACAGTTTGCTGAAGACAAG
LG16	ref-6280_9	51.71			AGAATACT[A/G]CCGAATGGCTTGCTTCCACAAAT
LG16	ref-17812_5	51.867			TGCAATGGAAAGGTTCCATAAATGTTAAAGGGTAGTTACCCAAAAATAAAAAATTCTGTCATTAATTACTCACCTCATGTCCTTCCAAACCTGTAAGACTTTCATTCATC CTCACTCTATTGTTGATGACAGGGGTGACGTGCTTGGTCTGCTGCCTGGTCGGGTTTATATTTGTGTCAGGGCTCAGGGAAGTACTGGCTAGCC[C/T]TGTTTCGACAGCTTTGC CGGCTCGATTCTCTCCTCATCTTGCTTTTTCTGAGATGATTGGAGTTGTGTACGTCTATGGGATAGACAGGTAGGTCAGAGCCTAGTACTTTTGTTTTAACTCTTACAGC ACTTCTCGAAGAGACAATGAGAACTGGTTATAGGGCATAAAACAAGATAAAGAAAAATAATGATCAGTATCATCACTACACACAGTATCAGCAATTCA
LG16	ref-22034	52.279			TGAAGCCATACGATAGCTTTGCACAACACAT
LG16	ref-18643	52.344	Chr16	15372571	CTAATCCACCGACCTCCTGCTTGATAACTTTGACACATCTTTTGCGGTTCGCAATCGCTTCGGGCACCTTGTAATCCGTAAAAGGAGTCCATACTCCGGCTTTGGGACTGTT CGTGGGGTCCGGCTGGTCGTAGGAGCCGTTGGTGGTGTATGCCGTTACAGTTAACGTGGTGTCTGCCGCGGGCTCCTCGCAGCTGAGCGTCAGCGACTCGTCGCTTAACT CGCCAGCACCGCGTGCCATCGCTCCCGTACGAGCACCTCCAAACATGCACCTTTTCTGCACTCTGTTTCCACAAACCGCCATCTTTGAAGCATCTTATAATGCCATGTGATT TCATAGACACGGACAGGACTTTACCCCGACTAG
LG16	ref-53895_5	52.692	Chr9	26150463	GTTTTTACTGTATTTTTAATTAATAAATGCAGCCTTGGTGAGCAGATGAACTTCTTTTAAAAACATTAAAAATCTTACAGATTCCAACTTTTGACCGGTAGTGTATATA TATGTAAGCAATAAGGTACGAGAGGATGTGCTGTATCATGAATAAGTCATGGCTGAAGGGT[C/G]ATACAGCACTAGCCTCGAGTTGCTTTTATAAAACAACCATATAAAA CAACCTTCCTTCCGCCGAAAAAATAGTCCCTGACTGTGAACAGCAACAGAAGTTACATTTTCACGCCATTAGATGGCGGCAAAGACTGTCTTCATGAGTGCAGTCAGTA GCGAAGACTGAATTGTTGTGAATACGGAACAAAACGCTT
LG16	ref-67237_26	53.128			TTCTTCATCTCGATGCGCCTGCAAA[C/T]GCACCG
LG16	ref-33306_2	53.213			GTAACCTCGCCTGGTGGATGGGACTTGAATCAGGAGTAGAGGGGTTTGTGAAGGGGTTCCAGACTGAGGGGAACCTTTGAGGTGTAGTTCGGAAATCTTCAAATGGTTCT CACTGTTATTTAGATTTATAGTAAAGGTATATTAGTAACTTTTTCATGATTACCATTAGATACAGAGTAGCATCTCTTAAGCTGGGTG[C/T]GTACTGTACGATTTCTATG CTAGCTATGCATAAGTCTTAGATCACATAACGCTGGCTTACACTACACAACCTTAAACCCAGACTTTTCCGCAAATTGCAGTTGGGACAAGTCAATGCTAGTTGCCTTGAGTC AGAGTTAATCTACACATTTTGGGAGCTCGGAGTTAACAGATTTACATTGTGAATGATGGTTTCAGCCATCTAGTCTGAGGATTTAGTTGTACAGTTCA
LG16	ref-23796_1	53.617			CATGCTTGACTGTAGGCAAGACACAATTTCTTGGTACTCCTCACCAGGGTGTCAACCACACATGCTGGACACCATCTGAGCCAAACAAGTTTATCTCTATCAGACCACAGA ACCTGGTTCCAGTAATTCATACTCTTGGACAGGTGTCTTTCAGCAAACTGTTTGGGGGCTTTCTGTGAGCCAGCTTCAGAAGAGGCTT[A/C]CTTCTGGGACGACGGCCAT GCAAAACTGACTTGTGTGAGTGTGCGACGTATGGTCTGAGCAGGACAAGCTGAACTTCTGCTTCTGCAACCTCTAAAGCAATGCTGTGACGACACATGCATCTCTTTTGG AAGCCAGCTTCTGCACCTGACGCACCGCACGAGGACTCAACATCTTTGATTACGCTTCTTTGGCCTGTTCCGAGTGGAACCTGTCTTGAAAAACCTCTGT
LG16	ref-31742_9	53.911	Chr16	37535041	AGTGACGCACAGTGACACAGTCACAAAATGTCTTAAGGTAACAAACAGTTACAGTGATGGAGTCAGGTATATCACAATAGCAAACATGCAGCGCTGACAGCTATTCAAG TGCTACAATGGTGCCGAGAGTGACACGCGGCGCAGTGGGGGAGTTAACGACACTGCTCCGGAGACGCAGGCCTCCGAGATTGAGGGGGCTTTACTC[C/T]GCGACAGA GATGCAATGTCAGATACAGAGGATTATGCATGCACCTTCACATCAAAGACAGCTTTGTCTCACAAGAGAACATAGACAGGCGGAAAAAGAGCGACTACATTCATTTCATC GCTATTACAGACCCCTTTGATTGAAGTTGTACACAAAATGGCCTTAAACCGACGCGGCACAAAGCCCCAAAAAGTCTTTAAAAGAGCTTCTTGTACGAAATTG
LG16	ref-15731_23	53.988			TCTGGGTTCAAAAATGTCAAATTTTGGTCAATTCTGTAAACCTCATTTAAATGAATACAAAATAAAATGGATCAGCTCAAAAATTTAGATTGACGATCAACATTTTAACTT TTAGTCAAAGTATTTTAAAGGTCTTTCTGCTGTTATAAGAAAAAAAAAAAAATGTGAGAGAACGCACCTGCATATTCGTCGA[A/C]CCCTCTATAATTTTTTTCGCCTGTGTAA ACAAAAGAGGATTTAAAAAAAAAAAAAAAAAATGTTTGTAACAAACAAAAAGCAACAACCTGTAATTTCTCAAAATATTTTTTGCATTTACAGAAGTCAGTCATACAATTT TGGAACAAATGGGTGAGCACATGATGACAGAATTTTCA
LG16	ref-54863	54.303			GCGGCAAAATTCGAGCATGTTGCATGTTGTCA
LG16	ref-37971	54.428			AATGCGAAATGTTACATGATATCAGTTTTTGCCTGAAGTAATACACCGACTTTGTAATGCATGTATTTCTTTTACTTTTGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTATC AAGGTTACTGTAGTTCCATAGTTACTGAAGAATATTTTACTACAAAAATAGCTATGTGATTAATTTGCACAGCCGTCCTCATCGCATAGTAAATTATTATTAATACTAATA AAGAAATTTGCATATTAATATGCATTTGATATGGTATTTCAATAATTCAATGTTTTGTGTTTATTAAGTCACGTTTATGTTAAGCACATTTAAAAACATCAGAAATTGCAA AAGTGCTTTCAAAAATAATTACAAATAGCCTAA
LG16	ref-57844	54.84			GACCGGACTCCGACATGCTTGCTTGCTAAAT
LG16	ref-72673	55.343			TTTGAGCATTCGACCTGATGCGGGGAACCG

LG16	ref-52556_29	55.912	Chr16	24346075	CCACAGTGTTAACAGAAACACTTGAAATATGATCCTGCGGAATGATTTCAACCAATAAAAAATATCTAATATTAACTTTACACAAGGACTCCTCTTGTAAGTTGCTGTAAAGATGAAAGGGCTTTACTCTATAAAAAGACAATTGAATTCAAATAAACTTTAGTGTATTGCTGTTGTTACCCACAGTGAGTTTGATCAGACAATGTGTCGAGACACTTGCATCTGT[A/T]AGCAGCATTTTAATAGCAAATTTTGATTAAAAATTCAGTAATAAACAGTATTTTGTACCATTTCAGAAATTTTTTATGCTACCATTCAAACCTTTTTAATGATAGTGTGTCAAATTTGTTAAAAATAATTAATACATTGTCCTCATGTGTGTTTATTATAATTATTATTCCTCTCACATTGGCCGATTCAAATCAATTGTA
LG16	ref-61416	56.709			GTGCACCTTGCGACATCACTGCACTGTGTCT
LG16	ref-23622_15	57.392	Chr16	29927374	GAAATGCATGATCAACACACACAAATGTACATACATATAAAATTCACCAAATCATGTCCATTTGTTGCAAGCCTTTCAGAAGAATTTCTGCACATAACGTTGACACACGTCTCCTGAAGGCTCGTTCCCCCCTCTCCGTGATTCCCTCCGTCCCAGAGCTCACAGGCTCCCCCTGGAGCAG[C/T]ACAATCGCTCTGATACCAACATCAGGCTGGAGCTGCAGACAGCCATTGTGTGCTGCAGACACATGTCTGCTGATGACACGTCTTCTCACCGCAACACACAGCCATCCCTGTTCTCTCCCTTCCCTCAGCCTGTCTCTTTCCATACGCATCTATTTCCCTTTGTCTATCTGCGTGGGTGTGAGT
LG16	ref-52975	58.164	Chr16	34648983	CTGTAAAAAGAAACAGCATTACAAAAACAAGCTTTGCAAGTATTTTATTACATATGACATCATCAGAGACCAAAAGCCCCAAACCCAAGACCTTTTCTCCACCTGTTGCAATGCTTTTGTGCTCCTTCACTACAATAAAAGTCTGTTGACACTTTTCTCATCTTACAGAGATGAAACAATATGATCGGCATAAGTACCACCTACTTTCCGATGGCACTGCTTTGTGTCTGCCCCTACACAATCAATGTTTCGTGAAATCTTAACATTACAGGGCTCATGCTGGGGGAAGTAAGCATTGAGGCCATTGTTCAAGTGTGTGGGTGCATGGCTTGGCAGCGCTGACTACTTTGTCTCTTTGTTTGGTGTGCGCCGTGACTTTCGCTTCAATGAGCTTATGCCGAAGCTGAGCTGCTCTGCTCAGTAAGTGATAG
LG16	ref-54283_28	58.36			AAGACGTGCTCTTTTTTTTGGGGAGACAAAAGCCTTGCAAGATGTCATCTCCTTCAGAGCCAAGCAGTCATTTAAAATGTAACAGACAAATGAAAGCTTCCCTGGTTTGTCTTACTGAACACCTGCTGAAAAAGAGATCTGTGGTTCCTTTGACATGAATGAATTGGATACTGTAAATGAGACATTTAACATTTAGTGAACGTACAAATACGAGTTGGCTGCAGTAC[A/T]GAGGACAGTTGTTGTACACTTGCTGGAAGAACTCCAAAATTTCAATGCATCGTGAATTTTTTTCATAGTGCAAAAATAAACATTTTAGTTGTGCCAGAAGTTGAAAAATATCCTGCATAATGCTGACATGATATTATGAGTTTCTCAACATTTCAATTTTACAGTGTGACCTGAGAATTAGTTGAAGTAAACCCTGTTATT
LG16	ref-64291	59.038			ATTATAAAGCTTAGATGCATCAGAATATATATTATTCTGTGATTATGTTTCATCAGAAAGAAGAAAGTCATATACCTAGGATGGCTTGAGGGTGAGTAAAGCTTGGGCTAATTTTCATTTTAAAGTGAACATAATCCTTTAAAGCTACGCAATGTAACATTTGTCCCTCTAGCGGTAAAAATAAAACTGCATGCACCTTGTGGAACGATTGTTTTGCTTGTGCTCTGCTCCTCTGTGCGGATGAATGTGGTTGAAGCACAGGTGTACACATGGATACAGGACATCTTGTAAGAGTGGATGGGCAATCAAGGAATGTTTTCATTAAAAAGATATTTTCATTTTATTATAGTTTTTAATTTTTTGTTTTTACTTTTTATTCTATTATCATTTTTTTACTTATTGTAATTTTTTTTTTATATGTTGT
LG16	ref-31077_23	59.523			CATCATCAGTCTGTGACATCATTGTTGTCTGCTGGTGTCTGTTAAACTGGCTTATGGGCCGTTTACACAGAATGCATTTTTTCACTCCACTGTGCTTCTTTCCACTGTTTTTCAAGTGAAGATGAGCTAGACGGACGTGTTTGACCGATGTGCTTGCG[A/G]CTTGCGCATGACCAGGCATTCTAAAAACACGGGGCTGGACGTGTTTGACCGATGTGCTTGTATCTTGTGCATGACCAGGCATTCTAAAAACACGGGGCTCAACTTAAATAAGTTCAACTTTAAAAAAGAATATGTCTTCAGACCTTGCACTTTTTTCCATTCCATTGACCTGCGTCTCATTTTTTAACAGCAAAAACGCATTCTGTGTAAACCAACCTGCCCTTAGGGACTGTTACACAGAACACATTTGCATTCAACTGCACCT
LG16	ref-31077_29	59.544			CGTGTTTGACCGATGTGCTTGCATCTTG[C/T]GCA
LG16	ref-54566_1	61.521	Chr16	44176831	GACTGTACCAGTGTACAGTACAGTAAATACAAAATACGATTGAAGGCTTTCAGTCCGTGCAAAGCAATCTTGTGCATTTTGTGTTGATGTGGTACTTTCTGTTATCTCATTCGACAAGCATGACAGCTTTTGAATAGCAGAAATGAGCTTGAGTCATTAAACTGTTGAC[C/T]GAGGGCGTTAGCATGCAAATCGATCTGCGACGATTCCTTCTGATATGTCCAGGAACTGAGGTCTGAGTTATCTAACAGCTCTCACAGCTCCGTTACTAGAGCGTTTATAATATCAGGGTATTGTCTCTGGCTCCGAAAGGTCACGCGGAGCCTATAGTTCCTCTCCTCCGGCACTTCAGGAAGAGGAAGAGAGAGGAAGAG
LG16	ref-15594_9	61.977			AGTGGGATAATTATACAACAGTTTAATAAAACAACAAGTTAATACTATGTAACCTACATTTTAGACACAGTAGTGCTCGCCAGTTAGCCTACTTGTGTATTCTGTCCCCGCAATGAAAATAGTTCCAACTAAGCAACAGTCGAAATGTTGCGCCGCGCGTCTCCAAGCAACACAC[A/G]GCAGCTGTTTCGTCCCTGAATGAATCTTTGCTTTGGAGCGATCGTTTGAGTGAATGATTAATTGAATCACTCATAATGACTCACTTGTTAATGCCTGAATGAATCTTTCTGAATTCGGAACAGCATTCTACTTTTACTATTCTGCCATGGAGATATGGTAGAGTAGAAAGAGTAGTATTCTAGTAGCC
LG16	ref-13955_30	62.383			GAACTACCTGCGACAGACATGCGAGACGA[C/T]TC
LG16	ref-18360_4	62.557			GTC[C/G]TACCTACGATGTTTGTGCACTGTGGCGC
LG16	ref-26237	63.254	Chr16	46034304	CTGTCAACATGATTTCAACCTAAAACAGATCCGGACTAACAGGACAAATGGTGTATTTGGAAGAGGTTAGTGGTGAAGGTTGATGTTGATGTCCATGTTACTCGGATGGTCCGCGTTTTGTCTGCATCACTTTACACATTTCTGCGTCCGTACTATGTTAACATATCCAACTAAACGCGAAATCATCGCTAAAGCAACTCTAACCTATTTTTCACACAGAGGACGGGCTTTTCCACCGCATTTGTTTACAGCCCTTCGCCATAGTGAAATGACACGGGTGTTACTGAGTAACAAAAACCAGTACCGAGTCTCTTAAAGGGCCAGTCCCGCGCAACACACTCAATGCGCTTCTGTGCGTGTCTCC
LG16	ref-23745	63.295			GGACATTCTACGAACATACATGCAAGTGCTGA

LG16	ref-15221	64.422	CTTGCAGGACACCAAGCTGTTAAACACCATCAGCTTAACTGCTCATCCTGTCAACGATGGAGAGCTCAGCCTAAGGTACCACAGATGGCAGACTTGCCACCAAAGCGGC TCAGGCTTCTCTCTCCACCATTTTATTCAACAGGAGTAGACTGCTTCGGCCCTTATCATGTCAAGATAGGCAGAAGGATCAAAAAACGTTATGGTGTAATTTTCAAATGCCT CACCACAACAGCTGTCAACATAGAGCTTCTCAACTCCATGGCTGTGGATGCTTTCTTGCTTGCTCTTCGACAATTCATAGCCAAGTGTGGCAGGCCAAAGGAGATCAGGTC AGATTGTGGCACAACACTTTTGTGGTGCTGAACGAGA		
LG16	ref-46938	64.617	TTATAAACTTCTACACACTGCCAGTCAAAATTTTGGATAACTTGACTACTCCTTGTAAGACTTTTGCCATAATATTTAGAAAAATATACATTTTATGGAAGTGTTAGGTTTT CTGGAAGGAAGGACCCAAAAAGCTGACAGATGCTGGGGTGAGCCACCTGGCTCCAGGCCAACTCTAAGATGGGTAAATCAAAAGAGGGATCAGACAGGCGAGGGTTATGC TGCCTTCACGTGCTAGCGGAAATTTGATAAATCCCACTTTTGAAGTTGTGATTACGAGCTCATCACATTCAAGTTTCAAAATGGGAGGGTATTATGTGCAATTTTATCTA GGAAACTCGTATTTACGATAATTCCAAGAGCATGTGAAGGCAGCATTTGACTGGAGGGACAGTCCATACAATGACCAGATCCAGA		
LG16	ref-18363	64.71	CTTAAATACAAAACCACTTACATGTATTAGTAAAACTATGTAGTGTTCCTCATGTTAACCTGTGAAATGTGCTTATGTGAAGTGATTATGTATGTAGCCACAAGATGTCAC TTTGGTTCATGTAGGTTCCCTGTTTTGTGAAGCAAAATCTGTCTACCATTTTATCACAAGTTTACTGCTTATGGTTAGGGGTTTTGAAAAACAGATACAAGCTGCTTGCCTT AGCAAAACGCCAAAAACAGCACGACATCATTGCTTTTTTATGCAACGTTATTTTTTAACTCTTAGTCAAATCTAGGTAGTGCTTCTCATGTTAACCTAAGTTGAAATTTATTC AGACACGTTTCCTCTTAACTGAGACTAAATTATAATTCAGGTGGGCTTTCGAAGAATAATATAATCATGTGGTTTGCATTGGCTGTCAAATTGA		
LG16	ref-24639	65.346	Chr18	19802325	ATCTGGTGATATTCATTACATGCAAAATGAATTTCTGAATAATAGTTTTAAATAAGTTGCAGTCTGAACTGACTCACAAAAATAAAAAAATCAAACCTTACCAACTCTAAA GGCCCATTCACACCAAGAACGATAACTATAAAGATAATTATAATGATAACGATATTAGCGTTTATTGTGCAGCAATTTTCGTTGTGCCACTTTAAAGGGGACCTTTTATGCA AAATTCAATTTTACATGGTGTGTTGAACATAAATGTGTGTGCGGCAGTGTGTGTACACAACCACCCTTATAATGGTAAAAATCCATCCACTTCTTTTTTATATTCCCATAAAT CATAAACTGTCTCAAAATGAGTCCTTCGTTTTT
LG16	ref-40264	65.579	CAGCTTTCCTGAAGAAGAGAGGATGCTTTTTGATTGAAATGAGGTTAAAGTTACAAATAATCGTGCCTTGATGAAAATGTAAAAAAGGAACTTTAAAGAGAGACTGGCC CATGAGATAAAATGCATAAATACGTTGTGCAAGAAAGAAAACATCTCAAGGTCGGTTTGCATAATTAGGGGAGAGGAACTAAAACTAACAACCTAGGAACGACGCTCC TACATGTTAATAAAGAAAACGCAACTGGGACGAAAATAAATTAAGCACATTTTAAATAAAGAGCAGTAGAGCACTGAAGAGGGAGAGCTTTGAAAGAAACAGCGTGT GTCATATATATATCAACAAGCAATAGGCGAAAATGAGCAAAAATGTCATTATCGGTATAGAAAACATTGACATTTTTTTTTCTTAAACATAGATTAGCCTAA		
LG16	ref-30547	66.421	GTGTTTTCCCGATCTTATTGCTAGCTGTGC		
LG16	ref-50843	67.169	GTCCTCTCACTGTAAGCAGAAGCATATATTATCTTCTCTTTTTTCAAATTTTCAGAGTATGTCTCCAATCCATCAGGCACAAAAGCTCAGGCGAAACATTAGAAGGACCATA ATGATGATTTGTGTTCAATTGCAATGATTATGACTCCAGGTTTTATCCATTCCACAGGGCTCTCACAGTAATGTGCTGGATGAGATCTTCAGCAATGACGATGGCATTGCTG AGCCATCACTGAGAAATGAACAAGAAGCACTGAAGCCTGAATCCTGGCACACTGGCTTTCCATTCTACAGTCACAGTCATATGCAGACGAGGCCATTCCGGCTCCAGCAG GCAGCAGTCACCTGAATTCACACTAGTAAGAGGGGAACTAAGAGGTGCTCTAGGATCTAATCAACTATTCATACAGATGACATATTTAAATGAGAAC		
LG16	ref-60655_14	68.3	CTAATGTACATCTTGAGACAAAACAATGGCAGTGACATATTTAAGATAAGTTGCTGTGCTAGCTAAAACAGCTCAAACATGCATTTCACTCTGGAACCATAGGCTTAATCCT GGTCTGTGAAACCGGAGGATTGAGTTTGTTTCAGTAAGGTTTTTGAGCTATTTATTTCTGCCATCCAGCA[C/T]TAGCGTCGCTTTTTAAGAACCCCAAAATCGGTCAACCA ACAAGTGATGTCGTAAGGAGCTGTTACACAGGAGATGTTCTTGCAATCATTTTTGCAGTGTTTTTTTTTTTTTTGTACACATCCGCTGTTGTTACATACAGTATCTGTCCT TTTTTTAAGATGCAGAATCAAGTTAAAAGTAGTTCC		
LG16	ref-10725	68.572	TGTAGCATGTTTGGTACTTTGTGGCATATTGAAATGTGTTTCTGGGATTGAATTACAGTGTGAAGCATGCCATTTCTGTTGCCAGCAGGTGGCGCTATGACTAACTGAATA TTGCATATAGATGTCTTTATGCCAGGACTCTTAGTTTGGGGCAGATCGGACTCGGTATGCCTGACTTACAACAGCTTCGCTTTTCATGGCGAAACATCAGACTTTATCAGGC TGCCACGGACAGCAAAAACCTGAAGATCTTCACAATTTAACATCGCAAAGGCCTTAAGATTAGACCAAATATGATGTTGATCTGGTTAAATCTCCATTAGGAGTTAATCACT GTGCAAAACATGTCATTTCTGTTGCCCGCAGGT		
LG16	ref-28294	69.101	AAATACAAAACGAAAGTAATGCCGGTGTGT		
LG16	ref-38057	70.194	AGGAAGAGCTCGACATTAATGCTTGTCTGCT		
LG16	ref-54946_18	70.762	TCTAGAGCGCCGAATGT[C/T]GTGCAGTGTTGACG		
LG16	ref-21183_14	71.434	CTTCCCCCCCCGA[C/T]TGCTCTGCTCCCAAGAGT		
LG16	ref-19897_27	72.147	AGCTAATGGTGCTTGAGTGATGGGCAGGTCCAACCTGCTATATATCTTGGCGCCAAGCGCCAATACCTTCACTTCGAAGGCTACTTTGCAGTGAGAACGCTAAAGAAGCGA TCCTACAAGGATGTTACGTGTGTGGTGGCCTATTGCCATTTTTTGGAGGATCTGCCAATCAAGACACTCAGTGCGAGGCTTGCTGTTGTCTTAACAGCGACCCACCTGCA GTT[A/G]CACCTCCCCTTCCACAGGTGAGGAGGCTGTGACGAGCTACCCATGTGCTCATCTCTCCGAGCCCCAGCCTTTATATTGAGGACAGCCTTCACCTTCTC CTGAAGCATGGAACCTGGTTTCCCTTCGGTTCTGGAGAGGATGATGCCATGTCAACTAAAGCCTCTGCCTAGGTGCTTGGTCGGAACCCAGAAGTTG		

LG16	ref-24301_16	73.421			ATATACCATACATTTAGTATGTATTTTACTATATATTTACCTTATATTAGTACTACCTTCATGATTATACTAAGAATTTTGTTTTAGTTTATACAAAATGCTGATGGACAACC ATTTTATTTATTTGTTATTTTAATCCTCAGCATCATTCAAATGGATGTGCATGATTTTACAGCACATGTATATGTGAAATACCATATATATGAGTGACCGATC[C/T]ACATGCT TTTTAACCCCTTCATTTGCGCTATTTTTATAATGTATCATTTTCAACTGGTTTTTCATTTGCTGATGCTTCATAGAGCAACTCTGAAATCTCTTTTTGCTGTTTGTAGTGTCTT ATTATGATACTTTGTTTTGATCAGCATTTCCCTTGCTAGCGCTGTCAGTGTTTCAGGGTAATGCCTTGCATTATGGAAATAAGGTACATGCACAAA
LG16	ref-35952_10	73.467			TATGTTCAA[C/T]CGATGGACCTGCTTGCAGGGTC
LG16	ref-70371	74.696			ATGACATGACACAAGAAACCTGTAAACAATGTCAAAGTAAATCACAATTTAAATGTTCAATGTCAAAAAGATCCTGAAGCAAATGTTGAGAACTACTACTAGGTCTACTACT ATTAAAAATTGGTTATAAATAGCACTGTAAACAAACAACAACAAAAATATTTGTGTTACTTGCCACTTAAGATTGTAAACCACTGAGAAAAGTGTAGGTGCGATGCACCTG CCATGGGCGTGTGCTTGCAGTTACTGTGGACCATAAAAAAGAGTTCCTCTTTACCGCAACTGTTACCATAAAAAAGCCAAGGTGCAGAGCAAAGACTCACAATATACATTT GACCAGAAAAACATAGAGTCATATCTGAAGAAGAAAGGTGGAAGTGATCAGTCATGGCCCAGACTCCAGTCTATTCTCAGGGCGGTTATGCTGGAATC
LG16	ref-35952_16	74.788			TATGTTCAACCGATG[A/G]ACCTGCTTGCAGGGTC
LG16	ref-51443_30	75.447			GCACCAGATGCGACGCAAGTGCTTTTTGTC[A/T]AG
LG16	ref-36499	77.857			GCCTGTCAATCGAACTCCCTGCGAAGGGTCA
LG16	ref-38194	82.13			GTCGGTGCCGTCGGCCGAGGGTTCACAGGGCGGCAGCTGGAGCAGCAGTTTGGAGACAGTGAGAGCAGCAGCTCCACTGAACCGGACGGGCTGGTGATGTCATCACAG AGCGCCACGCTCGCCTCGTTACGAGAATCCGGAAGGACAGCATCTGATTGGACAGCCTGCGAGAAACATGCATGGTCATCGTGACATCAAAATAGGTTATTGTTTTAAAT TCATGTGTCTCGTAATCTTGAATCAGAATAACTCTTGACGATCTCTTCTCTCTGATGATGAGGGCGGGGCAACCTGAGATCCACCATATCCACCAATAGCAAACCACA ACCATCCACTCAATTCCCCACAGACAACATCAAGCCC
LG16	ref-1900_2	86.016			TGCAGCATTCCAAATTTGTCAATATTGGTAGCAAATTTTTGATGAGTCTGAACCAATGAAATGAGATTTTCAAGCTCATGCTGATGTAAACAAATCGATCTTACTCGCGCTG ACTGACATATACACAGAATTACAGTAGGCCCGCTTCAAAATATTGAAGTAAAAACAAAAAGTGGAATATATATATTTTCCTATAGATAT[G/T]TGGTTTTGCGAAGTGTGTG CCAAATTAGGTGTTATTAACAGGGATTTTAAGGTGATTTTGCTTGGTGATTTTGTTCATCATAAATTTAACTTGATTTTTAACTCAACATCATAACATCATAAATTTTAAC TCAAAATTGACTTTGCTCACTCTATCCACTTCAAACAGGTGTAGCTCAGTAATTTTTTGTGCGATTCCAACAAATCATACATCATTTTTGAAGGTTT
LG16	ref-30277	87.349			AAACCTGTGCCGAAATTTATGCATTTGGCAT
LG16	ref-8590	87.721			ATTTTTAGCTTATCAATTTTCTTAACAGTTTAAATCCATTGAAATAATAATAGGATAATATTAGTAACAATACACTTATAACTTGAGTCATTCTTGAATATATTAACCTTAT ATTACAGAAACCCCATACGAATTCATAATATTAACAAAACTTACGTTATATTTTAAAAGCCAAAGCAAATAACAAGGAATCAGATGAAATATGAGACGATATTGCCGCC TGCTGACCATTAGTAGAACTGCAAAACAAACAGATAGTTCATCCAAAAATAGAAATTCGTAAATATGTACTCAGCTTCATTACAAACCTGTATTAGTACAATCAATACAA AATTATAACAGACAATGTAACAGACATTGCAAATCGTTTGCACACGTACTGCACATATTGTTATGTAATATCGTTTGTTCCTTGCAATGTTACT
LG16	ref-28649_25	89.742			AGTTATTGACAGCCTCCTGCTGGTCATATATGTAAGTGCATGTTTGCCTATTCTGATCTCTCAGGATCTGGAGTGAATGTGTCACTGGTTGATGACAACAGGCAGGAGTGG GTCTTTACCCTCTATGATTTTGACAACAGCGGAAAAAGTAACGAAGGAGGTAAAAAAATTGCATTTTATGTATTTTTATTTTAGCAGTCTCGAGGGGCGATGTGTCTGCAC T[C/T]TTAAGTGAAGCAGCAGTGTTTCATGCACAAGTGTGCTGCATGCTTGTTTCATGCAGTATGAATGTTGTAACCTGTTAATATACTGTATGCAAAAATGATTATGCGCTGC AGATGTGTGAAACAGGCCTGCCGTAACAAACATGCTATGCAACTGACATTCATTCCCTTCAATGAAATGCATGAGAATGTTTTTATGATGTTGGTGT
LG16	ref-38534_29	94.274			GACAGCCATCCGAGTCTGATGCATGTGT[A/T]CAT
LG16	ref-21067	99.816			ATATCTCCTGCGAAGTTGTTGCAAATGTCGC
LG17	ref-27750	0			AACTACGCACCGAATGCCGTGCGCACGCTCA
LG17	ref-69463	3.131			ATTATATTTTAGTTTCAGTATTCGACTACACTTTATCCATATTTTAAAGTCAACAGATGTTATTATGAAGTTACATATGAAGATGTACTTAAGTCAAAAGTCAAAAAAGCA CTCTTAAGTTAAGAATTAGATCAATAATTGGATTAAATATAAAATTTAACTAAAATACATTTTCATTTAATTGCAAATATTATACAACAGCAAGTGTTCGAAAACATTGCAC TTAAGTATATTCTTAAGTATTATATCCGTAAAAAGTATTGTTTTATGACACAAAGGATTTTCTTTTGGACCCCATTGATTAATACTGCATGGACAAAAAATAGAAATATT CAAAATATCTTCTTTTGTGTTTCACAGAAGAAAAAAGTAATAATATTGTGTGCATTTAATGCTTAAAAATCATTGGAATATAGCTGAAATATTC
LG17	ref-51632	7.866	Chr14	28632407	GTTGGTGTGAATGTGTGATTTCTCCAAAAGTCACAGCACATGTGAGTTGAGTACGAAGTTCAGGAGATGTGCCAGGATCACGAGCTCCCATATCAGAGTTTGATAATATCG CTTTGCAAGAAATAAAAACTTGTA AAAAGCTATATAATTATCAAATCTATTTGATGGGACAGCATCTGGCAGACATGTCGCTGAAGAGAACACACTTTAATGGGCAGATG CTATTTACAGCCACCTGTTTGGCCAAATTAAGAAAGAGATACAACCACAGTCCCACATAGGTCACTGTGTTTGTACGCAACAACATGTCCAAAAGTTAGCCCACTAA AACTTTCTTTCTGTAGCCGCCCATCTTTCTTTTTCAG

LG17	ref-13892_10	9.525	Chr14	30041494	AGCATGTAATTAATTGACACTTTGCTTCTGCTGATGTGTTTGCCTCACATGCAGTCTGCTGGGTTCATTTTCCCAATGCCGCGTGAATCTATGCTATGGCACAGGATGGG GTGCTTTTCAAAGTGTTAGCCCAAATCAATCCTAAGACGAAGACCCCTCTTATTGCTACAATGTCTTCAGGTGTAGTTGCAGGTGAGAGATGGAAGCA[A/T]GATTGCTGTG CAAACCACCAATGTGATCCACCAGGCAAAATGTGAAAAAGAGTGAAATGCGAAATATAAGAAATTATTCTATGGGAACATACTTCAAATTCAGGGTTACAGGGTTCCAAC ATTACAAAAAACAACCTGGAATCTCAGGAATAAAGCCAGGATAAATCAGGGAAATTAATAAAACCTAAAAAGTCATGAAAAACAATGCAGTTTCATT
LG17	ref-23912_18	12.066	Chr14	31644389	TGAATCCTGTCACTGGATTAGATCTGTGACATTAGCCCTTCTCTTCACATCAGGTCACAGGCTCCATGTCACATGACACCAGGGCCTTGACCCTCTGTGGTGACATGTTAC TCTAGGGTCAGTTGGGTCACTCAATTAGCAAAGGAGACAAAGACCTGGGCGTAGAGGAGGTGAGAGATCAGCCATCCCATCCAAAGAAATTCACCACCGAGCTC[C/T]C TGCCGCACGCCTGCTTCTGCTCGCCTGGCCAAGCCCTCATTTAGCAGTTCACTGACTGGAGACGTGCCGCTGCTCTTCACAGAATTTGCGGTGACAGCCAAGAGTCACTA AAAAGCTGAAGAGTCACTCCTGTGCCACATGGCGGGACCGTCGGCGAGATTATGATCTTACATCCATGAGTCAAGAATCTGGTCTTGAATTGACTGGCACGC
LG17	ref-44967	15.485			TGCCAATTTTCGACCCCTGCCAGATTATT
LG17	ref-61443	16.356	Chr14	36262368	GAATGTAGTATTGTTGAGTAGGTACCAACAGTAGGTACCAGCCTGCTTATTGTGAGACAGAGAAAAAATATGACTGGTAAAAACAAAAACAAAAAATATGACTGG CAAAATTATTATTTGTACAGTCAAAAAAGAGCATATATGGCCATAAATGTGAATATGACTCAAAATCGCAGCAGTGTGATCGAACAACTTAACAAAGACTTGAAATTAAG TAGCAATAGTGCTCACAGACTTTTACGGCAGAGTAAACGTAAGTCTCTGCAAGGCCATTGCCGGGGAGCAGATGTTTTATAATGGGCTCGTAAACTGAACGCTTCACGTTTG ATTACAGCCAGAGAGAGACTCTCGTTTAACTAATGACCG
LG17	ref-19234	17.978			TAATCAGCACAAACAGTTTTCACATTGATTATAATAAGAAGTTTCTAGAATTATTTCTGAAGAATCATGTGACGTGCTGAAAATTCAGTTTTGCCATCACAGGAAAAAAT TACATTTTAAAAATATATTTAAATATATTTTACTGTATTTTGGCTCAAATAAATGCAGCCATGGTGAGTGCAAGAGATTCTTTCAAAAACATTAATAAATCTTACCGACCCCA AACTTCTGAATGGTAGTGTCTCTCCATGTGGTTAGGATTAAGTGTGTGATATACTTGATTGTTCAATTATCAGTGTATATGTCCTGTTTTTCATTATGTTTATTTCTCTATAA TCATTTTCTGCTGTATAATAGGAACTCTGTC
LG17	ref-45377	18.733	Chr14	36728534	TTTCAGCCCTGCATGCATTGAAGAAAGAAGAAATTGACAGCAGACAATTCATCTGCTCAGTGTGAGTGTGTATATGTGTGTGTGTGTGTGTGGGGGGGAGGTGTATGGGT GTGACTGATGGTAGGTTTATAATTTAATGCACTGCTTTCCTACTTAAATATCACCCCTCTTTCCTGTGCGCAGAGTTAAATTTCCACTGTACCTGTCACTCGAGTGGGGAGCCA ATTAACCGCCTTGCTGCTCTTCCCATCACAAATATGCATGCAAGGATTATTAGGTTTCAGGAAAAATGTGTGTACTTGCGCAGTGTGTCTTTGTGTTTGAGTGTGTGATAAGAG AAATGGAGAGAGAGAGACACTTTAGTTACTATCACAGAGATTCAATGCAAGGCTTTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTGTAGATTGCAATAC
LG17	ref-26206_27	18.996			TCACCCTAGTGACCCTACATCAATGCATGTACAGTAGATAGGCTACATCCAATCTGTACATTAATAGCACAAATGCATAATGCAGCAACAGCGTCATGTCTGCCCAATTT GCACAAATCTCTTCAAATTATATCCAACACTGTAAATAATTTCTCTGTAAAATAACAGTAAAACAGTAGCAACAGAGTCGCCAGC[A/G]ATCCGAACAGGAATAGGAAGCT CGTTCCTCCAACTCCTGTGAAACACCCGTTCAAGTGCCATTGTGCTATTACTTAAAACTATGCATTGCATAATACAGTACAAAACCATAATACATAAAATTTAGATTACTATTG AAAATGGGCTGTAAATTAACAGCAGTTGCTTACCGTGAA
LG17	ref-20940	19.428			AAATAATGCACGATGATTGTGCGCTGGATAT
LG17	ref-21388	20.305	Chr14	36231588	ACAATCAGGCATGACTTCATGGTTATGTAATATGTAAAACATTTGTGTAAAAATTCCAGCAAAAAACACTATAATAACATATCAGTACAGTCATACTGTATAAAGATTAT GTCATAGGCCCAATAAAATAAAGACACATACTGATAATGTTTCATATGATCTGAAATCTGTTTATGCAGAAATAAAATTCATAATTTTCATTGCATTTTCATCACGATTGTTAAGCA CGCATATAGACATAACCTCAATGTGTGTCAGGCTGCAAACATTATGAATTTCTAACAGCAGGCATTCTGCAATACACCTGTCTATCCTTAGATATTCTGTGCTAATGTGAAAGT GTCACATTCAATTTGGCTCTCAGCTAATGCAAACACAGTGACGCCTAATTGAAATCCACTGGATTTATAACCACTGATTACTGTGCAGTGTGTGGT
LG17	ref-43480	21.47	Chr14	41300009	TGCATCTAATGTATCTTGTGTAGAGAAATTATGTACCTGGCACAGAGTTGAAAATGCCTAAGGATACAAACAGCTGTAACCAGAGCTGTTCTTATCTGCCTGTCTGTCTGT GTGCACAGGAGACAGTGTATTGTCTGCCTGTCTGTCTGAAAAGAGCTGCAAACCTGTTTCAGCAAAATGCACCACTCTTGTGAAGAGAGAAATGTCAGTATGTAGTTCACA GAATATTTCTTTTGAGAGGAAGATTGTTACATGTGTGTGTAGCATGCATGTGTACATGTGTTTGAATTTGGCTGGGATTACAGAGATAATTATGATGTTGACGGCAGTGAT TTCATAATTAACACATTTTCTTGCTGAAGTTTGT
LG17	ref-33851	22.417			AAATAAAGGACAAAAGTCAGATGTATATATTTATTTATTTTTAAGTTGGGGGAAAGAGCAAGGTATCTTTTCTTGCCCTTCTTTCTCACTGGGAGATCAGATTGTGTGTGT ATATATATGCGTGTGTGTGTGTGTTATCCGGGTTTTTTTTTTGGACGCAAGGTGATGACAACCTTAGCAGAGCATTTGTGAAAGAAGTGTATTAGAGGTAGACAAGTCTCT TTCCATCTCTCTCAAAACATTCCATGCAGCCTTTCATTTTCTAAGTTTATAAATAGTGGAATGCATCGTCTGCTGGTATAAGAAACCATTTCCTAGCTATTGCATTCCACG GTGACAAACATGAACTTTAAATCTTTATGAGT
LG17	ref-47376	22.867			GATTGCTACACGAAAGCTGTGCATGCTCGTG
LG17	ref-60429	23.452			TCATGTGTGCGGAGTCATGTGCTTAGACTCC

[illegible]

LG17	ref-13765_9	42.153	Chr14	7990324	GACACGTTTCGAAATGCATTTGAGATTGCATCGTTTGC GTTTGTTTATGTGTTTGCATAGAGTATGTTAAAGGCCTTAGTGATT CAGAAGATGTAAACACAGTTTGAGTGA GTGTCTTTTGCCAATCTTAAACTCAGGTTGTGTTAATATGCTGTGATGAGGTGCTTATGTAGTGGAAGTGATGCAGTGTAAGCTCTTCTCATTGGCT[G/T]CGATAGACCTGC TGTGTCAACTTTTTCTTTCTTTTTTTGTTTAAATTAGCAGCTGGTTTTCTCTGCGGGCTCCATTGGGACTCCATATGTTATGGAGTATAGATCCCATGTGTAAAGCACACGCT GCACCTCATCTTACACTATTTTACAAAAATAGGACCTATAGTTTCCACCAAAACACCACAGTTACTACATGTACCTGTACTCTTACTGTAAAAATGA
LG17	ref-6409	43.05			TACACTCATTCGAAGCGCGTGCACAGCGCAC
LG17	ref-23057_14	43.38	Chr14	11554030	TGTGAAGCAGATTTGCACAGTTATTGACAATAGACTCAATTTTGCCAACATCCTCTTCTGCTGCCTCTAGGTCTCATCGTGTCTTATTAATTTCTTCAGCTAAATCATTAAAGA CTACTAAAAAAGTCCACAGATCTGAGCTGTTCCACTCCTTGCTCCTCTCTGCTCTCATCCTCTGAGTGCATTAATAATGAGTCAAGTTTGTGATCGA[A/G]CGCAGTGCA TTAGAGCTCATGAATTTAGCATGCTTTACTATGCAGAAGAAAGACTGTTAATCTGAACTTTACTGAGTGATATTCATGAACTCGTGCTATTTATAGCTCAGGTCAAACCAC CACATGGAACATTGATGGGTTGGTCTATGATGTCATGGAGCATTACTTCACTGTGAAAAATGAAGAACTGACAGAGTAAAGGCATACACTTTTGGTA
LG17	ref-46971	43.778			AACAACAAAACGAAACTGCTGCGGCCAACTG
LG17	ref-54679	44.719	Chr20	1542278	AGGCTACAACCTATAACGTCAGTTGCTAGAGCATCTCTTGAGATCAGGGGAGTGAGGTTACACGCACAGCTCTTACTAGCCTACGTCTGTTACACTCACCCCCCTAAACC TCACTCCCATCCGGGTACGGCACCAATGTAGCCCTTCCAGTTTCGCACCTGCCTGCTCCAAGCGGGACGCATGGGAGTCGGATGAGTTACTGTATGTTTTTACATATTGTGT GGAAAAGAGCAGCATGAACATCCTGGTGAATTTCTGTTTTTTCTTCCACAGAATGAAAAAAAAAAAAAACTAACAGATTGGAATGACATGAGGGTGAGAATTTCTTC ATTTTTGGCTGAGCTATTTCTTCACATTAATAAAAA
LG17	ref-57082	45.2			CAGAGTGCACCGAAAGGGCTGCCGATTTCAC
LG17	ref-50339_19	45.519			TGGTTTGTGCCGACCCCA[A/G]TGCATTTTTTTGT
LG17	ref-42421	45.885	Chr14	42792828	TGCTGTTGGTCTGTGTGGGCTCCTGTGATCATGATGGCTTTTCAAAGCAGACCTCAAAAACAAGGAGCATGATGGGAAGCGACTGAGCGTTAAGAGGGAGCGCCAGGGGC GACACGTTAGCAAAGAGGGCCACAAAACCTCTGCATTCCAGTTGCCAAGGCAACCAGCCGAACGTTCTGCGTGTATACAAAAGGCAAGCAGGTCTGACTGCGAGGCAAAT GCACAACCTCAAATACTCAGTTATGCAGAGCAGCGTATGGATGATTATTTAGAGACTAAAAAAGAGTCTGAAATTGCTCTGCAGCTCTAATTGTGAATTTAGGGGAACATA AACTTCAGAGTCATTTTCGGAAAGCTACTGTAATTGTGACAAAGCGGAAACAGAAGTGAAGGAGCTTGCTTAAATAGATGCTGCATTTAGTAATTAAT
LG17	ref-67883_4	46.352			ATACATTGATTTATTTGTGGCGGCCAGCCACAATATCAACATTGACCGCCACAAATAGATTTCAAGTGTCCCCATTTCATTAAGTACAGCCAGCCGAAAAATATATTTAAACT TCTCATAATAACATAAAAAGGTCTTTAATGCCGTGTTTTGCGCCACCGCTGTCAAAACAAGC[C/T]CGCAGTGCAGTACAGTCGTACACATACAGCTGCTTATCAGGTAAAC TGAATCGTAACGTGTGCAACGGCTCACGGCTCCTGAGTGTCCGAACTCGCACTCAGTACCTACAGGGACTGAGGTCCATCCACCAGACTTTAACAAAAATCATGTGGGAAA CACTGAATTATCTCTTCATTGACTTACCCTCATGTCGT
LG17	ref-15641_4	46.504			TGTATACAGTAGCCAGCACAAATGTCAACTTACATAATTTTACGTAAAGCACTATCACTTCTTTAATGTGCCTTACCAGACATACATGCACAAGTTGTTGGAAAATAGGGT GATCAGGGACAGATCTTCTGATGACGCTGGAGACGAGCAAGAGGCTCGTGATACTGATCAGGAGGCAAGTGATCAGGCTGAGGATGAGTGCA[C/T]TGACAACGACATAG TTGCTGAATCTGAGTCAGAACCAGAAATTGAACAGTCACTGCGGTTATCTCTGAAAGGCAGAAGCCAAAGCCAAAGCGGTTGCGCCTATTAGTCAGAGATCCCGTAGT AAAAGACCTGTGAAGCCAGTTATAAGACTGACTTATGATGAACCAGGAAGAAGTAGTGACCACCTAATTGAAATAGTCTATAGAGGGGTCAATTATTAATTAGG
LG17	ref-47840	46.507			AATAGTAACCGGACAACAATGCACTGAAACA
LG17	ref-56212_14	46.726			TTCATCATAGACGTCCCCTCTTGGTCAGAGGAACTTTGAAGGGCCGGCCATTGATGTTGAGGTGAGCGGCCGCTCGTTTCGCAAAACTCAAAGAAGACCGAAAGCAGCG GGAGCGTTTCATCTGAGCGCTCACAGATGACGGGATGACATCCCCGCTCTCCGAGCCGTCAAGAAACCCAGCA[A/G]CATCCTCGTCCCAGCACCCGGGTGGCTCATCCAT AAAAGGGGTTTCAACACCGCAAAAGAGGCCACACCGCGGGAGTCCCCTGTGTGCGCACCTGCTTCGCCTTTTTTTCCCATCAGAGTTGGACAGACATAAATCAGAGCGCCA TGCTACAGAGCGCAGAGAAATCAACAGCCTCTTCGGCGTGT
LG17	ref-23391	46.88			CACACACAAACGATCTGCTTGCCTGTGATGG
LG17	ref-51409	46.901			ATAATGGGAGGTGTTGTCTTCACAGCCGGTGGAAGAATCTGACAGGACTTGGGCAGAAATCATATTCATGGATGAGCTAATGTTCTAAAGATTTATTAACATTATTGTA GTATGAAGCAGGGTGTGGTTGAAAACCACTGGAGCAGAATGAGGCCACTGGAGCAATTGCTAATGAGAGACAAGTGTGACACACTTATTATGCTGCAGACGAGTGCTTCG CTTCCTCCGTTATGAGTATGTGGGGTAACGCAGCACTGTTTATCATATTAATAACATTTGCGTGTGAAAGTTGTTATAATGCTACACTGTGCATTTCGCTTGGCGACTACT ATGAGACACTTCAGTAAGCTAGATCAATATTAGTCATGGTAAACATGGCACTCTTGGTAAATCAAGAAAAC TAGATTTAAACTATAAGACTTACTG
LG17	ref-55284	46.958			AGCCGTGGCGCGACATTGTTGCAATGATAT

LG17	ref-54642_24	47.074			CGTTGGTGTGTTGGAAACGGATAGAAATACGGTTGTCAACCTAGATAGCAAGATCGTCCAAACCGTTGAGAGAAGGGGGTAATTCCAAGGAATTAATCTCGTCCTTGATGTGTTCCACTAATCCAAGCAGAAAGTGGTCCCACTGTGCTTTAGAATTCCACCCACAAGATGCTGCGAGTGTACGAAACTCGATGGAATATTCGACACAGATCGAGCTCCTTGCCG[A/G]AACAGCGACAATGCTCGTGTGCCTCGGAGCCCAATGCTGAATGGTCAAAAACCTTACGCAGCTCCTGAGAAAAATCCTCGTAGGATCTGCAACAGTCATGTTCAATTATCCCACATGGCCGTTCCCCACTCCTTCGCAAGACCGGCCAGGTGCATGATGACGAAAGCCACTCTGGATTCTCCATCAAAAAACAGAAGGGCTGTAGT
LG17	ref-54794_6	47.105	Chr13	18458741	TTACTACATCTTTTTTATAGTCTATGGTATAAATACAAAGTTGTGTCATGAAACTCTAGATGGTGCAGGCTAATAGGTCTCTAACTCATCATCATTATCTATAGGGCAGAGCTGATTGGTTTCCTGCTGTATCAGTAGCCAATGAGCTTGGTGTCTCAAACTTTAAAATACTT[C/T]GGTAGCATTTGCTTCGCAGTGCAACAAGCTTTCAGAAACCCTCCACCTTCCCCAGCTCCACCTGTATAGATCTGCTATGGGTAATTTATGTACATTGTACAGCAGCAGCATGACTTACTTGCACATAGCACTGTGTTGTGTATTTATTGGCAGTAGCAAGTCCCGTACTTGTCTGTCAGCAGCAGATATAACCTA
LG17	ref-11210	47.417			TGTAGACTTAAAAACAGAGGGAGCAAATTAACGTTTGGAGGGACTGTGCTGATATAATAAGAAATTGTCTAAAAGTATTAGCCTGTTTTCATCTGGTCTCTGAGTTGCCTTTTCAATTTGTGTGTGTGTGTTTCAGTGACTTCCAGCAGGGTTTAAATGAGCCTTCGTAATTGGGTACACGGCATAAGGTTCAAGCGCAAAGTTGAGACGCACAATATCCTCTCACTTTCTTACGTTTCAATTTGGTGTACTTAAATCCCAAGTTAATTCACCTCTGTTTTCAATTTCTCAGTTGGGGACAGACCTCTGCCATGCAGGGCTGCAACCAAATTAATAAATGACCTTTGGAGTTAATAGCTTCCTTTTCACAGTG
LG17	ref-41209	47.684			TGGCCAAGGGCGAAGGTTGTGCCTGTTAATT
LG17	ref-27871	48.085			TCCAAAGAATCTCACAAAGACATGCCACTGTCATGCCTTTCCCCACTGACCTTATGAAAGAGCCATCATCACATATTAGCACAAACAGTGAGCAAGTGTGTTTTGATGGCAGACTTCAAAAACCATAGCAGCTGTATCTCCTGTGGCAGACGTTAGGATGTGAGCATCCCTCAAGACCTTCTTCCATTCTACCAACCTGGAGCCAATACGAAACCACTACACACCACAGGGTCATTACCTCACACCAACCACCTCTATCCAAGTGCATGTGTCATCAGCCTCTCCACCAGTGTATACATGACTGGGATTGAAATAAGTGTTTATAAGCCTATGTACACTAACAAAAGCTGACATGTCTCAATGTTTGTATTGTTGTTGGGACTGTCTGTTGGCAGTCAAGCTGTACTAGTCACAGTATTTTCAGAGAG
LG17	ref-18388	48.375			CCGCCAGGTGCATGATGACGAAAGCCACTCTGGATTCTCCATCAAAAAACAGAAGGGCTGTAGTGAGAAAGTCAGTGAGCACTGTGACAGAAATGAGCGACATGAATTTGGCTCACCAGAGTAAGGAGCAGGTGGATTGAGGCGAGGTTGCGATTGACAGGGAACGACCCTCAGCGTCGGGTAGAAGTGGTGCAGTAGGAGCCATGCGAGGATTA TGCTGAAGCTATTTGAGCCGCTGAGTAACCTCAGCTAGCTGGCGTGACATCTCAGAGATGGCTGATGAGAAGCCGCAAGTTCTCCTGCTGCCGTCCCAAAAGAATGCCTTGTTGTGAATGGCTCGACGCAACTCAAGTTTCACTCCACTGAGTCCATAGTGGTCAGCTGATTCTGTGAGGAATGTCAGATAAATGGAGGACTCAAATGCAG
LG17	ref-8912	48.748			GTTGCATAAACTTAGGCTTTGGATTGTTTCTTAAGAAGTAGTTTGACCAACTAACAGTTAGACAAGAGGTAATCCTTTTTTCTTTTCCGATTCAAATTAGACCAGTCTACCTTTATGTAGCTGACTTCGTTATAACCAGTCTTGATAAATAAACAAAAATAGATGACTATCTTTTAAGAATAGTCTATTAGAAGTTTATGAAACCAGCCAACAATGTTGCCTCTTCTGTGGCCTTCAGCACTGGGCTAAAGTGTAGTTTCCACCCTGAACTACTCAGAGAGATCTGAGAAAGTTATTTTCATCATGTGATTCTGCTGTGACCTCCAACCACCTGACACTAACATCGGTCTCAGCCCACCAGACCTGTTGAAAAATGCACITTAAGCCGACGTGTAATTTTGATGTTAAAAATACCTTTTTCCACAGTTAA
LG17	ref-171	49.291			AGGAAAAAGACGACCTCTGTGCTTCAGGAGT
LG17	ref-48463	49.3	Chr14	34931414	TGTCTAACAGAGTTTATGTTGCCTCATTCTCTGTGGTGCCACCTGTGATATCTAAACCGCTAAATGCAGCCTCCGTCATCCATTAGGTCCCTCCGACCCTCTCATTAGTCCTACTCACATTCACAGCAAATTACCCGCAGCAATTAGAATAAATATCAAAACACAACATGCGCCTCGGCCGCAGCACATTCGGGTTTATGCTGGAATACCTACTGTGGGTGTTCTGATTAAGGTGAAACTTACATCAAAGCCCTGCAGTGCTGCCTGGGTAAAACACAGTGTTAAATGAACAGTGTCAACCACTGTATTTCTGTCCAGTCAGGATTGCACCTTTTGCATTGTATGACACAGAGACTGTGAGTAAATTTAAA
LG17	ref-26376	49.332			ACAATAGCAGTTACTGAAATGGTGCAGGACTCTTTAAAAGTATGCAGTCTGCCACTTTTGAACCAATCACCTGAGCTAATCATTCTGAAAAATGACACGCTTATAAGCTGATAGCACCATTTAAAACATGCAAAAATATAAGTACATTCTTAAAAATAATGGTTCCAAAAGAAAGGCTTTGCAGTGATGCCGTAGGCTGACCCGAAGAACTTTTCAGTGAACAGTTCTTAAAAATCGTAGGCTGACCCAAAGGATTTTCAGTGAACAGTTCTTAAAAATAATGATGTTTTTCTTAGTATGAAGAAAATCTTCTTCATGACACTGTACTGTAGATGCCAGTAAATCAACTTCTATAACATAATAAAATATAA
LG17	ref-12045_30	49.358	Chr14	34216088	TTTATAGCACATGTTTGCTAGAGTAATAAACTTTTGAATCACTGGCCGATGCAGGTGCGAGCTGGTACGGAGGACTGACTGATCCAGAAAGATACCCATGACAGAACCAACAGCAATGTTGAGGGCACATACGTCTCCAGAATGAAGAACAGCACATTTCTACGCAAAAGCAAAGTAGAGCACTAGCTTCGGGTAAAG[C/T]CCTGCAACAGATCCAGAACTACTGCAGGTGATTACATACATTCAACTTTTACAGAAAAATGCTATAAAAAATGGTACATTAAAAAGTGGTTAATTTGTTAACTGCAAGTTACTTGAAAACTGTTACGGTGAAACTGTAAATGGTTTATAATTTTACCATATACGGTGAAAACT
LG17	ref-47802_14	49.414	Chr19	5255198	TCTGCTTTGATTCTGTACAGACGACAATGTTGTTAAAACGATCCTCGTTCACACTGATCTGCGAAAGCGACTAAGAATGCTGTATTACGCATGCTAGGCCAGTAGTTGGCGATGTCACTTTGTTAAGAAACACTATGCGCCTATAGACTGAACATTTATTTAATGTTTACATGGAGACAGCAA[C/T]GGTGTGCTTTTCAAAAACCTTGCACTTTGAAAGCTGTTCAAAAGTTTGTTTTTCAGGGCCCCAAATCACTGTTGTATATGGCCAACTTTGTATTACAAGGAATAAAAAAGAAAGTTGTAACAACATGAGGAAATGATCACGATTTT

					TGATGCTAGCTAAATGCTGCTAGCTTTGATTTTCCAAA
LG17	ref-72377_10	50.454			AACCATCGC[A/G]CGAATAATTTGCACATCAAAAT
LG17	ref-70515	51.642			TCCAAGAATACAATCTGTGATTCTTAAGTACAGTATTGACCGGTGCAGTGATTGACAGCCACACATCAACATTAGATTCATCCACGCTGAGGAGTCATGCCGATGCACAAC CCACGTAAGATAAATATTTCCGCAAATAACTGCAATTGTAGGTTTCAAACAGAGATGGCAACAAAGAGGCAATACTTACGGACTGCAGCTTTAAGGTTATGTGCTATTTTT AGATCAAGTTTGTGACTGTGTCTAGTTAGTGACATTGATTTCTCAACTCTTTGTACAGAACTTGTACAGGTTTTTGTCAATTTATCATTCAATTTTTCAAAACCAATTGACTTTC TGTCTTCCACACAACACCAAATGAGAAAAAATG
LG17	ref-12267	52.936	Chr14	38971237	TATTGGCTGGGAAAGCTTGCTACTGCATCCTCATTTGCAAAGTCAGTACAAACTCTGAGAACATCATCTGCTGAGGAGAACAGGACGGGGAAAACAAACCTAATGAAGGAG TCTTTTCCGCATGATTTTCCTTCAAATTTTACCCACTTTGCACTAGTTTCGCTCTGTTATCTTTTTCGGCATTACAGTCGGCTGCCACCCCTTAACACCGGCTTCCCGGTTT TCCATTAATATGGAAGTGAAGCATCTGCTATGGTCTCACTGAACAATTAAGAGCACATTCTCCTTATTAACAGAGCTCCAGAGGAGTGCCAGGAAGAGACCCTCTT GCTATCACACCGCCGTGTTCTCGCACTTAATAAA
LG17	ref-12951_24	54.942			TGTTCTTATACTGTAGGAATTGCCGCAATGTGACACATTCCTCCCATGTGGCACAGATCAGATATGTAAACATGTAAACAGGAAAAAGGCGCATGGATTCTGATATTCTC CGATCGGATTCATATGTGGAAATAAATCTGATATGAATCAGATACATGCATCTGCGCTGCGGTGTCAGCAGACAGATCGG[G/T]TATTCACATCAATGCGAGTTGTGTCAT TGAAAAAGTGACTTTTTTGAAACATTTGCGGTACAGATGTATCTAATAACAAATGAAACATCTTTAGTTGACTAGCAGAGTATTAATTTAGTTCATTTGTGTTAAATAAAA GGTGATCTGGTGCTGAAATGTGTGCTTTTGAAATCAT
LG17	ref-26412	55.419			CCGATTTCTTCGATAATAGTGCAAGAGGGAT
LG17	ref-8210_29	56.048	Chr14	2088835	GAGATTCAAGACATCAATGATCATGCACCCGTTTTTCTAAGAGAGAAATAATTTTAGAGATTAGCGAGTCCACGCTATAGGCACCATTTTCTGTAGATACCGCAGCT GATCCCGATGTTGGATTAAATTTCTCTTCAGAGCTACAGTCTGAAACCTACTGATCATTTTGATTAAAGCAGCACAGTCGCTCAGA[G/T]GGCAGCAAAATGCAGAGATGG TGTTGCAGTCAGTGTTAGACAGAGAGAAACAGAGCGAACATTCACTTATATTAACGATTAGATACCGCAACTGATCCCGATGTTGGGTTGAATTCTCTTCAGAGCTACAGT CTGAAACCTACTGATAATTTTGCTTTAAAGCAGCACAGT
LG17	ref-45574_30	57.94			ATGTATTTCCCGACTATCCTGCCGCACTC[C/G]AG
LG17	ref-64887	58.793			CTAAAGGGCACGAGCGGCTTGCAGTCCAATT
LG17	ref-63061_32	59.003	Chr14	14652539	ATTTACACTAAGTCTAAATAACATCTAAGTAACACTATGTACTATTTATTTTATTTGCTATTTTACACTGTGTATATAGCATCTAATGTTATTTGCAAACAGTAGAAATCGCCT CTACCTAATTAATAATAAAATTACACTGTGGCTCACTGTCTATGGCTTTTTCTTGATCACGTGTCTTAAGTTCATATGTAAATGTGGTTCTGTCCAAAGCGATGCATCTGCCATG ACGAG[A/T]GCATGCAAACAGTGCTGTGGACAGCAGATTAATAGCAAACTTTCTTTACACTCTGGCTGAAGATCAGGAAGCGTCGAGCACTTACAGGAAGAGATAACATTA AAACCACACAGAGATATAGAACCTCAGCAGCTATGAGGGTCATGATTCTGCTTCATAACTCCAGAATTATTTTGCTCAAAAGGACCAGGCTTCACAG
LG17	ref-65524	59.317	Chr15	36672409	ATGTCCAAATCCAAGGTTAGCTTCACTTCTGTCTCAAGAGATGCCTTGTTTTGATTGATTTTTGAAGGCAGCAGATGTATCCTTCGCTTCTTTGATATCCACAATCCTGT GCTTTCTAACAACGATGTTCTAAAAATGAAAAAGTTGTCTTTTTTTCGCATACAGACGTCAACGTCGTCAAAATGATCCCGTTCACGTGGATTACAGAAAAAGATGCTGT GTTATTTCATGCCAGGCCAGTAGTTGGCGATGTCACTGTGTAAAAAATTTGGAGACCAACCATGTAGTAAGTACATATGCGCATGACGTCACCGTTTCACAAATTCAAATTT TTGTAGTTTACATGTGGGCAATAATGCTTTCGTTTTAAAAACATGCACCTTGCAACCCGTTTTCAAAGGTTTGCAATTTTCAGGCCCCCAAAATGC
LG17	ref-54436_8	59.866			ACGTTACACACAGTTCAGTTATTTAAGGGAGTGACAACCTGCATTCTATAACCGAACTCACACCTGTAAGTTTTACAGGACTCACAACCTGTATTCTGTAACCCAACCTCACAGC CGTAAAGTTTCAGGATTACACAACCTGCATTACGCGGAAAAACACACGCTGTGTGAACGGAACCAGACTGGACAGCTAGTTGTCTGTACGTCATACA[G/T]TGCGAGTAGGCT GCCCAAACGCATGTCTACCATGTGTTGCGGGGTTTTGTGTGTGGTTTTGGTTTCATTAACCTTATAGCGACAGAGATTTGAGATGTGTGTCATCTGAAGGTTTTAGATCCAGT CACTGTTTTCCACTGGAGCTGCTCTAGTCAGTTTTGTGTTCTACACATGACTCAAATGCTCCGTTCTCTGCCAGATATAAAAAGCTGCTGTGCGTTAATG
LG17	ref-65553	60.219			TACCTTCACACGAAGAGCCTGCAAATTGTTA
LG17	ref-41671_2	60.253			TATTCAGTTGTTTTTCTCAACAAAGTGTCAGTAAAAGAAATGCTGTTGGCCTACCACAGTGAAGTCTCATGAAAACCTGTTGACAAACAAGTAAAAACAAATGTTTAGAAC TTTTAGAAGTTACAAGAGAATCATTTTACAAATATCAGTTAATAACTGCTGTAGTTTCG[C/T]CAGTAAGAGCAGTGAGATCGCAGACATTAATCAGTCAGACATTTAATAT TTTGTGTTACATAATAGATTTATGCGTTTATTTCTTCAAAAAGTGACAGGACATCAGTTTGTTTCATGTTTCGTGGCAGTGCCGGTTTGATCAGCAGAGTAAGATGTAAACA TTTGAAAGATGAATTTCTGTCCAAACTCACGATGGTTTG
LG17	ref-5729_23	60.662			GTCTGAGCTTTTGTTTATTAGTATGGTGTGTGTGTGCTATTACTAAATTTAGATCTTGAGGCAAAACAATTTGAGAACATTCCTTTCAGATATAGTAGATGTTTTCGGAAC CTATACAGGACTTTTTACAAGATCTTGTTTTCTTTCAACTCACCTTAAATAGGATTATTCATAGACTAATCAGGTTATTGCAGTGTGATGATGGTGCGACATCAGTGCT[A/T JGGAAAGAATTAGTCTCCATTTAATCTTCCTCAGTGTCTCAACATGATACTCATTCTGATTCAATTGACAAAACCGCAGTGTTACAATTCCTCTAGTAGGAATGATATGAAT

					CTGTTGTTGATTGTCTCATGCATCTCTTCTTATTGATTCATGTCACGCTAGAGATGAAGGGGCTATGGTATCCGCTACAAGATGATTGGAGAGACG
LG17	ref-59878	61.41	Chr14	16893397	GCCGGTCGAGATTACACAGGCCACGGAAGGCGTTCTCAGACAGGACGCGGATTGCGATTGCCATGCAGGAACAGGTGGGTGAGGTTGACCAGGTGCGGAGAAGAGCCCGTC GGGAAGGTGGCTCAGCTGGTTCTCCTGCAGGTAGAGGAATTGCAAGCTGTAGAGCTTGTGGAAGAGGTGCGGCGGCAGCTCGGTACAGTGGCAGCGGTGCATGTGAAGGC TCTGCAGACGTTCCAGCCCTCTGAACGCACCTCCGTCCAGCCTGCGCAGTGAGGGGTTATCACTCAGATCCAGTTCCTCTAGGACACGCAGATTGCTGAATGCACCTGCTTC GATCCATGTGATGTTATTGGAGTACAGCCACAAGACCT
LG17	ref-1508	61.525			ACCGAACCCACGAATTAATGCTACAGTACA
LG17	ref-37555	63.62			TAAATTTACATGTGAAATCACCAATGAAATACTTGTTTCTTATACTTAATAAAGCTTATTTTTTAGGCTTAATCCGCATGTGCAGTCCTATGCGCGCATTTGGCTCATTAT ATAGAAGGTGGGATTTATTCGCCATATTATGCGTTGCACCTTCTTCCATTACAGTAACATGAGTGCACCGTCTTCATGTATATAAAGTCTTTTGCTAATGCCTGCATTGGC AGAACCTCATAAATGACTGATTTTCGGACTCCATGCAACTCCATGAACCACACAAATAAAGTTAGCATGTTGCTAAGCGAACAGCATGATACTCTAATAAGCTCAAATAGA CACAGCACAAACAAATACTGAGTAAAAATAATAGA
LG17	ref-71406_8	63.742	Chr14	24661883	TGTTATGCTGGTGTAATGTCTTGACATGACAGCTCCCTCACATTATCACAGGGGAAACTGAAGTGGAAGAATCACCGCACCATAATTACCCTTAATAACCTTAATACAT AAATGTCCGAATGCAGCATGCTGTGATCGCTAAACCTTTTACCCGTTAAACACCTGCAATGCTG[A/C]GAGCATCACTATCGGTGAGTTGGGTAGTGGTAATCTCTGTAA ATTTTTTCATCACTATTTAATATTTGCTCAGATTTGGAGACGAGCAGCACGTAAGGCCAGGAGACAACACACTTAGCTTACAATTCATGTCAGAACATCGCACAGTAACA AACTCTGCTTGGTGCTAAAGCAATGGCTTAAAGATGAGG
LG17	ref-58470	64.21			GATTTTTTTGCGATTACCATGCCTCACCATT
LG17	ref-29397	65.647			ATCAAGCTTTCGACAGATCTGCCTCACCTCT
LG17	ref-46555_29	65.81			AAGTCAGTATCGATCTTGGTGCTCGCGC[C/T]GTA
LG17	ref-59367_17	67.41	Chr14	5509724	TTTTCAGGCATAGTGAATGGTGAAGTCTGCACTGACATAAAAGCTTCTTCTGCTATCTGAGACAAGGACTTTTTTCATCTTTTTGGTGACTTTAGCCAGTTAACTTTTGAAC AATGGCTTATTTACTAGTTTTACTAGTACTGATGCTGGTTTCAGTATCCGAGCCATTCCATCTGGAGCACCT[A/C]AGTCGTTTTGACTGGCAGAAGAGCCTTCGACCAGGTG AGGGATGCCCTAAAAAGTGCCACCTGAGAGGTGCCCAGATGTTAGGCAGCTGCAGGGCTGTCCAGCCGGGCTGGTTCGTGACCAGTGCGGGTGTTGCTGGGAATGTGGA AACGACGAGGGGCAACTGTGTGACCCAGAGCCCCGGT
LG17	ref-44637	68.112			AACAATGCCTCGACACGGCTGCAAGCTGCAT
LG17	ref-48157_29	68.261			GCCTTGCTTCTGGATTAAGATTTTAGTCTTTGACGCCCTAAAGAAAGAGAGAGAGAGATTAATAATTAAAGTTTGAAAGTGACTGTAATCCGTTGAAAGAGATTAGAGATTA AAGATTAAGTTTGAAAGTGACTGTAATCCGTTTTTAAACCTACAGTACTTAAACTCACTATTGGCAGCACAGAGTTTCGCATTCA[C/T]TGCTGTATGTTTTCCATCAGAC CCACACACGGGTGAATAGTTCATTGGGCATATGTTAGACGGGTAGGCTTGCACTTAAAGCTGATCACATAAAAAAAAAAAAAAAAAACAACAACATTGATTTATTTGCAAAAT TGAGGGAAGTAATTCTAAAGCCATTACACATTCAGATTA
LG17	ref-68986	68.998			ATCTACAGGCCGAGAATGATGCTGGTGCAAC
LG17	ref-40692	69.35			AATTCTGATAGATTAGAACTGTTATGTATTAGGCTTTCTGAGTAGCTTCAATATTAAGAATGTAAGTTTGATGCTTTCTGAGATGATGTTGTACTGCACAGCTGATCCATAA TTAACAACAGTGTTAAGCAGACAAAAGCAAAAGTCTTTCTGAAAAAGTACTATTGTAAACGTTAGCATAGATAGATATATAAATGATAGAGTGGCCTGGCAAACCTGTTGC TTTGTCAAACCAATGTATGCTGTTTGATTTTAATTGAAGGTTACGATATGTCTAAATGTGCTTCACTGTGAAGTGTTTGCTATAATACTTTGTATGAATCTTTTAGCCAAGGT TTATTTTTAATGCAGACCTTTTCTGTTAGAGATATTCAGATAATATTGTTTCATTGGAGTTGCAAGGCACAAGGCCTGGGGCCTGATGTATAAAT
LG17	ref-44530	71.973			ATACAGGTCGGATAACTGTTATAGGTGATATTGATTTGAAAAAGAAAGGCGGTTTGAAATAAGAGTTAAGGCCAAAGACCAAGGGGGTTTGACGAGCACTAGTAACTT ATAATTGATGTAAC TGACATAAATGATAATGCACCTGCGATAAACGTTGATGTCTCTCTCCAGCACTATAGCAGAAGATTCGCCCCCTAGTACTACTATTGCTATAATTCTATG TGAAAGACGCGGACTCAGGAAGAAATGGGCAGATTACGTGTTCTATTGACAAAAACCTACCGTTCAGTATCAAAATCATCGCTCTCAAACCTATTATAATTTAATCACAGATG CCTTCTTGACCGTGAAACTCAGTCAGAATATAATA
LG17	ref-51266	72.538			ATGATGCTTTTTGATGTTTTATAAGATGCCCCGAGAAAATGTGTGATATTAAGCCTCAAAATAACGTATGCAAAGGACAAAAAATAGTTTCTTTAAAAATACAGAGAATGAGA ATAAATTAATAAATTAATAACATTAAGGGAGGAAAAATCCTCTTATATTTTCACAACCTGAAAAACAAGCATTATGGTCGAGCAGGGCGCATGCACGACCTCTTCTCTAAA AATCTAAAAAGGAAATTTTGC GTGAAATGTACGTAAATCTCTCTTTGATTATTGATGTGGATTTCTC
LG17	ref-17983_5	74.015			CTGTACATGTTGCACTTAACTGTATTTTCTTTTGAAGTGATTTCAATCATATCTCAGCCAAATTTTAATATATTGGCCAAATTTTATTATCAGGCCGACTGATATGGTGGC CGATACATCATGCATCACTAATTTTAACTTTATATTCTTCAAAGAATCTACCAGGCGAATATTTTAAGTCACATGTTTGAGGAATCACTA[A/C]TG TAGCGAAACATTGCA

					AGGTGAGTTGTGTGCCGAAATTTAAACAAGATTGAACAAACCCCTAATCTCAAGTATTAATCTATGTCATGGAACCTCATCAAGCAATGTTTGTACTGCATGAGTGCTACCTGAAATCATCCTTTGTGTGAAATCCATAACCCTGTGTAGGATATGAATAGTGCCACTAAACACATCTCTAGGCCCTGTTTCCACCTGGTATTAAGATGCG
LG17	ref-23150_32	75.131			ATCCAACGTAGTGCAAGTTTCTTCGTTAACATAATAAGCCATACCATCCAAAACACACTGCTTTGATCTGCTGTGAAGTTTTACCAATTGCAAATGCACAAGCTGTGACTGTGTGTGTTTCTCTGTCCCCATAATAAAGCGCGCGTCTGTCCGACAGATCCACTGCGCCACGTGCACGTGAGCGCGCGCAAACACGGATCAGACTAGCGCGAGATATCTGCTCACTGCATC[C/T]GAGCGGGTGCCATTCACTGTCGTTAACTCAAACCTTATGGTATTTTGGATCAATTAATTTATAAGTTGTATCTGAATCTGTCTGTTTAAATGCGCATGCACATTTATTTTTTATGCTGTTGATGCAATATATATGCAGGAACTTAAACTCTTAAATGTTTTGGTCTAATAAGAAAAGGTCAAACAGATTAATCCAT
LG17	ref-1434	75.827			ACTTTGAATTCGATTTTTGTGCCGACGGCTT
LG17	ref-56300	79.638	Chr24	4849520	AGTATGATAACTATAACAATAAAGATATAGCTCTAAAAATAGTTCTAAAAATATAAAAGAATATCAGAGTCTACACCACAACCTATAACGATAATAACGACACAGAGAAACGATACCGCTGTTTTTTTTTCCATCTTATGAATTATAAAAACATTGACAGCCAATCAGAATCCATCCTGCTTTAAAGAGCTCGACCATTAAAGCAACAGACAACAAAACCTGCAGCGCTCTGGAAGCTAATATGGTTATTGTTATCTTTATAGTTATCATTCCTAGTGTGAACGGGCCATAACAATAAATATATAAATTTCAAAAATCAGATCAGTATAGTTGGAA TTACTTTTAAGGCCAGTTCACACCAAGAATGATAACTATAAAGATAACTATATTAGCATCCACACCAGCGGATGGAATCATTCTGTTTATTATGCTG
LG17	ref-25275	80.587	Chr14	15451003	CCTGACCCGTGTTCGCGTGTGCATTGGAATCCTACACTGGGAATCACACCGCATAGAATCAGTGTTCCTCAATTGTTCCGGCACAGGCGTCTGAATGAGCTTATTTAGTGCCGTCAGACAGCAGGCGGGGTGGTCAGAGGAGCATGGGCTCTGCCGAAGCCCTTCAGAGACCACAATAGGAGCAGCTGCAAGGCGTTTGGGAAAAGTGTGACGACTATAGTGCACCTCAGCGTTCGGCCAAGCACACGGTATACTGTGCCTCAGCCTTTGTGTGCTGAAGATGGTGTTCACAAGCCTCAATCATGGTGGCTGTAAATAGCACAACTGGCAGCGATACGAGCCTTGAACAAGAGGCAGTTCAGATTGTAATGATCCAGTGAATCTGGGAAGTTGACAAATAACATGGACATTAACCTTTTTTAAATGAAA
LG17	ref-45096_4	81.228			GAA[C/T]TTGCATCGATGATTGTGCCAATATAATC
LG17	ref-45096_3	81.453			ACCTTCAACCTGTTGAACCCAGTGAAGTCCACTATATGGAGAAAAATCCTGGAATGTTTTCATCAAAAACCTTCATTTCTTTTTTACTGAAGAAAGAAAGACATGAACATCTTGGATGGGGTGAGTAAATTATCAGGAAATTTTGGTTTTTAGCCTATGCAAGCCTACATTTTTTAAGCACTGCAAAATCAAACCTACTGA[A/T]CTTGATCGATGATTGTGCCAATATAATCTAATTTATTTCTACATTAAGTTTATATTTTTAACTACACCTATTCTTAATATTTTTACTATCATTACCGAAATCAGCAACCTCATTCTGTAACTTATGTATCATTACCGCAACAGGTGATTATTTAATGTTTTATTTAAAAAATGGA AAAATAGTAGTTTGCTTTTAAATGCATGTGCAGAATCTATACAATATGTT
LG17	ref-34698	84.354			CAGGCAAAAAGTGATTTTTTTAGCCCAGTGCAGCAGAAACAAAGGGAAGTGGTAACTAAGGTTAGGAACTGAGAACCAGTTCCTACCCAGAACGAAGTGCATATCCTTTAATAGAGATGTCTCACCTCAAGAACATTACAACAATGAATGCACTGAAAAGCCCTCGTGCTACTCATACGTCAATGCAGAGAGAGCGAGAGAGCGAGAGAGAGAGAGGGTTGCACAAAACGTGACGATTAATCTTTAAAAAGATTGCGTTCCTGATTTTCATCACACATATGATCCAATTCCTAAATGACAACGATTGCGCTGTGTAGGCTATATTACATCTTTGACAAAAATAAAATTGCGACATTCAAATCTGCTTCACATACAAATATCCAGTTATCACAGATGTATACAAAAGTGATTATTTCAGATAAACGCTGATG
LG17	ref-57927	85.291			AGGACATTAATGATTGATGGGCGAGGCCATAAACAGAGGGGCGTTTTTGAGAGCGTTACCTGATTTGCCACATCAGAGTGTGGGAAGGGTTTAAAGGTGGGGTTCGGGTGAAGGGGATCATTTTCATTGCATGGTATATAAACACCCACCAGTTGAAAACACCCACAAATACAGAAAACGCCCACTTTTGTTCTCAGAGACCTCATATTCGAAATCCCTGCCCTGCAACCAATTTTCATTGGCTGAGGTTACAGTGACGGTAGGTTTAGGGATCAGGGTGGGTGTAGGCAATCATTACTGTGATTGACATGGCCAATGAAATGTTTAGAATCGGCTCCAGGGCGGGATTTCGCTGAACTAAAACAGACCAGAACGCATGCAAGCTACAGCGACGATGGAGGCCTACATAGATGAGAGACTGTGTGAAG
LG17	ref-64134_26	85.36	Chr14	16145066	GATCCAGGACCCAGACGCCGTCAAACCCGAGGACTGGTGAGACACAGAGAGAGTGTGTGTTGTACTGTGGATTGAAGTCATCACTTGTTGTCCACTTCCTCATTGTTGGTGTGTTTGTGATTACGGGATGAAGATGCTCCCGCTAAGATCGTGATGAAGACTCTGTGAAACCTGACGGCTGGTTGGATGATGAGCCGGAGTACATCAGCGACCCCGATGCCCT[C/G]AAGCCAGAGGACTGGTAATGCATTCTCCATTACATTACAAGAAAACCTGTTCCTTAATATTAACCTCTTTCCGCCAACGTTTTTGAAAAAAGTTGCCGCCAGGATTTTTGATAGTTTCACTGAATTTTCATTTGTGCTATGAATATCTGAACATGCAATAATTTAAAAATAAGAACAGAGCCTCTACTGTAAACAAAAAAA
LG17	ref-52436	86.459			ATATTCATTCAATCATCTGAGTGTTTTATAATGGATCTGACTGACTCTGCTCTTCCAGATGTTTCATACTTACATTAACACAAAACCTAATGAATGATCGTTTTTCTTTTGAGAGTCAAAGAGCATGTGGATTGTGATGTTGACATATAAAAATGTTAGATGATTAGAGAAAGGCTGTTCTGGGTGGTTGCCAGAGTGTGCTAAGGTGTTCTAAGTGGTTGCTAGGGCGTTGCTGAAGTGGTTGCTAAAATAACAGTGTAATCGTTCTCTGTAGCAAACTAGTGTGGGATGAATTATGCATTAAATTTCAATACTTAACTCTTTTCATTTTCTCCAACTTTTCATGACCTCCAGAATATTATGTTGAATGAATATCTGAACATGCAGTAGTATATCAAAAGAAAGAAGAAAAGAGCCTCTGCTTAAACCA
LG17	ref-26139	88.07			TCACTGATTGTTTTACATCTTAACGGAAGTTACTTTTACTTTTCTCAAGTAACTAATAAAGTAAATTACTTTTCAAATTTACAACAAAATATCTGAGTTACTTTTTCAAATAAGTTGTTTTCCCATTTATTGACTGACAGCTCTCCTGTCACCATGTTGAGAGAAATCGAAAGTGCCTGCAGAGCGCTCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGAACA TTGTAGTTCTATACTAAATGTGAGCTTGCAATCACTCATCTCACTTGACAAAAACAGATTCATTATTTCTCAAAATTAATAAAAAACACTGAAATGCAAACCTCGTAAATGTATGCAAACCTGCAATAATTATATAAAACAAATG

LG17	ref-59181	88.698			ACATTGTGTTTGTGGCTCATGGCAGAATTGTCGACCAATTTATGCCAGCAGGTGGTCTGGTGCCACACCTACCATCAGAGACACCATTCTTTACTCTCCGTGGAACCTGCGC TATTGATTCTCACGCTGCATTTGGAATTGCTCAGGGGTTCAATTCAAGTGACAAAACAGAGAGTTTGCAATATGAATGACAATATGCCTTTACTGTGAGCCGAACCCCTTGCCA CGTCACTGGAATAGCATGCGAGGATCTCGCCACAACATCCCAGTGATCCTTCTATCCCCTGTAACCCCTGAGGAAGAAGCATGGGCCTTTTTTCACCAGTTTGGATGAAT AGAAGCATGGAATAAGAAGACCGTATTATTATCCCATATCTTGTCCCAAAAATATGGTAAACGCATTTAGAGAGATCCCCCTGTACATGTACATA
LG17	ref-59057	89.997			GTTATAGTGCAGTTTACAGAGATCACGTGCTCTTCTATAGCTGGACGTCAGTGTGTGTCTGATGCTCATGTTGTGTGTGTTGTGTTTACAGGCTGCTGGTGAGATGAATT CAGACACACACATTGTTACAGGTAAAACCTCAAGAACAACAATTGTGGCAGCAGCAAACCTTCCTTTATATACTAACTATAAAGATGTGGATGTTTGAACATGGTTGCTG TGGTGGTTTGACCTTTCTGCAAAATTACTTTATTGTCTGGCAGGTGAAATTGTTTAGTGCACTAGATTATAAATGATCGTAAAGGTGCAATATGTAAGAATTTTGCAGTAAA ATATACAAAAGCCACTAGGCCAGTGTTATATATTTTGTTCAGTTGAGTACTTACAACATCCCAAATGTTTGCAACTATTGTAAATCGTGAGAAA
LG18	ref-63025	0			TAGAGAGTCCCCGAGAAATGTGCCAGTCACAG
LG18	ref-22373	0.466			TTGGGGAACTCGATAGTTTTGCAAGCGAACA
LG18	ref-10209	0.606			ACACTGCACACGTGTGAAAACCTGATGACCGGAAAAGATGGCAAGCGACACGGGACTTATTCTTGTTAGAAAATAAAATTTAAAAAACATAACGCATGCATCGATAACGCAG AGCCTCTTAGGGCTTCTGTAGGGTAATGGTGCCGTACATCTGATTTGGCATAACGGTTCAGTTGTTTCATGCAGATTTGCCGTGTTGTGCATAAGAGAGCTACTTGATTGAA AGTCGTGTGTGAGCCGTGATTACATACACTACATCTATTTTTAGAAAAGAAAAACCACAACATTTCTACTAACAAGACCACATATTTACAAGGGTTAGCCACTACTGTGA TACGGTGAGAATCGTAATGCAGATCTATCAGAGGAG
LG18	ref-24268	3.989			GTTTCTACCGCGACCACGTTGCACTATCTTG
LG18	ref-25024	5.753			GGGACATTTAATGAAAATGCAATTTAATTTAAATAACATTTAAATGATCATTTTGCTACAGTTTTTGCTTAAACATATCTAGCCATTTCTGTAAAACACTGTCATTTTTTCA CTGCGCATCTTTTGACTTTTGACATTCCCCTGACACATTAGAATGAATAACGAACATAGATGAAGTGCAGTGTGTCGTAAGTGATCATTGTCAAGGTGAATTATTGACAGT GAATCGTAAGTGATCGTTGTCAAGGTGAATTATTGACAGTGAATGTCATCACTGAGGTGTTAATGCACACATGCATATAGGGTATGTTAGCTACATGTACGCTCTGTTATTT TATTTTATCTAATAAAAAAACTATGGGCTCTGT
LG18	ref-57319	6.662			ATGTGGGCCAGATCTGGGCCAACACTATGTTGCTGTCTGGGAAACCAGGACCCCTGTATGCTTTGAACTATATGTCCATATGTGGAGATTTTCTAAGTTTATCTATGTCTCA ACCAATCAGAATGATTCAACCTGAAGTAATGACGTAGTTTAGTGACCTGTGTTTGAGTATAACTGCTGTTGTATTGAGTGTGTATGGAGGGTGGCCACAAAACCTTCTGTCTG AGTGTGGAACCTGACTTCTGCTGATGAAACTGCAACTATTGCATCTCTGACTCCTGGTCTTCATTCATCATATCTTGTCTCAGGTGCTAACTGTAAATTCCCCTACAAAAC AACTAAATGACATGGGCGAGAAAGCAGCAGTTTGAAAGCATCTGATCATAGCGATATGGATATGCTTGACAAAGCTCTGCAGTTCAGCAATTA
LG18	ref-1826	7.791			ATTCTGTTTTTTTCTTCTTGATTGAGGTTTCTGTTATTTTCATAAGTTAACTCTCATTTCACTCTGCAGATGAAAGTGCAATTCGTATAAATTTGGTATACCGGCCATTTAAAG TGGTTAACGTTTGGCCGTGTTAACCACAGACTAATATATATATATACACACACACACACACGCGCACACACCTCGTTAGCAACTGCTATGAGCCGCTATGCGTAAGCTG TCTGCCATATTGGAACAGTCAAAGCCGGTCCATGAACACTCAAGAGGCTCAAGTTGACTGTGCTTCTGCAACCGTAGTTATACGCCTATGTATCTATATCTGCAATAGACTT CGGCTGATGATTTTCATAAGATTGGTTGATC
LG18	ref-15983	8.356			GTGACACAAACGAGCCTAATGCTTCAAATCA
LG18	ref-67276	8.735	Chr21	45546825	CTGTGTCGTCCTTTTCAGCTGAAATCCTGGAGCTGGCAGGAAATGCAGCCAGAGACAACAAGAAGGGCCGTGTGACGCCCAGACACATCTTACTGGCCATCGCCAATGACG AAGAGCTTCATCAGGTACATTCACAGACGCCAGCCTTCTCACGTGCTTCTGGTCGCCGGTGGAACCTCGAGTGGTGAGATCAGACATGCCTTACATGACCACGACAAACATT CAAAAAACACTCCAGACACTGACTTCAGTTGCTATATCTTTACAAACTGATCCGACCGTTTTTTCTATGCTAACATGCTAAATAATGCTAACAACATGCTAATCATGCTAACA AAATGCTAAATCATGTTAGCAACTAGAGTTGGGCCGATAGATAATGCCATTTCCATCGCCGATGGCTGACAGACATCATGATGTTGAGCAGGCAACAT
LG18	ref-41909_1	10.091			TTGTGCACTTAATGTAATAAACATCATACAGTAGTGAAAATTAGTCAAGATAATAACTATAAGACACTATAATTTTTGATCAGGCATTACCGCCTGGATCCTAAAGGAGAC CCAATTCCTGATTACCTCAGATCTTGAAAAATAAATGAAGGGAATGTATTTTTAATAATGGTAAAAAGTTGAAATATATATTAATTCG[A/T]TTTTATTGCGAGTGCAGT GCACTTGACAGAGAGACTTCGCCCATGCACTCTTCTGATTGGCTGTGATTTTTGATTGATTTTGGCGCGTCTCGTAGTCATGTTGCATGTGGTGTGGACAGACAAACTCCTTG TCACTGGAATCTTATCGCATCACGTCTGGTTAGGACTCAAAAAAGTATCTTAAATGTGTCAATTAAGTACTGCTGCTTATATTAATTCATATTCATTCA
LG18	ref-48044	11.497			ATCCTCTATTTCGAGCTACATGCCAGCCCAT
LG18	ref-24138	11.602			GACAGCAAAGCGAAAACAGGTGCACAACAATA
LG18	ref-45220	12.782			TGTCTGTCTGTGTACACTGAATTAATCAGTTTAACACAGTTCAGTACAGTGATAGTCATGAACACTTAAAAACAGAGTGTTCAGAGGAAAATATCAGTGTTTTGTGTTT CAGTCTCATCTGAATCATCGACTGACAGTGAAGAAGAACATTTGCCGGTTAGAAGAGAAAAACTGCTGCTTTCGAAGAGAAAAACACAATGTTAGAAATTAATA

LG18	ref-40995_6	13.002			GGTTGTTTTTCATGTCCGCGGGTTGAAGCGACCTTCAATAACATGATATTTAGCCCCTGGAATATGAAATTTACCAGGGGAACACCGCCAAAAAAAATGCAATTTCCCCCGGAACGTGATTTTTACCGGGGTACCCCCAAAATGTGATTAGGGTAGTTTTGGGCTAGTTTT[G/T]CGTAGCAATTTTGTCTGTAACACCTGGCAACCGTTTTCGCACTCTCTCTCTCTTTACGTGCATGAGAAACACAGTGCTCTCAGCAAAGCGATGGCGAGTCATGTGCCTTCACACTAGAGTTTGCGGTATGTCAAATACAGGTATGCTGCGCATTCTTGAGCTGAACTGAAATAGTACAGATCGCTTGACAG
LG18	ref-59922_24	15.073	Chr9	49795373	GCCCCTCCAGTTTCGAACTGCCTGCTCTAAGCGAGACTTGAACCCGGGCACAGCTCTTACCGCCTACGTCCGTTACACTACCCCCCTAAACTTCAAACCTATCCTGGTCACGGCACCAAATGTAGTCCCTTCAGTTCGAACCAACCCGCTCTAAGCGAGACTTGAACCTGTTCTGTCTGCATGGGAGTCGG[A/G]CGCTTTAAACAAGGAGGCTAAAGACCGCAGTCTCTAGAGCACATCTTGAGATTAGGGTAGTGAGGTTTACACGCACAGCTCTTACCAGCCTACGTCCGTTACACTACCCCCCTAAACTTCACTTCCATCCAGGTACACGCACCAATGTAGCCCCCTCCAGTTTGAACCGACCACTCTA
LG18	ref-59922_30	15.073			TTAAAGCGCCCGACTCCCATGCAGACAGG[A/C]AC
LG18	ref-50805	15.319	Chr20	32695475	ATATACTATTATAAAAAATATAAATACTCAATGGTACTAAAATAACACTGGTTTTGACTAATATAATTCATTATTAAGTGTGAAAACAAACATTTTCTTAATTTTTAATGATTAAGGGGCCATTACATATCGCGTCTTTTTCAAATCTAGGCGCGCGGCAAGTGCGATCATAATTGAAGCAATGCGGTCTGTGACACGCATGCGGTGCGGCACGCTCGGTTTTTCCAGGCGCGCCTATACCGCGCGGAGATGAAAACATCTCAACTTTTCAGAAATGCCGCAAGCGCACCGCAGGTCTGTGACAAGAACCAACCAATCAGCTTCGGCCTTTCCACACGTTTTTTAGACGCGACATGTGAACGGCCCCCTAA
LG18	ref-61259_17	17.039	Chr9	22771514	CAATGTGGGTACAGTGTAATATTATATAGGTATAAATCTGTTTTAATTGATTATTAATTTGTTAATTATACAAAGTTTCCATGAGTTCAAGGTAATCTTTTTATCTTACTACTGGAGCTGCCAGTTTTCGACGTTTCATATGATTATTAACAGCAGCACAAACTATGCAAAAGCAGCAACC[A/G]TTTCGGCGCACCCAGTGTCTGAATTCACTTATTCATTTTCATTCACTCCCTCAAGTGGACTGTATTAGTGGACTAATGTAGGGAATAGTGAATGAGGGTATAGAGGGCGATTTTCATCACAAACCACACTCTCGCACTACCAGTATAC TGATCACACTCACCTACAGCTTGTTATCCGCTTTTT
LG18	ref-60675_1	18.661			TATACAAGCCGAATTTAAATTCCTCCGTTATCTTGACACCTCAATGTGGAGATATAGAAGGAATAAAAGGCTCACAAACTTAAATGCGGGACAGTGGAGGAGGCAGATATTAACACCTGCCTCAACTCTCTCTGCATCTAATTCCTCAGAATTAGATACGTACATTAATCAGTCAGGTGAGAAGTGGCCACAGAGTGGGT[C/G]CCTGAACCGACATGAATGCAACATAGCAAGAGAAACCCAAAAGGAAAAAGTCCCATCAGCCTCTTCCCTATGCTCCGCTACAATTCCACCTGCGACCTTTCGACTGAAGCCCAAAAGGAAAAAGTCCCATCAGGCTCTTCCCTATGCTCCACCTACAATTCCACCTGCCACCTTTGCGACCAAGGACCTGAACCACGAGGTCAAACCTCTAATCGCTCAAGAAAG
LG18	ref-15488	20.301			TTCTGCCTTCGAAGATGATGCAGCTCACAA
LG18	ref-41896_1	20.813	Chr21	36203065	TCCCATCTACAGGGCGATGGGTTGTGGTTAGCTGAACCTCCAATGAAAAACAGACCTGGTGGCAAATCAAACATCCTCCACAGAATTAAACATATTACGACAGGAATAACAATCCGCTCCGATGACCAGGGATAACGGTCTGGGCTCGGCACGCTGATTGAAAGCAA[A/G]GATATCGCTGCATTGGCATCGTGAACCTTCTTTTTTTTCAGAGGAAGAGGATTTGACGGAGTGCAGGAAGGACAGAGGGAATGGAGTGGTTGGGGGTGTGAGTTGTAAGACCAAACCTCTGCATGCTTCCTTATGAATGACAAGGGCCCCATGTGTAAC TATCAGTAAATAAAAAGTGGCTGTAAAATTAATAAGACA
LG18	ref-13921_10	21.958			GCTAGGCGACTAAATAATGTCTATCATTAGTCATTGGCTAATAAATTGTTAGATTTCACTGGCCAGTCTTTGAGTTAGATGCTAAGTACAGTATAAGTTTAGCATAGATATT TCACTCGCCTTGCTTTGAGTTTCGATCTCCGTCAAGCACACTATTTCAATTCATCTCAATTGATGT[C/T]CAGTGTATTGACGTACCGTAAACTCTAGTGTGAAGATGCAC GACTCGCTTAGAGAGCGCTTCACAGAGTCTTACACACTACATAGAATTGACGAACTACATGTAATGATATTCTCTGTTGTATTTTCATGTCAAAAAAACTGAGTTCATTGGAATTATTACAGAGTTTAAGAACAAGCAGAAGCCACT
LG18	ref-48806_31	30.549			TTCGATATGTATCGATACTGAAATTATCCAGTACTAATTTCCATAGTATTGATACTGACAGCTGCGGAATCTTACTCTCTCTTCTATTTGACGGCGAATTGACAGTTTGACACACACACCCGCTCTCTCACTCACTCGTCTCATTTGCGCCGGCTGAATAGTGTGTTACAGGGCACAAATTTCCGGCATGTGG[A/T]TGTGGGTATTGCACATAATTTTCTCATTCTGCAGGTTCGCACTAATCTACTGTATATAAGTGGCATACACACAGAGCCGCTCTCAAACAGCTCGTGAGTACCAAATTAGTTATTTCCATGGCTTATTGCAATATGTAAGATTTTGCAGTAGTCTTTTCCATGG
LG18	ref-48806_32	30.736			AACCACATGCCGAAATTTGTGCCCTGTAACA[A/G]
LG18	ref-8005_31	32.527			TGGTCCATCATGCAAATGTGCCAGATTTAGCCATACAGGCTAGTTTCCATCTGTAGTCCCTGGCAGGTTAATGGTAAGAAAGTACATTAACACTTAAAGGGATAGTTCACC CAAAAATGGATATTCCCTCATATTTACTTACCCTCATTTCCAAGTAATTATATTGTCTGTGAGTCCATATAATGCCACTGAATGGCTGCCGCTCTGCAACGAAGTTCATGCTGCATAAC[A/G]AAACTAGATCCTAAATGTTGGCTGGTCTCTTTTATCTCTCCGTGGGACTCGAGCCCTCGATAGAGGTCTGATCACCAGGAGCACCAGTCTACCACCAC TAATTAGCTATAATTACAAATATATTTAATATACTAAATAATTAGTACTGTTATTGGATTATAGAAGTGTGAATATAGAAACATTATTATGGGGATCC

LG18	ref-62839	33.602			GATATATTAGGTGATATTTGTAAATTGTCTTTCTAAATGTTTCGTTAGCATGTTGCTAATGTGCTGTAAATGTGGTTAAAGTTACCACATTTATGTTTCATCATGTTTCAAA TAACATCATTATTTTATTTTCAACCCGAAAAATGCTTGAGTCTGTATAATTCATAAACGAATCTGCATTCTTATCGAGTCTGTGTGTAAGTGTGTGAGCTTTAACCATGT TAGCTGTGCTGCAGCACTATCAAACCTCATTGAGATCAAATGTTAGCAAACATCCACAAAATACATGTCATACTTATGTGATCTGATATGCTGCATCACAAACAGTTTGTA AAGATCCATTTTGAGAGTTATATTGTGAACTT
LG18	ref-35932_23	34.548			TTAGAGCGCCCGAGACCCATGC[C/T]GGTGGACTG
LG18	ref-58881	34.977			AGCGCACAGTCGAATGCACTGCCTTGCAAAG
LG18	ref-72818_24	41.197	Chr6	25222012	CCTAAAACTGATCTGGCAAATCGCCCTGATGGTGGCGGTACAGCGCTTTTGAATTTTTAAAAAACTACTTTTGCGAACTAGTCCTAGGTTTTTCACCCAATCAGAATCAA ACAAGTGCAGAAAAGATTATCTGTGTCTGATTGTCAATATCAAAAAAAGTCTAAATTTCTATTTCATGGCAAAACATTGCA[A/G]GTGGGCGCTGGGCACTTACTAAAATGGCT ATCACTCTTGATATGGAATGAGATCATTTACCAAACCTCGGTACACCTATGTACAGGCTCAGTCTGTGGTCTCCTGAAAAAGGACGCAGCAACTGGCCACTTGGTGGCGCTA TAAATTAAAAAAACCCTATGAAAACAGCTATAGCTAT
LG18	ref-60373_17	42.821	Chr21	35484318	CAATACGTCTCCAAATCAAGAAAGCAGCTTAATATTTTATTTTGTAAAGTGGATGCAGGAAGCAGACAGAAGTTTGATGAGATTGTTGAAGGTTAACAGTCTACACCGAAA CTAGACTCTTGGATATCTCCCAGACGATGTCTAGCCATTTAAGGCTATGACACTCCCCATTCTTAAGCGAAAGACACTTAAGCTCAGGCTTTGAATAACCGACAT[A/G]CTT GCCAAGTGACACTACAGAAGACACTGTGCAGATTGCAGTGTGAAAAACCATTAGGCAACATACACCTTTGGAGCTCATACTGATGACGCAAACTGCTGTAAGTCTTAGAA GATGGCTACTTATCAGGCTTTTGAACCAGAATAGAAAAGTGCCCTGAAACAAGAGACAAAACCTTCAGCTTCCAGTAATCTCTACATTGAGCAATGATAAA
LG18	ref-41997_2	44.133	Chr21	35312617	CTCTGACCGCACATGTCCAGTGGGGGCGAGTGTGTTTCAAGATTGATTTTAGTCCCGTCTCTACTATACATCCAATTTACATTACATTCTTCTCTCTCATCAGGGCTGG TGGAGTTGGATGAGGGCAGGAAGATAGTGTGTTGCTCCGGGCCAGTCTATTCCCCTGACGATTGTCAAATCAGATGGAGGCTATACTTA[C/T]GATACCTCCGATCTGGCTGC CATCAAAAATCGTCTGTGTTGACGAGAAAGCTGACATCATCTACGTGACGGACAGTGGCCAGGTGCGTGGGTGTAGGTCTGGATATATGGGTTTGTAAATGGAGAGTGT GGGGAAGTCTTGAACGGCACAAACCTTCCACAGTTATCTGATGCGTATGAGGACACAATGCAGCAGGGGTCAAGGCCACTGGGCGAGACACAAAAACA
LG18	ref-38816_3	45.839			TA[A/G]CCCTAAACGAACAAACTGCTCTACAGAGC
LG18	ref-66653	46.074			AGTCAGTTCTCGAGGGAGCTGCCTGTGCTGA
LG18	ref-3009_30	47.861			GATTCAGTAACGAAACTGTTGCCCGAAGA[C/T]GC
LG18	ref-2296	48.769			TCAACCCTGTTGTGTTTTGATCTTTAAAAAAAGGTCAAGAAAATAGATTGATATATTGAGATATGAAACGCCAAACTACAAAGAAATCTTGGTGAGCATGATACATATTGT TTTTATTGTATCTCTATGGCTGTGATAAAAAATTTAAATTGCATACCTTGATCAAAAATGTCTTGATGCAGGTCCATCATGATAACACATATTTAAAAATTAATTATGACA AATGTACAGTACCATTAAATTAGTGTGAAAAATATGTAATGAAAAGTAGATGTATAAATAAAGATAAGTATATACTTTCCTCGATTAAATCTGGTCAGTGTGTGCTTTAAT TTTTCTTTTCAAGCATTGTAAGGCTAAACTATAT
LG18	ref-10458	49.716			GAATGACACTCGAAACCTGTGCAAGGGGTTA
LG18	ref-17470	50.794			TGTAGAAACTCGAATGTGATGCGTAACACCA
LG18	ref-41178_10	51.874			AAACCTGAGTCGTTCAATAAGGTAGCTCAATTTATGCTAGCTAATCAAGTTCAAGTTTGATGTGTACATTTTCTTGATTCTGTAATTCGCTTTAGCATTCTGACATTTTTT TAAACTTACGCATAGGTCGAAAACCACAAGTGCAGTGGCCAGTGGAACATCTGTCGAAAGAATTCAGAATCCTCAGGTAACAGAACAAGGTATG[C/T]CGAGGCCCT GCCAGAATTACAGACTCTCTCCAGAAGACCTGTCTCGGAGCACTCTTCAATAAATACCACACCATGTCAAGAGACTCAGTTGTTGTCTGTTGACACGCTAACTCCACCT CCAGAAACAATCGCATCACCATGTGCTGAAATGTGCCATAGGGAGCAGCTTCAAAGACAAAATGCTTTAGCCATTGGTGAGTACCTTTTGAAGGTTTAC
LG18	ref-40313	52.292			AGGATTTCCATGATTAATGGATGGCTCTATTGTTTAGCCCGGTGATCCATATTTCAGTTGCATCTGAGATGTGACTTCAGATCGATGTTAAATTGTAATATGAGGGTTGAG GAATTTGGGCTGCGATCCAATGCGTTTTTGAGCCAAAAGTGTCAATTTGCACTGCAAGACATTCTGTGTCAGGAGACTGCACCTTGTAACCAGCGAATGCGAGCACGCCGCA GACAAAGGGGTGACCTGATGCAAAGCGACCTTACGGTTCAAACCACAATATGCGGGAATCCTCTGCATCAGCTGAGTGTTAAAGCATTGCGAGAAGCCCTCAAAAATA AAGGAATACTTAGATCAATATTTTCAGTGCATGCATATTTCTCTACTGTATAAGGGGAGAGGAAAAATACATAGTGAAATATAATTTCCCTTAATATT
LG18	ref-49193	53.11	Chr20	25419272	GAGCGCTGGGAGAGAACCGCACCTACCCCCACCTCTGAAGCATCGACCTCCACCACAACTGACGTGTAGGATCAGGGGCAATGAGAATGGGAGCTGAAACAAAGCGGC TCTTGAGGTTGGTAAATGCAGCTTCAGCTGCACTAGACCACCTGAACGTACCTTGGTGGAGGTCAAGGCGGTGAGAGGAGCGGCTAGTTGGCTGTAGTTGCGAATAAAA CGCCGGTAGAAATTGGCAAACCCAGAAACCTCAGCAGGGCCTTGCGGGAATCTGGGGTTGGCCAATCCACCACAGCTCTAACCTTATCGGGATCCATGCGTGTTCCTCG GACGAAATGATGTACCCAAAAACGGAACCGACTGTGCATGGAATGTGCATTTCTCCGCTTGACAAAAAGCCATTCTCGAGCAGCCTTTGGAGCACCCG
LG18	ref-32438	53.6			TGTTCTCTGTGCGACAGTAGTGCTGTTCAATT

LG18	ref-29620_28	54.042			GCAAGGAATGGTAATTCTCACCTGCTTAAGAACAATCACACTCTAACCCCTCTTCACACGCAAAAGTGATAGGAATGCTGTACACCCTGTTCTGAAAGGAGGATGAACAG ACTTTTATGTTGTTGTTGTTAATCACTAGATCACCATTCTTTAACTGCCTGTTTCAGAGGTAATGATAAACTTTGACAGTTTGGCTTAAGGAAATGGCTTGCGATTTTGATGCT AATT[A/G]GCTGCTGCCAGGTAACGCTCACACATATGCATAGTTTACTGGCATATACATGTACTGGCACAATGGTTGTGCTGAGTTGGTAATTTCAATTGTTGAGCAGAAAGTA ATCATAAGATACTGTAATCCCTCCTCTAGACCCCAAACTTGTGCAGATGTGGAGCTGGACAGCACAGAATGGGAGATCAAGACCATCACCAGTGCAATA
LG18	ref-22975	54.437			CTGTTTCTTTAACAGTTTTTCTCATCCAACAGGACTTGTGTTCCAGCATACCTCTCTCTGCCAGCTGACCCAGACTCCTCAGCAGGGTCGGGATGGACTGACTCAAACCCCTG GCAGTGATGCTTCAAGAGCGTGCACACAAAGTCAACGTAGATGGAGGTGGTGGTTTCCAGTCCACTTGTTATATCTGCACCGGTTTTGAGTCGTTCTTTGATAGTTGTGCAG ATGATCCAGCAGACGACAGGGATGGAACAGGCGGTGATGAGGGTTTCAATCGTCTTCACAAGTGTGTAAGCCTTCCTGAAAAGTTCCTCATTTTGAAAAAACTTCTGGAAG TACTCCTCTACCCCTTTTCTGAAAAATCCATAATCTCAGAGAAACGCTGAGGTCCTTTGAGCAGTTTACTCAGTGTGTCTGTAGCTGTAGATCTA
LG18	ref-63533_10	54.552	Chr21	33547998	ATGCTGCAGTTAAAATCACAGGTTTAAATGCTAATTAGGAAGGTTTGGAGGCCGAGGAGGACTTGATTTTAAACCCGACAAGATTGCAAACAGGTTGGCTCGAATCATTAT TATTTGCCATTATGCTTAATGAAGAGGGCCTTCATTGACAGAGGAAACATTACCCCGCTGTAGCTC[C/G]GCATAACAATCGGCACAAAAAAGAACCCGTGCACCAGGA AAAAAGTTTCCCCATTGTCTGTATTAATTTAAGTCTCGTTAACGACTGTCGGAATCACACGTTCCGCCGAGGAAGTAGGTGATGAAATACGCCGCTCTGCCGACAAACAA ACAAGGAGAAAGGGGGAGAGAAGAAAGGGATGAAAGCGAA
LG18	ref-8854	54.633	Chr21	14228237	GGTGATATGACTTTCTTCTTTCAGTCAAACACAATCGGAGTTATATTTAAAACCATCCTGGCTCTTCCAAGCTTTATAATGGTAGTGAAAGCCAAAAAGTGAAACAATGG GTTTTGTAAAGAAAAATATCCATATTTAAAACTTTATAATCACTGGCTTCCGGTAGCGGCCGTACGCATTGAGTTCGGCGGAAGAGTGACCTCTGACCCGACCATTGACGC AGGATGTAGGATGTAGGAGTAGCGTAAGCGTAGACGCTTCTTGCGGTTCAAACAAATAGGGCTGGGCAGCAAACCTCCAGCTCCTCTCTCTATATTGAAATCCTCTGACA TTCTCTTTAAAAAATTCTCATTTTAGACTTCTAATTATGACTGGTGTTTTGTTTTGCTCTATCCTCTGTGCTTCCGTGTTTCATCAATATGTATGC
LG18	ref-15965_26	54.971			GTGAAACAAAACCAAGTGAAGAAAACACAAGCACGTCGTCCAGAAGCTATAAGCTCTGTTGATTGACAAGTATAGACAGACAGGTAAACTAAAGGGTATCAGGACGTTTT GATAACACTGACTGCATTCTTATTCATATTTTGGTCTGTGTCTTTGTTGCAAGTTGCATTCTTACTGTGCGACGCTCTTCGTCTT[A/G]TGGACCTCATATGCATTGTCAGGC CACGTGGGACGCCATTTGCATTAGAAAGCGGAATACAATCACTTTAATTTTAAACAAGACATTCGGAATGTGCCACAAAGGCAGATTCTCGGCAACTGACGGAGCCACG AAAGGAAAGAAAAAAGAATTATTATGCAGGGAATTAAG
LG18	ref-34477	55.455			AAGGTCTGTCTTTGTGAAGGATACCTCTGTCCACTGTCTAATGTAGTTTATGTCTTCACTCTGCCTCCGCACTGGTTTGAAGGACTTTAGTTTAGGAAAAATCTGGCATA GCATTGCAAATCTCTTATCTACACTGTTGTGGAGAATATTGGATATACTGCAAAGGATGATGCATGCATCTCAGTCAAATTCTGTATTGTACATACTAAAAATAATAGCAAT GGTCTTCACTGGTTTTGATTACAACTTGACATTTTATAACCTTGCTTGTGCATAAAATTAATAAAAAATATTATAATAATAATAATACATTAATACTTCTAATATAAT AATCTATTATTAATTTATTTTTATTATTC
LG18	ref-50017	55.743			TGTTCTCATATCCATATATTTTGTCTAATGTACAAAGTAATAATCTCAAGGTTTACTGGGATTTAAACGATTGTTTTTGCAGTACCTTTCTTCTCTCACCGTTGCTTACTGC CGATCTAGAGAAACAATTTCTCTGAGTCGCCCCCTGTCGTTTCAAAGAACAGATGTCGTTTCATAAGCACCTCGTTCGTTTGGGAGATGTGCGCGCAGTCAGCGGAGGCTC GCGGTGCAGAGCCAGGTCCAGCTTAGTTGGCCAACGAACAAAACTACTCGTGTGTGATGGCATGCACGTGTATTACGTGTTTGGTCTATAGGCATGCATGTTTGGCATG AGTGCTCTTTAAAGAATGCGTATGTGTGCGTC
LG18	ref-34397	55.795			TATTTTTATTTGCTCAATTGCTCATAATTCCACAAACCTGTTGTAAGAGTCCATAATTGGTACCAAACATTGGTACTGGCATTGTGTGCAGTGACTCATTTCACTCTGTTTCA TTAGTGCTCTGTATTAACCTTATTTTACCCAAGCTTAGCTATGACAGCAAGGAATACGACTGTGTCAAATGCATTATGAGATATCGTAGGCATGGCACGATACATATGCTTT CTTCAAAAATGTCTTCCAGTCAGATGTTACACAAACATCTGATCTGGATGTGGCTTGATGGCCTTTTAAAGGTTTCTGACACAGCCTATGTTCAATTCCCTGTCAACCAGAT GGTCTATAAATATAATGACCATTGGCTTCGTTTTTACATGTGTTACAATTAGAACCAGGTTATGTGAATAGCTGAACATTGACGTGTTTAAAC
LG18	ref-37113_28	55.954			TACAGTGCACATGACGCGAATTTTCATCATCAGAAGAGTGCGCACGTAAGTGTATGTGCACCGCCAGATTTTGTACATACTGTACGTGCACCGCCAGATTTTGTACTTTGT ACACGCAGATCGCATATGCGCATTTATTTATTTATTTATTTGTCAGTAATTAATTTATCCACGAGGTTGCAACTGTTTCGATTAC[C/T]AGGTAAGTCGAAGAAAACTGCATA AACACAACAGAACGGAACGCATGCAAGCTACAGCGACAATGGAGGCCTATATAGATGACAGATTGTGCAAAGAGATTAGAAAGTAGCCTAATTTGTACAACCTCTACCATG AAAGAATACAAATATATTTACATGGGTTGTAACCTCATG
LG18	ref-22010	56.141	Chr21	37699041	CAGCTCCAGGAGGACAGACGAAATGACAAGAAACCTCCACCATACAAACATATTAAGGTACATGACCATAACAAGACATGCTATGAGATTGATTGCTAGCTTTATATTATG ACGGTACCTGTCTTATCTTGGTCAATCCAATAGGTGAACAAACCAATTGGCAAAGTGCTGATCATCTCGGCAGACCTTTCAGAGATTCCCCGCTGCAACTGCAAAGCATCA GATGAGAACCCTGCGGTATGGATTAGAGTGCATCAACCGCATGCTGCTGTATGAATGTCATCCACAGGTTTGTCCCGCAGGCGAGCGCTGCCAGAACCAGTGCTTCACC AAACGGCAGTACTGCCAGGTGGAGATCTTCAGGACAC

LG18	ref-35184	56.439			TAGCAGACCGCAATAGACGCCTGCTTTCAAATGCTCCCGTGTGTTTCTGTGTAAGTGCTAAGTGAAGAGCGGTTTTTGAAGTGTTGATCATTGAAGCCAATCACAGATATA TCCGATAAGCCGTGAACACAATGGCCAAGAGGCATTTACGAATCCACTCAACAGCGCTCAACGTGTACATTTTTTAAAACTTCAGTACCAATATGATACCGAAGTCAGTAC TTTTGTCAACTCTAGACCTATAAGCTGCGCCCTCTAGAGTTTCATGACTGAAGTATTAATGCGGTTTTGATAGTAAATCATTTAATATTTAAAAATATATTCTGTAGAA AGTAATATTCTTTGTATAACAAAAAGTACAATAGTACTGCCATTGTATTTTGGACATAGGATCATGATAATGGTTAAACAATGGCATGTAATAATAT
LG18	ref-323	56.508	Chr21	33309187	TTCACCCACAGCACGCAGAGAATTCCTAATAGTACCGCACATTAAGAGAGCGGAACAGACTACTCAGCGAATCAGATAATTGAGTTGAACAGCAGCTAGGGAGGAAAAAG AGTGAGAGAGAAGAGAGAGAAGCAGTAGCATCTCCGCTGAACGTTACAGGGGGGAATATATTTCCACCCAGCATCCCAGTCGACGGCTCTTTCTCTGTCTCCACCCTACT TGGAGAACATTGAGCACTTGAAGCATGCTAGCACATGTGGCCTGCTGGTGATTGCCCTGGATCGTGAAGAGAGCGTACTCAGATTGTTGAGACGGCTATTGTTCTGCGGA CTGCGAAAGGAACATGAGGGCCTGCCAGGAAAACAGGG
LG18	ref-37250	57.039			ACACACATTGCGAAATGCATGCTTTAGTGAA
LG18	ref-51988_10	57.267			AACCAACATGAAGGCTAAGAAAGTTTTTTTTTTTATTATTTTAAAGTCCTATAATTTATGTATTCATTGTGTTCCACCTGACCTCTAAAAAAGCTTGTTGGCAGGGACAAAA TCCCAGTCGCCTCTCTCTCCAGTTTACAGTTGACAGTTTTTCTATTGTCTCTGAGAAACCTTATTGCATGACCACGTACATTTAGTTTAGCTGAT[C/T]CGAAGGGGCTGCTC TCTCATATCCCCCTTTCATCTTGCTTCCCAGACCCTGACACGTTTATGTCAACATCCATTTTCATAGCACCTTATCCATAACATTGAATAAGGCTTTCACACTGGCAGTCTTCA CACGCAAAACACGATCATGGTCAAAACCAAGAGGATGCAGTGCAAAGAAATACTTCAGTTATGGATATAGATGAGCAATCAATTTATAGATATAT
LG18	ref-48902	57.471			CAGGCAATGGCGACAATTATGCCACCTAAA
LG18	ref-52880	58.697	Chr21	23974859	CAGTCAGGTCATTTGAGGGAGTTGATGTACGGCTGCAGAGATACAACAGTGTTGACTAGTGTTTGAAGGAGGCATCTCTCATTCCGCTCTCAATTGTTCTGCCTTAAGGCTG ACTGATGCATCACCGTGAAAGTCGAGGCGTCTCCCTAGCAACAGAGAAGTTACAACAGCTCTTGTGAGCAAGCATTTTCGATCACTTCTGGCTCCCCAGTGAGGGCCGACGT TGCTTCCGTCTCACCTAGCACAAAGGCTTCAGCCAGGCCCTGTATAGGGCTAAACCTGGGCACCGAGACACAAAGCCTTCAGAGATTTACACCACCCCCACGTCGCCCCG GAGCATCGGCTGTTGTATGAGATGGATAGATAGAT
LG18	ref-18516_6	58.95	Chr21	22449092	CAAATCTACAGAAAGCAAGAAATAAGCCAAGGAGTGAGGGATCTTTACAATAACCATCACATTTTTTTCTGGGTACAAAAATGTACACCACAGGAGATTCGGGGAGT TATCTAGACCTACCGGATCTTTCTCTTGAGCATAGAGCACATCTCCCGTGAGAGAGGCATTGGG[C/G]GGCTGCAGTCCACTCGGGGAGTGAGGCTATCTGACTCAAAAC TCTGTGACTATGTGTTTCAACCTTAAGAGCATGTGACTGACAAAACCTTCTCAATTTAGCATCCGTGAAGGGGCCCTTTGTGCTCAGGAATTTCAGAGGACACAAACAGA CCCAACAAGACCCTACCCTTTCTCAGAATTGAGAATCTTA
LG18	ref-30142_31	59.073			TGTTATAAAGCGACGAGAATGCTTTGTGCG[C/T]G
LG18	ref-48041_6	59.35	Chr21	18367359	CTTTGATAAGTGCCACAAATTCCTCTGCAAGGACACACCAACCGTTAATACAAAGAATAAATCAAAGGGCAGCCCATGAAAGTGTAAGGGCCGGTTCGTTTTAAAGTCT TGTGCAAAGGTAAAGGGTTATGCAATGCATATTATGCATTTAGCTTATGAATTTTCATCTGGATTGGAATCACTTCAGTCTACTAGCAGATCCCTCC[A/G]ATTGCGACGCCTAT GCTGGAGTGCTTTTGAAAAATGAATTTTCCCCCATGGCCCGAGTTTACATACTATTATCATATCAGTCCCATCTGCTCAGATGTCCAGATGTTAGCAGTGTGAGACAGACCACA GCCGTGATACTCAAAGGTGAACAACAGCTTAGTAGCAATAATATGAAATGGTGGTCAGTAAACTGACCCGCCACTGAGTTTGACCCATTTTATGACCTA
LG18	ref-50157_15	59.4	Chr21	26446835	TGACACCTCAGAAATTGACAAAACCTTCCTAAATATGATTCTGAAACAAATTAACCTCTACTTTCTCGATAAAGACAAAAATAGGCGTATCGAGAGGGCGGGAATTTGTGAC AAGCGTGCCCGCGTCCAATCGCCTTTACTAAATGATGTTTCTGGCGTTAAATCTTAAAGCCCTCTTGTAACCAACCTTGACGTGCGTCTTTTCGCTCGAG[C/T]AGCGTG CTTTCAGCAAAATCAGGTTCCAGTATTTAACTCTCGTGCCCAATAGCCTTCGCATATTTTAAACAGGGGCGGAACAATACACAAATGGAACGAAGTAGGGTAGGTTGTTAG AAAGTTAATGGCTTGGGGGAAAGAGATTCTTCTCGCTTCAGGAGAGTTTGAGGATTTTCTGAAGTAAACGTAATTATTTTATAACAATATAACCCC
LG18	ref-65202	59.498			GGTTTTGCAACGATCACACTGCTGTGGGAAT
LG18	ref-160_25	60.372			GTGGTCCTTTCGACCTGTGTGCTA[C/T]ATCCCTA
LG18	ref-160_28	60.704			GTGGTCCTTTCGACCTGTGTGCTACAT[C/T]CCTA
LG18	ref-43359	62.704			TGTTCTTCCACGAGGCTTGTGCTGTTTGCTG
LG18	ref-50611	62.95			AATAATTTCTTTCAAAAAAAAAAACTTACTTAACCTAAACTTCTGAACAGCAGCGTACATACCAGTTATTAAGTCTATGTGTCTAATCTATAGTATTTGCAGCAAAATC ATCTGTCATTTGGTAGAAGCAAAAAACAGGCAGATGCCTACATGGACATGTTGCATCACATTCCATTATTTCATGAACAACATTACACAAAGTTTCACATTTGATTTGCATGCA ATTCCGATTAAACATGTAGTTGTTTCTGCTGGGAATATGACTGTTACTGATGCTACTTGATAATGTAAAATTTAGGTGTTGAAGCAGAACCAGTTGGCAGTTTCTCTAGT GCTCTAAACATGAACCAGCACAGTGTATGCACATGTATTTAATCAGGTCTTCTTCAAATGAAATTTATGTGCAAAAAAGGACACTGATACAGTGAT

LG18	ref-58268	63.005			GAATAAAATACCTCTTTAGGGCATTAAATGAATTAATAAAAAATATATCTTTCAGGACTCTTTAAAGTTCCTTGTCATATTCTTTTAACTCTCCAATAGTATGACATTATTC AACTCATACGAATGGGAATTCAGGATTGATTTAGTTTTATTAAGATATTGGATAAATATTGAAGTACTACAGTTTTATCGCTGATGTCTGGAGTGTGTGAGTGTTCAGGTT TTTAAATAATGCTCACTATATGTAGTATTATGAGGAAATCAAACACATTGTCATGTTTATTTATTGAAGAGAACCTGCACTTGTTACCGACAGGGGGAGCCCTGTGATTGT GCCTTTTCAGCAGCTTCTAGTGTGCGTTGAGGG
LG18	ref-69325	63.513			GCGCACAGCCCGAAACACGTGCACGCACAGA
LG18	ref-21758_29	64.928			GGCATTGCTACATTGTTTCTTCAGTGTTCGGTTGGTTCTAGGGCATTACTAAATAGTTGCTAGGTAGTTTCAGGGAGGCTGCTAAGGCATTGCTATGCAGTTGCTATGGTGT CTGGTTGTTAAGGCATTGCTACATTGTTTCTTAGGTGTTCTGTTCTAAGGCATTACTATGCAGTTGCTAGGGAATTCAGGGAGGCTGCTAAGGCATTGCGATGCAGTTGCTC GGAT[C/T]GTCAACATGGATGCTAGGGTGTTCGGATGGTTGATATGGTGTTCGGTTGCTAGGTTCATTGATACATTGTTTCTTACAATAGGTGTTCTGGTTGGTTCTAGGGC ATTACTATGCAGTTGCTAGAGAGTTTCAGGGAGGTTGCTAAAGCATTGCTATGCAGTTGCTAGGGTGTCCACATGGGTGCTAGATTGTTTGGGTGGT
LG18	ref-21758_8	64.928			TAAGGCA[C/T]TGCGATGCAGTTGCTCGGATTGTC
LG18	ref-51046	66.324			ATCATGAGGTCTGAAGGAACCTGCCTGAAGAGC
LG18	ref-51525	67.154			CGCTTGCTCACGAGCCGCTGCAAAGCACCT
LG18	ref-36653_30	67.171			TCATGGTCATCGAATGGTTTGCCATCCTT[C/T]CT
LG18	ref-42272_19	67.249			ACTGACTGACACACTCATAAAGACAGTCTTTGCCGCCATCTAATGGCGTAATAATGTAACCTCTGTTGCTGTTACGGTCAGGGACTATATTTCCGGTGGAAGGAAGGCTT TTAGTGAAGTTTACTTTCATGAAAGTTGCATTGATACATATTTTAGGGTTTAATATTTGTATTGTGTGGTAACCGTTTTCTAAAAGCAATAAGGTACTCGAGGCTA[C/T]TGC TGACGCTTTGCGTCGTGCCTAACACGCCCTTCAGCTGTGACTTATTCAGATTACGACAGCCTCTCGTACCTTATTGCTTGCGTACATATATATATATATATGGACATT CCTTGAATATTATTAAGACAAATGAAACAATTTTACATATATAAAACAAAAATATTCTAAAAGGCAATGGACATGAAAAAATGGAANAATATT
LG18	ref-42272_6	67.249			ATAAG[G/T]TACTCGAGGCTATTGCTGTACGCTT
LG18	ref-26259_1	67.267			TTGAGAATGGTGAGCGGCAAGAATTTCTTAAATTTCCAAATAGTCAAGTCAAGTCAACTTTATTTATATAGCACTTTTTACTGCTCTAGAAGAAAAATGGTGTCTATTATCCAG CTTAAGTAAGTTTCAGTATTGATTTCATTGTAATAAATACCTGCAGTACTCCTGACTTTCTGCCCAAAGTAAAAGTGAGTACGCC[G/T]GCTTGGAACCGAATAAGGTG CTTAGCATTTTTCTTCATCAAAGTCCATTTTATAAATCTGAATGTTGTCTGGATTTTAGTGTATGCACACTCTAAGATCAAATCTATGTGTACACATGTTTTATAAATGAGG CCCCAGATATCTGCTGCCACCTATTTCTAAACGCCATTAAAAAATTACATGCAGGCTAATAACCTACGAAAAACAAACATTGCTGAGTTATTTTGAT
LG18	ref-18895_2	67.737			A[A/G]AGGAATGTCTGAAGGCCATGCATTCAAACAC
LG18	ref-70373	68.272	Chr21	6858102	GCCTTTTCTGTTATCCAAGCCTCTTTGTGTGCGTTACGCCCCTTATGGTCCGCCTTCCCAACGCAAGTGAATTACTCTGGATGGATTACAACCTGCACACGCCGACCGCTCT CCGTGGATGAGAAAGGAGGCGGTGCCACGCGCTCCTATATAAGGAGAGCGCGAAGCGCCCCTGTGGACACGAGACTCGCCACCAGGGATTTTCACTTGACAACGGATCGA GTTAATGGCCCGATATTGTCTATAGCCACGCGCCAGGAAGGTTGTAAACGAAACATACCAATGTACGCCCCATTCCAGGTCAGCGTGAGTGAGTAATGATCACATTTCTTC CGTGCTCTCCCTCTTACTATTCCCATATTAAGT
LG18	ref-65687	68.747			AGGATTGATACGACGTGTGTGCAAGTGAGCT
LG18	ref-56787_1	69.151			TTCAGAACACAAACGAGATCCCATTAGATCTAGATTCAATTTATTAGAATTCAGATTCAATTAAAGTATATTCAAAGGCCTGGCATGAGTCAGATTTCAGATTTTCTATGTAT AGTCATGTTTCATGGACATGGTACATACAGTATGCAATTGCTGCTCTGTAAAGATGATGA[C/T]AGTGCCAGGCAATAGTCTCGAAGCAGTGAAAGAAAAATTTATAACTCA CGCAAGCAATAATAAAGTCTGCATTAGCTGTCAATCCTCCCTCTTACCTCACACATACGTCTCTCTCCTCGCTGAATCTATCCACTTGAAACTGTGCAGCAATCTTGTC GAAAGGACCTCAGTGAAACACTACGATTTAAGCAACC
LG18	ref-14415_1	69.66			GTAATAAAACAACGCAGACAGCACGTGCAATTAACGCCACTTTAGTGGCCGCGATTCAATCTAGTGAGTCTCTATGAGCTGACTGATATGATTAGAGACAAATTGTA TGTGTCTGTTTAAATTCCTCCTGAATTCGCAAGTGGTTGGACATGATTAGCTGCAGAAACCCTCTCTAATATTCAACAGAGAGATTCA[C/G]AGCTACCGTCGAATGACCT GCAAACCTCAAAGCCATGTTTTAATGTGTTCACTGAGGTGATTAAAGTCAGCTTGTCAAATTCCTGGCTGACAGTAAAAGTCCCTCGGGTGGCTTTTAGAAGGAACAGGTAC AGAGTTGTGGTGACGGGGGGCATTCTGTTCCATTTGTCCTAGCTTTGTGGAACCGGAATCAATTTCTTTGCTCTCAATGAACAAAGTCGTGGCACACTGG
LG18	ref-40514	70.299	Chr21	16516520	GTCTTCACATTTCCCTCTGTCTGCCCTTCCTTCACAAATCTCGGCTCTTCTCACACACTTGTGACCTGTGGGAGAGACAACCTGGCAAATAAAAAAGAAACGTTTCGTC ACACATCGAGACACCGGATGGCTGCAGTATGATAATCTGGCTTTAACAATGAAAATGACGACACTGAGACAGTGTGGCTCACTGTGGCCGATGCGCCGAGGTACGCGC AGTCTTTTATTTTCCAATTAGCGAAAGAGAGGTGAGACGAAGCCTGCCAGGGTCTCTCTCGTCGAGAAAAATGTGCGGTCTCCCGCTATAGCTGTTCTCTCCGCTCCCTCATA TAATTCCATTCCGTTCTGCGATTTACATGCAATGAGAGCAAATTACTATTCATTGAGAAAGTGAATTTGGGAATGTGCATGCTAATGCTAAGAGACC

LG18	ref-39384	71.399	Chr21	15744263	ACGCTCAAATTCAGTGCCTTGAATCCCATCATAGCCCTGTGTACAAACAAACCAATCACAATCAGAGGTGGCATTACGATAGTCTGGTCAGTTTCCCCTACATAGGTATTT TGCTTGCGGATGGCTAAAGTTTTGCCCACTTCCACAGGATCCATTTATATATTGCTGTGCAGTTAATGCCATATTTACTGTGAGCCGAGCCTTTCAGACAATTCTGCTTC CTGTCTCTCCTTCATTTAGTCTTAAAATTATGATGATAACACAGCATATAATGAGTGCTAGTGTAACAGTACAAAACAGATATTTTTCAGTTTGAAGTGAAGCCACAAT CTTTTCATTCTGTAGGGAGAAATAAAGGCACATTACAAATTATGCACACTGTAATTTAAACAGAGAAACAAGAATGAGCTTTTGATGTTGCTTT
LG18	ref-28411	71.694			ATCACATAATAATGCACCTTATAGTGTTTTAAATTCAAGTTCGTTTACTGAGTTATTTGGATGTATTGGTGTATTCTCAGTTGAATCATGTTTCTGCTACACAAATTATTT GAGTTATTTTTATGAGGAAAATTGAGTGAACAATGTTGAGCTGTTGTGTGTAATGATGACAACTGTGTTCTTTGCAGCTTGTTGTTTACTGTTCTGCGACATAAGTGCATC ACAGTGTGTGTTTTAGTGAGTGAGAATGTGTTTGAGGTTTTGCAAAAATAGTGCATGAGATTGAGCGTACTGCATATTGTACCTCTGCTGTGTTGTGTTTCTTTGACCTAG TTGCTGTCTGTGAGTCTGTTAATTATGTAATTAGTTTCATGTGTTCACTTACTCCCTCATTAGTTCCTTTGTTTGGTTCAGTGTATTATATTCT
LG18	ref-5400	71.846			TCATTACAGCGCATTTGCATGCCTCTAAATA
LG18	ref-30067	71.908			AACTTAATCACGAGGACGTTGCACGTGCAAC
LG18	ref-44334	73.58			AACATAAAAAGATTCAACAACCTGAGACAAAACTTAACAATGTTAACAGACATTGGCAAACAGAAATGGAATAATGAGTCCATGAACAAATGGCAGGTCAATATCAAA AGTAGCAGTCAGTTTGTGTGTGTCCACCATCTGCTTTAAGCTCTAAAGTGCATCTCATCTTCATGGACTGCAGTAGATTACCCAGTTCTTGCTGTGAGATGTTACTCCACTC TTCCACCAAGGCACTTGCAAGTTCTCGAACATGTCTGGGGGGAACAGAAGGTCACATGTTGTTGCCACTGTGAGGATGATCAGCTGTCTCTCCTGTCTCCCTGTAGTTCTG TTTTAGGCGTCTTACTATTGGAACGTGTGACCATGA
LG18	ref-17817	74.782			CGGAGATGTTTGACACATGCAGATGAGCAGTGATGTTATGCATAATTGTCAGAACATCTCAATTAATCCCTGATGGGCCATTGTGTAATCTGATGGTTGAACCTGTATGTTA AACTGTGATTTACACTGTCTGCATAGCTACCATCATTAGCGTCTTTGTGCGGTTGTGTTGTGGGTTTCATAAACCTAATGAGGAGAAGTCAGCCAGACGACTACCATACGT TTGTCTCCCAGAGGACTTCAGTGATGTCTCAGACTCGAGCCTCGAGGCGGTCTGGAGTCGAGACCACGTCACAACTCGCATCTCAAATACGTCCTCTAGAGCCAATTA AACGATTAACATTAAGATGAGAAGTTTTTAAGTGATGCTGTTAATTTATCTAAATGGTATTTACAAAGTTTAATTGGTTTTAAATTTGCAT
LG18	ref-10033	76.268			GTAAATGTAACGAAGTAAATGCAGCCTACTT
LG18	ref-52771_17	79.298	Chr21	9964826	TGCTGTGGTGGTCCCAGGGCCGCTGGGGAGGCTCCCTGTCTGGAGTTCCTGGGCTTTCAGTGCTGCTGGGTAACGTACTAGTGCCAGACGACTCATACACAGTCTCGTTCTG TTGGAGCTGCATGGCCTCACGGGTGGCCAGGAAACACTGCAGCACCTCTGCGGGGAGGAGGAAACATGCAATTG[A/G]TTCGCAATTACACAACACCAGAGTAAGTATTTT AGAGCAAATAATCCCACGTATTAATCGCAACCATGACACATCTACACCATACAAAATTCATTTTCAAAGCTATTGGAGTGTTTTACAAGAAAATACAGTATCATTCTTTCTA CTTCAAAGTTTCACATTTAATTCAATGTGTTACTTACT
LG18	ref-44837	82.478			GGAAGGGAGGGTCTGATTACGAGGAGCCTCAGTTCAAAATTACGTCCTGGTTGGGCCAGTAAGGTGCAACCATCAAGACCTGCTCCTTGTCTCCTCCCTTACCTTGCACAGTG TCTGTGTGAGCAGGCTCACTGGTGGTAATGCATACTTGTGTAGGCCCTGGGGCCAGCTGTGTGCCAACGCATCCATGCCGAGGGTCCCCTAGGTCAGGGAATAGAACAAC GGCAGTTGAGGACTCCTGGGAGGCAACCGAATTGACTCCAGATCAGCTGGATCACGTGGGGGTGGAGTCTCCATTCTCCAGAATGTGAGAGAACGTCAGCCGCATGATT GAGCTTGCCCGGGATGTGAACAGCGACTTGAGCCGCT
LG18	ref-41809_25	84.385	Chr21	3500999	GGGTGGTGGTTCTGGCTTTGGCTGGCGTGTCTTCTCAGCGTAATACATCTGCAGATCCAGTTAATGAACCTTACTCTGACCCAGACGGATCACCTCCACGCTGAAGGACA AGGAGAGAAAAACGAATGAATGATATGACAATCAGTGCGCTCAGCGACTGTTGTGTGTGGATGTTTCGAGCATTGATATCGTAC[A/G]TCACATAAAGAGAGATGGGCACC ATGGTGTGAGGATGATGATGTAGCCCCAGAACTGAGAAACCCCTCGGTAAGATGACGATTGGTCCAGGCCGTCGAAAAGATACCAGGCCCTGGAGCCGATGCTCTCGTA CCAGTACGTGTGTCCGATGGCCAGACCAGCACACAACAAAAC
LG18	ref-48578_29	85.467			TCTGGAACCTTCATTTTTAAGAGTTTAATTTAATTAACCTAGTTTGATCAGGTCACTTGATACAGTATCTGTGTCAGATGAGCCTCATGCTGTGACATGTTTATGCAGCTTGT TATGGAATGCTATTATGACTACAAAATAAGTATTAATAAATAAAATCATCACCTGATGTTGTTTGAGCTGTGTGCTGCCAG[C/T]TCCCTTGGTAGGGTTCCACTCTCAG CTGAAAAGATGTCAGGAATCCATTGAGCACCATTTATATCTGTCCATTTACCCCAACTGTGAAATGAATGTGATAAGGAACATTAGTGGTTTAACCAGTTACCTGTTAGT TTGAAGAACACGTCACAAATATTCCTCATTTAAATA
LG18	ref-38695	86.054			ACTAGATTAGCGACTCCCTTGCTCTTTTTGA
LG18	ref-12146	87.73			ATAATCTGAATCAAAGGCTTGCTCGAGATGCATCGGCGCTGCACAGACCGATTGGCGTATGACATCAAAGTACCGCGAGAGCAATTTAAAGCATAAGGAGTGGTATGC TCTCACGGTACTTTGATGTCATCTCAAACAAGCCTAAAATAAGGCTTGTTTCGAGATGCATCAGCACTAAGCAGACCAATCGTTGTATGACCGATCAAAGCACAAGGAATC GTATGCTCTCCAAACGTGGTAGATTTATGTCATACGCCGATCTGTCTGCACAGCGCCGATGCATCTCGCACAAACCTAATCACTTGCAGCGCCATCTCTTCTCTGATGACGT GTTTACTGGGGCAAGGGCGGGGCAACCTGTCACTCA
LG18	ref-43859	89.329			TTTGACAGAACGACAGGTTTGCTGTGTTTAG

LG18	ref-18182	91.734	Chr8	16032121	AAACTGCATGGTTCAAGTGACCCAATTCCGTTTTTTCCTCCCATGTGGCACAGATCGGATATGAGCCACGACCGTGTAAGCAGGAAAAAGCACGAGGATACCCATATTTACCGGTTTCAGGCCTCTTTCATACGTGGAAATATATCAGATGAATCGGATACATGCATTTGCACCTGTCGTGTAAGCTGACAGATCCAACGCTATCTCGCGACCAATTTGCA TGTATGTTACGAGGTGGCTAATCCGTACAACCTCACTCGTAGGAATTCATTCAAATTTGGCAATTCATAAAATATGTATATAAGTATAAAATATATAAGTGCAAATTCGTA CGAATTAGCCACCTCGTAAAAATACGTACAAATTGCCGTGAGATTGAGTTGGACAGATTCGATATTCCTGTAAATGCGACTCCTACGTCATTGAAAA
LG18	ref-18461_26	94.99			ACAGACACACACACGCCTGACAGAACACAGCGTCATGGTGAAGTGTTTGTCAGGGAAGTGGCTGCTATGCAGACAGCAGAAGAATAAAAAACCAGAACAGAAAGTCCA CTGCCTCCGTTTAATGATGGGAAAGGAGTCTGTGTGTCTGTGGTGGAGGGAGTTTATCCAGAAAACACACTCTACACACACAAACCTCAGAGCTCAAAGGGGCGATTGATT GCATTT[C/T]GTCAGATGTGTTATTACTCTGGTGTCAACATGCTCAGCAAAATTTCTTCAAACCTGATCATACAAGAAGAAAGTTTGTGCTAATGTCCACTATAGTGCCTCTT TTGGCAATGCTGAGAATGCGCAAGTAATCATGTTCTGACAATCTTCTGAAGCAATGACGTGTTAAATCAAGCATTACATACTTGCATACTTAAGTATTGCT
LG18	ref-29906	95.178	Chr21	4351667	TTCTGTGTCTGTTCTGTAAACAGCAACCAGGGATTGGTGGAGAAGGTAAGACTCGCCTACATCTTTAACCAATGAGAAAGCGATACAAAAACACTTTGTTGACCTTTGACC CTTAACTTCAGTGACACCTCACCAGGACGCCACCTTCCTTTACACGCAGCCTCTGGGAAGGGTGATGGGCGTATGGATCGCTCTGGAAGACGCTACAATCGAGAATGGCTG CCTGTGGTTCATGCCGGGATCACACAACGGTAATTTCAAACGCATTAAGCAGATTTCATGGCATTTTACATAATTTGGGCATGCATGCTATTGGAGTGAAGCACAAATTTGT GTATTTAAAAATGAGTTGGTGTGGCTCTTTTCATGTG
LG18	ref-54671	96.862			TCAATATGCCAGATAATTAAGAAAAAGAAAAATCATGCTGCAAAGTTGAATTTCTGCACTTTTATTGATAAATGTCAATTTTAAAGAAAGTTCAGAATTGTTTTCGTCCCC ATTCAGTTGCGATATGCATATGCCATGCAGAAACATTTTGGAGAATAATACACTGTACTGTAGAGCTGCACGATAATCGTTAAACGATACTGATCGTGATTTCGAACATCCA CGTGATCTTATTGTGTCTATTAAAGTTTGACATTCCAGACAGAGCAGGGTATCGATAACATGGAAAAGTGTAGTGCTGCCTTAGTTTTTGATGAATCAGTTTCACTCCTTAT TTACTTCAGTGTTCTTTCAACATAACCTTTATGG
LG18	ref-51492_16	98.042	Chr21	399533	CAGCAGTCCTGGGGTTGGGGGTGCCTGCTTTATGTACTTTGCTGTTACCTTAATCTCTGGATGTCGCTTTTGGTAGTGGACCAGAACGCCACAACAGAGCGGTGTTGTAG ACACAGTGTTTGCAGTAATAAACATCTTCATCCAGAGCCACAGGTAGGATGGCGTTTGAAGACTTGGGGGTGCTGGTTAGGCTGTAGGTTGAATTGCTCGACA[A/G]CTGT GCTCGGTCAACAGATATGACCCGCATTGTTTTCTGAATGCGGAAGTACGAGGCCTTTTGCTCTGGGTGTTTTTCTGATAATGGACCAGTACTGAGTGCATGTTGGGACTTG AGAAAGAACAGACATCACAGTCATACACCACCACATTACCACCCACACCTTCTCGAAAAGCTTCAGCCTCAGTGTTTGCTTCTGGCGTTTTGCAGATGCT
LG18	ref-7302	98.815			TGTGTGTGTCCGAAGTGTGTGCATGCATGTG
LG18	ref-10469	99.074			AAAGCAATGACGAACTGGCTGCCATGTCAAA
LG18	ref-64632	99.449	Chr21	594742	ATGATTTTATTTCTGCAGTGATGATAGTAACTGGTGTGTTTTCGTCACATTCACTGTCCATATGGTGTAAACGGATCCATAATGCTCACAATGACACTGTATTCTGTGTCTCGG ACACCTGAAACCCTGGATTACCTGACAGCTTCAGACAACATGATTACCAAACAAAAGACTTTAAACTCTCACGGATCAGAACTCTCCCAGCGAACGAAAGCCATGGC GGTCTGAGAGTGTGTGTTTCAGAGACAGGCCTCGACTCGACGGACAGATGAAGGAGTGTTTCACACATGTCTTCTGCTTTTATTGTGCAGTTTCCTTTCTTCGCTGCCAA AACACTAAACGGAACATTCTCTCAAAGTTACGAACAAGCGTTTCGTTCAAAGTTATCTGGTTTTCAATAATGTTCTGAAAACGTTAGCGCAAAAAACA
LG19	ref-38727_23	0			CCATAATACCCACCGGCTGCAACTCTTTGCCATCTGTAACCATGGTGACCTGCTGCCAGTGCGGCCCTGGTGGGCGGGACAGCGATGGTGGTTCCGTCCTGAGTTACCA TGGTGACGGCCGTGCCGAGGACCTGCAGGTGTGAGTTGATGATGTGCTCCGTTTCCATGGTAACTTCAGCATCACGTTTCG[C/T]TCTGCTCAGTGCCCTGCGGCGACGCCTG AAAAACTCTGCGTCTACATACAAAACCATTTCTTTGAAAACCTGTGCAAAAAATCTGAAGTGAATAATGCGTACGGTAGACAGAAAGTCGTTCTCACCGTCCTCGGCGGTGT CGAAGTCTCCGTGCGCGGTGCGCTTGTGCATGGCCAGCG
LG19	ref-3584	1.429	Chr10	10709633	TCAGGGAGATCAGAGATAGTGATATGTTAAAGTTGTGGATTCTTATTTTGGCCTCTTCTCTTTATTTTAAAAAAATCCAAAAATGGTGTTTTAAAGTTCGAATTTCTTGAA CTTTTACATTACAAGAAAGATTTCTGTGTGGTCGGTTGTGTTTATCTGTGTTGTGAGTGTGTGTTTGCACACATGTTGTAATTAAAGCTACATGTGATGAATATGTTGTGATG TGGCAACATATTCTTCATACCGTGATCTAATTTATCTGTCCCCATGGGAGGTTGTGAGGCAGACTGCACCACACTAATGGATGTTTGCCTTCATTGAATTACAGTGACGTG TGCACATGAGCGCTGTGCGTAAATGCTGTTT
LG19	ref-20096	2.617			TGCTAAACTACAACCTGGCTGCAAGTTTTTGACAGGGGCAACCACCTTGAAACACCCTAACAACCACCTTGAAACACCCTAGTAACCACCTAGCAACCACCCAAAAACCCAAAAAC ACCCCAACAACCACCGAACCAACCATTTGAACACCCACAGTAACTACCTAGCAACCACCCAAAAACAACTAACAACCGCTCAGATAGGAAGAGAAACAAAAACAACACTCT TGCAACTGCAAAACTACAACCTGGCTGCAAGTTTTTGACAGGGGCAACCACCTTAAAAACACACTAACAACCACCTAGCAACCACCTTGAAACACCATAGTAACCACCTAGCAACCA CCTAAAACACCCTAACAACCACCTTGAAACACCCTGGTAACCACCTAGCAACCACCTTGAAACACCCTAGCAACCACCTTGAAACACCATAGTAACC
LG19	ref-45544	2.98			GGCGAGCAGCCGAACGGGCTGCGATGTGGGC

LG19	ref-27089	3.747			TATACAAAACATATGTTACAGTACAGTAGGGCTATTGCTAACAAAAACAAACAAGTCCAGAGAAATTTTCATGTCGGCCATTATTTGAGCAGACTTTGCTTTTGTGGTGAGC TTGAGTGGTACACGAGTGTGGGCCGTGAGCGACTGATCAGAGAGCGCACACACAGCAAAACAATGAGCAGTCACATCGAAGTTCTGGAGATGTTCTGACCCAGTCGTC TAGCCATCACAAATTTGGTCTTGTCAAACCTACTCAAATCCTTACGCTCGCCCATTTTTCCTGCTTCTAACACATCAACTTTGAGGACAAAATGTTCACTTGCTGCCTGATAT ATCCACCCACTAACAGGTGCCGTGATGAAGAGATA
LG19	ref-2335	4.388			GAGGGAAAAACGACTGACGTGCAAGTTATGA
LG19	ref-2813	4.851			AAGTTTGATGCGAGCTATTTGCTAACTGGTA
LG19	ref-31308	4.905			AGTATGTGAGCGATCAAACTGCAAAGGTAGC
LG19	ref-6968	5.011	Chr10	33470557	AGAAAAACAAGGGAAGAGGACAAGAGATGGTCATTTTCATGGCTGTTTGGGCACAAGTAATTGAATTTGAATTTAGTTGATTGTTGATTAAAGGGATAGTTCACCCAAAAAT GAAACCTGTGTCATCATTTACTACCCTAATGTTGTTTCAAATGAATTTTACAGTTTTTGGGTGAAGTATCCTTTTAAAGAGTGATTCTCACCCATTCCCGATGATATGTCT CTGAACAAACCTCATTAAGCTCATTTGTGTTAGCCAGCATTTCTGAAGGGCCCGCACAGATAACGACTGCTCCAGGATAAAGCAGCATATCGCCAGATCAGGAGGAACA TTCTAGAATGAAAGGGAAAAAAGGTGTACAGAACATTGGGAATCCAAACATCACACAGTATTTTCATACATTCAGAACGCCATGTAAGAAAAAG
LG19	ref-34577	5.157			TTTTATAGGCTACTGGGGTCCCTGTGTAGGCCAGGCAGAGAGTTTGGGTGGGGGTGTCCCTGTGTTGTTGAGAGCTTTACAGCAGCGGCTCCTCTAAAATTGCTCTGCTCTA ACCGCATCAGGTCAGTCCGTGTTTTACACGTTGCCTGAGAACAACAACGCCGTTTTAATACTCTGCACGACTCTCACTCATTTCTCTCTAACGCTCTACAACAGGAAGTA CAGACACAAAAAGTCGTCCAAACTACAGAAGATTAACATGCAATGAAAACAGTCTTTTATAATCGACAGATAGCGTTCAGCTGCGGGGAAGAACCGGTGAGAGTA TCCAGTCAGGCATCACCGGACTCTCTTCAGTGGAAG
LG19	ref-72566	5.601			TGTGAATTTGTGTGAACGATTAAACACAGAGGGTACGGTTTGCAAAATCTGAGCGAACGGGTTGAAATTCATATGTACGGTTTATTAATCTGTGGGCACGATTTGTTA AACCGAGGGAACAGTTTAAAGAAATTTGTGAGCACGGTTTATAAACGAGCGAACGGATTGCAAAACCGTCGGCACGGATTGTTTTTTTTTCTCCTATAGGTGACGTGCCGG GCTCCGTACTACCTAATGACTCATTTGAACAGATTTATTTAATGAATCATGAAAACAACCTGATCTGTCCACACGGTCTATAACGAATCATCACACATTTATTTCCATCAA GAGGTGCATCATTTTTTGGTCAAGATCTTGTATTGACAATGCAAGA
LG19	ref-48577	6.295			TGAAAGGAGCATAATAGGTCCTCTTTAAATTCATGTTCTTGTAAATCTTGAATCAGCATCTCTTCTCTGATGATGAGGGCGAGGCAACCTGTCACTCACATGAGATTCACCA ATAGCAAGCCACAACCATCCAATCAATTCACACAGACAAAAATCAAGCCCCGCCCTACATTTGTTCTTGTGTTGAGAAGCTGTTTCACTCGGATATATACGAAAAGACTGGC GCACCATTCGACTTTAATACATTTACATAAAATCCAGCTTCTGATCAGATCGTACGTTTTTAGGAAAGCTCCTCTTTGAACGGATAGATATTGAGTAACATCTCTATTGGGT GGTCTGCAAGTGATTCCGACTGATTTTACCCACCAATGCAACATTTTTCGAAAGACTTGCGCGCTTCAAAATAACAGCGAGCACCGAAGCAGGAA
LG19	ref-7032	6.407			GAAGGCTCACTGGGGGAAACGCATATTGGTCCGATATTTGATTGCCAGGGCATCCGTGCCGAGCGTGCCGTGCGGTCAGGGAATAGAACAACTGGCAGTGGGCAGTCTCCG GGGAGGCGAACAGATCTACCTGTGCCTCGCCGAAGCGCTGCCAGATCAGCTGGACCACCTGGGGATGGAGTCTCCATTGCCCCGAAGGCGGGGAAAAAG
LG19	ref-23251	6.535			TCTCGTCTGAGCGCACGGGCTGTGTGTTTCATTAGTTGTGTCAGTTCTCTTTACGTTACATTGTTTTTCTGTTCAGTTTATCCTGTAATCCTGAGTTTCTTTATTAATATCTGT TACTGCTGCATTTAGATCCTGCTTCCTCTTTGTTTGCAACAGCGTGTTACGTTTCCATGTCCTTTTCGTTTTTTTTTTCATGTCCCCTCCACCTCGAAGTATTGCTAACATGT GCATATAATATCCAGATTTACCAAGTTAATTTGCATCTGGATTGGATGAACACTCCATACACATTTTATGACCCTGTCAGACTCATTTCCACAGATTGGTTTGAGTCGCAG TGTGTTATTATATCATCTTATCACAAATGAGACACACAGATAGAAATGTTGTTTCATTGTGTTGTTTACTGTAACAATTGTCTATGCACA
LG19	ref-39315	7.571			AATGTACCTGTAGTGTGCAGTGCAGTAGTATTGCATTCTGAAAGCTCAAATGACCTTTTGACCCCAACAATTTGACCTCTTATAAACAGCCCAATCCACTAAACTCAGGTAA GACCTGTAAGAGCAGAGGATCATGGGACTGGAAGCAGGTGCTTGAAGAGGTTACTGAAGTGCCCATGGCAACAGCATCGCTGATGTCACTTTCCTTACCGGAGTGAGGTTA ATGAGTTTCATTAGAGAGAGTAACCTGCTAGTTAGACCCGTCGACTAATCAAATAACGGTTGTATGACTAAACAATGAGCAGTTTACATCAGAACACACATCATCGTAACA CACATAAACAGCAGCATGAAGACAACCTAACCAACC
LG19	ref-46248	7.947			TCCTAAAACACGAATGCAATGCGCAGTGACG
LG19	ref-69171	7.964			TGTCACAAACCGAGGGTGCTGCTCATATGTC
LG19	ref-31848_1	8.624			TAAACAGAAAAGCACATGTATGCCCAACAATATTTAGACCCCAGGAAGAGAACTGGATTACTTATGTCTACAGAAATCAACATGATGTGAAAAATTCAAGCTATGAATT TTGTGAAAGTCGAATCCTGTTTAGCCGAATTGGGTTAAATTATGTGGTATACTGTTGGCTAAACAGTCTTTATCTATGTAACAATATCAG[A/T]GAGATGCCACGACATGTTT GCTTTACATTCCCTATCATGGCTTGAATTTGCATGGGGCCTAAGTCCGAACCTTGAGCCACACCTCTCCTATATTTACAATGCCAATATTGTTGATTTTCAAACCTGCCGTTGC TCTTATTACACATTCAATACAACCAATATTTACAGCTTTTAAAGTTTTATGTACATAATAATGTAAGCATTTCTTTGCGAAATGGACAAGAACAATGTA

LG19	ref-28710_18	9.402	Chr22	6914088	CTGTATGGAGTTTATTTTCCCCCTGAAGATCATCCAGCAGCTGTTGGTTTGTGTTTCAGATGTCTCTCCTGCTGATCGAGATGAAATGAAGAGAAAAGTCAGTGAAGGAGGG AGAATCTGTACATTGGATCCTGGTGAGATAAACGGCTCGAATGATGTAATGACATGGTGTGTTGAAGGCAGGCC[C/T]ATCGCTCAGATCAGAAATCAGAGTAAGATCTT TACAGTAAAAACAGGGTGTGATGATGATGCGAAATCAGTCAAATACAGCCTGAACATGAATCAGACCGGATCTCTGACCATCACAAACACCACAATCACAGACTCTGGAC TCTATCAACTACAGATCATCAGCAGCATCAGATTCAGCATC
LG19	ref-13489	10.546			TATGCGATACCGAGGGTGGTGCACCTGGACA
LG19	ref-54318	10.926	Chr21	5275106	TCCCCAAAGCACTGGCCGAGATGAAGCTGTTCTCGGCGGGTACACGAGCACTGAACGGCCGCTGACGGCCTGGAGCTCCCATCTCCGAAAACGTCTAAACAAATTTTAAA ATAGGCACGATGATTAATATGAGTCACATATTTCAAGGTCTAAACTACATTCTCCCTCCACAGTTCATGGTACAACAAGTGTAGTATTTGTAAAACTACGATGGATTTGC TCAACCGTCATGACAGTCGCTTCAAGCAATTTCAAGATTTGAGAACCAGAAAAGAACTGTTGTATAAAATGTAATATTATATGCAATATTTATATAATATACAAATAACATAT ATGTACAGAGCATATTTATTTATAGATAGGTACTTTTATTAGTACATTATATTGGCCACAGCTAGTAAAGTATACAGCATTAAGCTCTTTCTTCGAT
LG19	ref-2458	11.619	Chr10	39221682	GTTTTGCTGAATATATAGAGCTTCAGTITTTCTTTACAGCCAGTITTAGCAACACATCCATATCTCCCTCTGGGACACACGCACAATAAACAAACTGAGACAAGTGCAAGG TACCAAGCAGTGCTGCTTTTTATTGGTTGTTAAATGTTTGCTAAACAATAAGGAGTGGATCTGGGCCTTCTTGATAAGAAAATGGGGACAGGCAAGCGATTATGATGC TCATAAAAGGATCTTCAGAAAGATTAAACCATTGATCTTAGAAAACGTAAAGGAGTITTTGGTTATTTGACAGCATTTTGGAGAACATTATGAATGAATCTCATGAAATCAT GTCCATAATGAAAAGATTTGTTTGCAATTATGCCATTAATTTTCATGATAAATAAGCACATATATACATTTATATATAATATGAATATATACAAATATTT
LG19	ref-17558_2	12.726			C[A/G]CACTCAGACGACACTGATGCCCATTCAGC
LG19	ref-4297	13.922	Chr10	21851516	GCAGGAATCTTTTGTGTTATGTCTTTTCAGATGTTAATGATAACCCCCAGTCTTTTCACAGCCTTCTACTCTGTAGACATAGCCGAAAAACAATGCCCAAATGCTCCCCTTC TGTCCGTGTCTGCATCAGACCCAGATGTGGGTGAGAATTCTACAGTITTTTTCTCAATTCTGGAGAGCGAGGCTCTCGGTATGTCTGCGTCTCATATGTATATATAAACCC AGATAGTGGGCAGATATATGCCATGAGAAAGTTGACTATGAGCAATTGAATGCGTTTCAATTCTGTAGTGAAGTCTTGATAGAGGAAGTCCAGCTCAAAGTCCAACAC CACAGTGCATGTGTTATTAAAGATCTGAACGA
LG19	ref-48858	14.055			CTAACAAGACGAGGTACTTGCCGAGACAGG
LG19	ref-26915_14	14.175			TCTTAAATCAAAGTGGGTAGTGTGATTTGAGGACTCCTACAGTATGTAGGCCCTTAATTTCTTGAGTATTGAATCTGCTCCAAGGGCTAAAGGTAAAGTGTITTTGTTGT TTTGCATAGGGCTGGAAAATGTATTATGTTTAGAATACATTAACACACCTAACCTAAGTTGTTTATTTGCACCATAGCCATGAACTGAGCCTTCGTCCGAA[A/G]GCTGTG CGTCTGTCTTACACTGTTTCACITTTATTTTAAATGACCTGTGATTGTTTTTGTATGGATATTTTTTTTTTTGTTTGGTTATTGGGATTTTACTGTGCTCTGATTTC GATAATACTAACATAACCGCAGATGTTATATAACTTGTAACAATGACAGAAGAGGGATATATTTCTATGATATATGAACTACCATCTTCGATACTGT
LG19	ref-11407	14.548	Chr10	23985206	GTGGTTTGAATGTCTTTTGTGTGTCTGAGCTCAGCAGCTCAAAGGGACTGAAAGGACTGCATTTGTGTGCGTGACATTTGTGCGCTCTCCCATGTGTGCATATTAATGAC ACGTGGTATTTCTGAAGCCCCAATAAAATATGCCCTTGATGGCGTTGTGTGGATGGTGTGGGACATGGCGGGGGTTTCGGAGGGAGAAAGGGTTCAAAGCGACCTGCC TCTTGTTTGGTCTGGGAGAACAAAGCACAGTGTGATGGGGTGTGTGCCTTGAATAGCAGCAGACATCAGTGTGGATTAAACTCACTGGACATACACAGCCTGTGAGAGTTTC AACAGTTTTTTTTTATTCTGAACAATAGTTTGAAAC
LG19	ref-36462	16			AACTACATCACGAAATGTATGCGTGCACCTA
LG19	ref-49686_18	16.292	Chr10	33757609	GGTCAAACTAGATAGATTTCTGCACAGATAATACAGTTTCACTCACAACTGAACTGAACTGATATCGGTTACATATTGCGTCTTAAACGCGTGAAAGCGCGGCAGCG CCGCTTTCTCTCTTTCCACAAGCCCTTGCGCTCCAGTGCGCTGTGCTGTTGCTATGCAACCATGAACCGCGCTCTCCACGATGACGCATGCGCGTTGCGACCGC[A/G]TTG CTTTTATGAGCATCTACATTTGAAATAACGAACCTTGCGTGCGCAAAAGATGCGATATGTGAACGGCCCTTATTTTAGAGTCAAATTTTTTTAATTAAATCATTTATTTTAT ATACTTCGTTACAAAAGATTTAATATCAAAAGCAATTTTATGATAGTATTAGACATTTTAACATTAAACTTTTTTTTTTACACACTCTTAAACAGA
LG19	ref-7916	16.481			CCTTCTGGGACGACAGCCATGCACCGTAAAA
LG19	ref-9879	18.596			AGGAGAGTCGCGACCACAATGCAAGCATATA
LG19	ref-7194	22.713			GTGATGTGAGCGATGGGATTGCCATTAAAAAT
LG19	ref-67130	25.822			TCTGAACACACGAAAAATGCTGCAAGTCAGAA
LG19	ref-70741	27.06			GAGAAAATAACGAAAGTTTTGCCTGTGTTC
LG19	ref-54062_30	27.714			ATCTGAAATCCGAGTTGTATGCATACCGA[C/T]GG
LG19	ref-54062_27	27.759			ATCTGAAATCCGAGTTGTATGCATAC[C/T]GATGG

LG19	ref-66662_19	28.686			GTGAGTCTCATTGATCTCTAGAAATTCAGAATTCTGTTTTATGTGCAATTTACAGTGTTTCATTGTAGATCAGACGGACAACTGATTAACACTGAAGGCTCGTTCACAGCGA GAACAATGCAGTGATAACTATATTATTGTCCACACCAGCGGACGATATCGTTCTGTTTATTCTAAGCGCATTGCAG[A/G]CGTGCGTCATTATTGGCCGGCTCCTGCGTCAG CATCACACGTGAACAGCGTCGGCCAATCCCGAGCCGGCATTTCATATGAAACAGAAGCTCTGCACTGTGTTTACAACAACAGCTGAATAGGAGAATCACAGGGAAGAGAA GAAACTGTTCAATAAAGTCGTTATTTTGTGTTTGTGTTT
LG19	ref-46383	29.123	Chr11	21112599	TTATATATATTGTTTATATCTGTGTATATTATGCTGTACTGTATTGTGCTATATATTATATGACTCCATACATTGTTTTGGTGCAACATTTTATAATGTTTTGTATTGCATAA TAAAGTTTGAGGTCCTACTAGATATTTCTGAAGAAAGTGTGCTTAGTCATACAAATTTGCCACGGTAATCTGTTCTGAGTGGTTACCAAGGCGTTGCTATGTGGTTGCTAAG GTGTTCTGAGTGAATTTAAATGTTTACTTTGAAGGCCTGTTTCACATCAAGGACGTTCTAAATATGAAATATAATATAAAATATAATATAAAAGTTCTAAATATGAAAAGAT TGCAGAGTACACATCACAACTATAACGATAACGATATAGAGAAATGATATCGTTGGAATCACTTACAGAACGATTTTTTTCCAGCTGATGAAC
LG19	ref-4678_28	29.79			CTTTGCGATCCGATGGGAATGCTGATT[A/C]CTGT
LG19	ref-67744	31.469			GGTACTGGCTCGATGGCTTTGCTGAAAGTGG
LG19	ref-61237	32.548			AAGAATGTCACGATAGGGTTGCAAATACGGA
LG19	ref-37834	33.531			CAATCCTGCACGAGTTTCTTGACAGATTGACA
LG19	ref-37958	33.565			GGGGGGGACTCGATGTCACTGCCATTACACA
LG19	ref-9447	33.653			TGCCGCCGCCGAGCCCGCTGCTCCTGCCGC
LG19	ref-15551	33.659			TCGCTCTGGTCGACGTGTATGCGCGACTTAC
LG19	ref-63321	34.575			CACAGAAAAACGACGCTAATGCAGTTGAAAC
LG19	ref-57634_23	35.996			ATGACTGAGACGAGAGGCGTGC[A/G]GATCCATCT
LG19	ref-40678_16	36.152			AGCACTTATCAATATAAAGCATCTTGAGGAAATGACATCAAACAACATCTTTATATTTTCGCTAAAATGTTAAGATTAGTTATCCAGAACTTAAATTTAAGTTTAACCACTT TTTTTTTTTTTACAAAATATTATCTCCAGCACATGTTTCATGAAACAACGTCTGCCTCTTGAGTCAGCACA[C/T]GTGTCGTGATGCTCTCGTGAATGTGCATTGGAGATTA ATATTTTGTAAATAAAGTGGTAAATTATGTTGTTGTTGTTGTTTTAGCACAAAGCACTTACATCGCTTCAAAAAAATTGCTTCATAAAATTGATTAAACCACTGGAGTC GCATGGATTATTTTAAAGGGATCCTTGATTATGAAT
LG19	ref-675	36.675			CCAAATCATTGCTGCTAGAAATAGCTTGTGTGTCAGGGGATGGAGGCGGGGTTACCATGACCAACAAGATGAACAGAACTTGTGACCGCCATTTTTGAAATTGCAGCTAAT CAAGCTAATAGCAGCTCGATTGTACTCTCCATCTATACAAATTAGGCATTGGATTTCGCCATGTTTGAATGCGATGTAGTTTCGCAAAGTCATGAGCATCAATAGCAATGC AACGTTTGCCATTGTTGATGGAAGAGTGAAGTTTGAAGTTGAGTGGTATAAGTCCTGGGCAGACCGATCGGCGTGTGGCATCGGGGTGCCGAAGAGCATTGAGAG CATACATCTCCTTGCTTTTGGATCGCTCTTGCGGTGCTTTGGTGTGTGCGCCGATTGGTCTGTGCGGTGCGAATAGCACTGGCTCTGAAC TAGCAC
LG19	ref-659	36.976			GCAGATAAACTCACAGATGGGTAAACAAGGCAGGCAGCAGAGAATCGTAAACGGGTAAAGCAGCAGGTTTCAGTAACAAACAATCAACAGGGGAAAACGCTCAGAAATG TACACCGTGACAATACAATACTTCGCGAAGCGTGAAGGTGACTGAGAGTCTTTATAGTCCGGGTTATGGGAAACAGCTGGCGAGATAATCAGTCCAAGGCACGGGATTA GTGCGGGTGCGTATGTGTGTATGTTTGTATTTCGGGCGAGGGCTCCCTCCGATGGTCAGAGGAGGGTATCACGGAGCTCGCCCTTGTGACAATATTCAATGTGCCCCGTTATT AGAACACTGTTCTATGATGTTAGCGATGTTTTTCACATTAACCTTTCATGAATTCTACTGAGAAACCACAAGAAATAGGCAAATAAAGACTGGGAGTCAAT
LG19	ref-41731_8	37.571	Chr10	2156335	TGTAACCCAAGGCTGTTTGGCCATGATAGTTAACCTGACAGACGGTTCTCCTTAGAAGAAAACAGCGCTGGCCTTTGACACTCATGTCCCCTCTCTGCCCTCGACCTCC TCGGTATTGTTTATTAGCCTTTATACCTGTGAGGACATGTGATATGTCTATTTAATAGTCCAGTAGTTGCAGTGAGAGAAGTCTGTCAGCGGTGC[A/G]CTCGACTGTGATGC TCATGTGAGCATGACATCAGACACCTGAATGGAGCCAGTAAAAACAGGGTTTATGTTTCCCAGCTGCTGTTCACAAATTAGCCTCCGATTCTTTGATTATATTTTCGTTGTT GGAAGCTGAAGACATAAAGACCCATTGGGTCATATTTACCTCAAAATTGAGAAAATTTATTTACCTTCAAGTTCTCATTATTGTAATGTGAGTAA
LG19	ref-29024	37.997			ATTGCTGTTGCGACGCGTTTGCACTAGCTA
LG19	ref-19895	38.371	Chr10	2940488	ACTAGAAGTCTGATTGGGTAATCATACACTACTAACTCTGCATCAACAGCATAAAAATAAGGAAAAACAACAATCTCCATGTTATGTTCTTCCCTTAAGCATAGTTTACCTAAT GAGAGAAAAAGTATAACAAGTATTACAATTAAGGAAAAACAATAACATTTTATAGAATACCTTTCACACGCAGTCACTCAGCAAGACTTACATTGGCCTTGAGTTCAGTG CGTAAACTTCATTGGATAAATGTGAATTCAAAGGCTGAAAGACAATAACAAGAAGTGTAAGAAGTTAACTATTATTAAGCAATAAACACATTAATGAAAAGCCA AAAATACCTGTATGTACATCATATGAACTAACAAAAAAGTACTAAAAAGTAACAGTCTCCAAAGTGTGTTTGAGACACCATGTTTCCAGACCTCACA
LG19	ref-46204	38.489			GTATCGACAACGATCTGTTTGCCATGTCCGT
LG19	ref-50344	39.349			GGTCTCTATACGATCAACTTGCACTACTCTT

LG19	ref-3452_6	39.982			TATTGCAGTGCAAATAATCAAATGTGAAACTTTTCCAGGTGTGTTTGATCCAGACGCAGATAAAAATAAAGCCAGTGTCTGGTGATGGAGGGAGATCCTGTCAATTCTGAACAC TGATGTTAAACTACACAAAGATGATCTGATGCTGTGGAGGTTTGACAAAGCCACAAAACGCTGCATATATAATCCGCTTCATCATAACCCGTGT[A/C]TAAGCGACGCCACT GCCATTGCTAAAAATTGATGGAGAAACTCGGGAGGTCTCATTAGATGCTGGTGTGAGTGAATTTAATAACAGATTGAAGATGGACAAAATGAGCGGATCTCTGACCAT CACAAAACGTGAGAACTGAACACTCTGGGTTTTATACACTGCAGATCAGCAACAACACTGGGACCAAATACAGGAGATTCAACGTTACTGTCCGTGGTGAGAA
LG19	ref-30801	40			CGCGGTGGCACGATTGTCATGCCGACCGTCA
LG19	ref-46261_30	40.175			GAACCAAATACGAGACTGATGCCATCCAA[C/T]GC
LG19	ref-5661	40.46			ATACGAGTGGCGAAGCGTATGCAGAGTTGAA
LG19	ref-44167_25	40.663			GTGAGATATACGATACCAGTGCGG[A/C]GCGTAGG
LG19	ref-44167_26	40.797			GTGAGATATACGATACCAGTGCGGC[G/T]CGTAGG
LG19	ref-34214	41.104			ATGCTTGACTTGTTTCAGGTGAATGATGTAGATATTTTTTTTTTATTTCATTGTGCTGATAAATGAATGGCAAAAATACAGTCCTGCAGGGCAGCTCATTTGCATATGTTTCC ATTCCCTCTGTGTGCTTATGACTCTTGATTAAATGACACTTGAAAAGGTATATCATTTTTTTTTTACCAGTTTGTGGCATGTTTCATTAATTTATGTGACAAACATTGCCTGTG CCATATAAGAGCAGAGAATGATAGCACATAATAGGATGAATTGAAGTAGAGCTGAATTGCCTTGTGAAATCATCTCATGCAAAGAACACAAACACAAACCAGCACTGAC TGTTTACACATGATTATCAAAGGTAGACCTCTGACATTTTCCAATGCAACACAGGATGTGCTGCTTACTTTGATGCATGAAATTTGAAATATGC
LG19	ref-70935	41.349			TAAAGACGCTTCAAGAACTGTACTGAACACTATAATAGGAGGACTATAGGGGCGGGGCGGGGCGGGTTTTTTTCCAGACAAAGTGACCGAAATCTGTAAATAATGAAGTA GTGTTTTGGGTTCTGTATTTCTTCTTTTTTCTGCAAAAACGTGCCTTTTTTAACGGATGGATGAATCGCGAATAGGCCTAGACTATTTTAATGATCATTGCAAGCTCATGCA CATTGTAACGGGCTTATCCCATCTTGAGGAGCGAAACGATACTGAATTCAC TGCTTTCAGTAGCACTAACGTAGGCCTATTTACTTAATTCCTCGAAATGGTTAAGGTTA CTTCGTAGGTTACTTCGATTTTCATAGTTTTGGGGAAAAAAGGCGGTTTACTAAATCATGAGGAGTTTTTTGATCGGATATTTAAGGAATTGTGAA
LG19	ref-2658	41.684			CACTGGCCACCGATGTCACTGCCTCACGTGA
LG19	ref-26093	41.964	Chr10	2378850	GCGCTTTATTTGGGATCCCAAGTCGTCGGTCACTACAGACGTATGTTGAACGTTACCGACTGAAAGGGAACGCTCTCGGTTACATATGTAACCCTCGTTCCCTGAAGGAGGG AACGGAGACGTACGTCCCGTCACCACAGTTCCTGTGCCTTCGCTGTAGTGCGAAAAACAGGGTGCGATTGCATCTGCTTCGGTATTTATACCCCTCCTAACGGGGGCGGTGC GCATTATGCAAATATCGCACGCCAGTTCATTGGCTTGTTTTATACACTCGAAGCTGATAGGGCTCTCTAGTGATATCCCAATTCGTCGGTCACTACTGATGTACGCTCC GTTCCCTCCTTCAGGGAACGAGGGTTACATACGTAACCGAGACGGTAAC TTTCAGGATATGTAAGTAGCCATAGCAAATTACTCTCTGAACATAACC
LG19	ref-44888	42.294			AGGAAATGGCCGATATATGTGCAAATAAATG
LG19	ref-43239	42.557			AAAGCGAAACCGAAGTGATGCGTACACTCA
LG19	ref-25345	42.831			ACAGGTGTTTAGGCTGAGTTTCTGTTGCATTTACAACATTCAGACCAGCAGGCGCACATGTTTAAGAACACAGTGCCACGCTTCAATCTGAAACACGCAGCGCATATATTT ATTTCAATTAAATCACAGCCTTTGTGATTGGATAATTGCAGTGTGCCATATCGCAATTCGGTTAATCATGCAGCCCTATTGTAAGATCCTATGCTGTCTGTTTTACTGCATTA AAGAATTATTTCTTTATATCCAGATGTGGTGTTTAACTGGATGATGGTACCGTTTCAGGCCATAAACCTCTACTCATCTCTAGCTGTGATTGGATGGCAGCCATGTTTGG TGGGCTTTTGTGCGAGAGCTGTACTAAAGAGGT
LG19	ref-65931	43.378			AGGCCAAGTTTGCTGCTGCCATCTCTGAACTGAGGTCAAAGGTTATAGCAGGATTATGATGATTAATTTGTTTGCTGCATTTCGTACAATGGAAGAACGCTAGTGTTGAG AATCTTAAAGCACACTTAAACGTTTAGATAATCTGTGTTTTAAATTCCAACATGAGGTTTGCAAATTGCAGGCATATTGTGACATGATGAAAAGCTAATAATTAATCAT AAAATGTACAATTAATAATGAATAAATATTTTTAAATAAAAAACAATC
LG19	ref-64929	43.527			ACATACCATTTCGATGAGGTTGCCCGGCGGAG
LG19	ref-50626	44.035			AGAAATGTGGCGAGAAATGTGCCGAGACGGC
LG19	ref-15697	44.933			GCGGTTGAGTACAAGCGGTACAAGAATGGCAGGACTTTGAACTGATAGGTTTGATCCTGAAAGTTGAATCAGAGAAACTTCCTGTGGCGGGGAGCAATGGGAATATGGAA ATAAGCGTCTTTAAGTCGACACTTACAAACAGTCTCGTTCCATCACAGACCGAAGAATGTCGACTGTGCATAACATTCAAAAATGAAGAGACTTTAGGAACACATTTAA ACGTCCCAGATCCAGGATCGGGCGAAACCCGCCGTCTTCTTTGGAAGTGAAGTAAAGTGGAGTAAAAACCGTCCCTCTGACTGAGGGGAGGAAC TTTTCTATGGCTAT AGTGAACGAATTTCTAGAGAAAGGGCCATTGAACTCG
LG19	ref-47552	45.639			AAATCATTCTCAATATTAAGAATAGCAGAATTCACACCACAGCTATAACGTTAACGCCACAGAGAAACAATATCGTTGGAATCACTTTCAGAACGATTTTATCAAGCTGA TGAACGATAAAAAACATTGACAGCCAATCAGAATCCATCTGCTGTAACAAC TTCGAGCATTTAAAGTGATAGACAAGCACACACTTAGAATAAACAGAACGATATCATTG CTGGTGTGGACACTAATATAGITTTCTTTATAGATATATTTATAGTTATAGTTCTTGGTGTGAATGGTCCTTTATTCCTTGGCTTAGAGCCCTTTGAAGCTGCATTGAATCTG

					CAGTTTAGACCTTCAACCCACTGGTAGCCGTTGAAGTCCACAATATGGAGAAAAATCCTGGAATGTTTTCTTTTCGACTGAAGAAAGAAAGATATTA
LG19	ref-73372	45.664			GTGGTTTTTGAAAAATAACCGCCGTCACGGTAGTCATAACACCAGCACCAGACCGGCCTGCCCTTAATTAGGGAAGCACGTCGCTCTGCGATAAGATGAGGAGGTGCTGTGTCTTATGTGACTTTGCTGTTCATCACTCTCGCTGACACGGCTTGGAGCTGTTTGACATGGAACAGACATGTTTCATCGGTCTTTGTGCGACAGACAGGTGCACTCTGCA GACTCACACACACATACTACATATTTTTTGGTAACACTTTACAATAAGGTTCAATTAGTTAACATTAGTTAACTACATTAGTTAACATGAACTAATAATGAACTGCACCTAC ACAGCATTTATGAATCTTTGTTAATGTTAATTCA
LG19	ref-2864_8	46.306			TATTGCTTATTTGTGGCTTGATTCTGCTGTTTAGAATGTGTTAATATTGCAAGTGCCCAAAACGTGCATTTTTTTTTTTTTTTTACAGTGACAGCATTAGAAAAATAATGAA CGGAAATCATATTTGAGGTGATGTGCGTTGTATCCATGTCAATTAGTTGTGCATCTCTGTATG[A/C]ATGCATATAGCTCGCTGTTTGCCATAGTTTATTCTCGATGATCTTTG AAATGATTAATTATGCAAAGAATGTACATTCTTAGTGGCATAAACCTGATCTGAGGTCAAAATGGGATAAAGTAGTGACCATTAGGGCAGCCAGAATTAGGAAGGCCTTG CGATATTCATGCCTGCGTGTGAATGGGACTTCAGTT
LG19	ref-20560	46.319			TACAACGATACGAAACTTGTGCTGTGGGAAG
LG19	ref-44686_29	46.676			AATATTCAGGCGACAAATATGCAGCAAC[C/T]GTG
LG19	ref-72272	47.216			GACAAGCTGTCACTTCATGTACACATGGCTTGTGAATGTCTGTGGTTTGGACTGCTAAAGGTCTAGAGGTTTTATGACTGGTACACACTATAGTTGAGATTTTGCTTACTTT TAAATGTATATATTTGGCAAATTTTTTGCAAACATTTTGTCTTAGATGACTCTTCTTACCAAAGCGAATCATATAAAAAAAATGCACAAATCTGTGACAGACTTGCAT GGTTTGTTCCTCTACAATAAAATCTTGTTCAATATTTTATTATATGTTGACAGGAACCTTTGCTTGTAGCACAAAGCCCATTCCAGGTTACAGTTTATTCTGGCCACTTAA GCAGAAAAATATACTTCGTTTTTTTTACTACGTGTACTAGTATACTTCATGCATGCACATTGTGACAAATGCAATCCCTCTATGAGTTACAACC
LG19	ref-3150_23	47.459			GCAGTACAGATGACAGAGACACTGTGTTTGCCTATACTGGCTAAATAGCAATGTTATCAAGCAACTCCCCAGAATCCTATTCATTGCAGAATACATTTTATTTTCTGAG TCTAATTAAGTAGTCTTCAGATAAGTAGTGTGTCATAGTTACACCCACAGACTACAATTGTATCATTGCATCCCCGTCG[A/G]TTACAGCATTTTATTATGCTGATTGTGTAT TATAATTAGACAGCCTGATTAGGTAGTTGATGACGTATGCCTATGTGAAGTGTGCTTATATCACTCTGTGTTGTCCGAGTGGAAGGTTCAATCATGGTCGTGATATAATTGA GAGCCATTCAATTATGTTGCCAAGCCATGTTTTGAAT
LG19	ref-66417_31	47.911			AGCAACAAGCCGAGATGCCTGCAGAACATC[G/T]G
LG19	ref-62414_16	47.913	Chr10	18476512	TAACTCATTCGAATACTGAAATCTACACAAAAGTTGAACCACTGGCTTGCTTCTCATGTGGAATACTATTCATTTGCATGACATGTGCGAGTTGCAAAGCATCTCAAACAGTAA CTCAAACCGGTTTTGTTCAGTTACGATGCTGCCCTTGAAGGAAACTGTCTATGTTGGCAGTAGACAGCAAGG[G/T]TCTCGAAGAAAGATGCTGAAAGAAGTTGGGCTAAG GTCTGGCATGAAGGAATGGGGAATGAGGAAGAACGAAAGGGAGAGGCATGTCCTAACTCAGTCTGGCTCTCCTGGGGAAGGTCTTAAATTACACTCGGATGTGGACAGCT TGTCAAATTGCGAGGCCAGGGCCCTGGCTCCAGAGAAACGC
LG19	ref-5475	48.233			CGTTCACATGCACAGCCAACGTGTCACTCATGCAGCAGCGTTTGCATTGAATTCAAAGTTGTTAATTTTGTTTAAACACTATGCATTGATCAAATAAACTCAGGTATTGATT CATGCACACGGATAAGCGTTCATATAAGCTGTGAGCCTGAAAGCCACCTTGCTAGTGAGGTCTAAATGATCCTCGGCTTCCCCGTTCTGGTTGTGCGCGGCGTCGCTGCG CTCAGCGCCGGGCGAATCCTCCGCGCAACCCGGGTCAGGTGCGAACATACATGCCGGCACCAGCGACTCCACCGCGGGGCTTAAACTGGACTCCGTCGCCGCCATGTACT CCTCCAACCTGGGAATGGAATAGGGATTGATCCAGAGAAGTTTTTTCTTTTCTTTTTCGTTGGTTCTGAAACTAGAGTAAGTTGCGTTTAACCTTA
LG19	ref-59798_23	48.541	Chr10	18461261	TAGATTAGCAATAGCAGATTTACAACCTCGTATTGACCACCTTTATGATGGTTTTGCATCCTTTATGAAATCTAAAACCTTCAGTCCTCATTCAATGTAATTGCATTGGAGGG GGGTCATGACAGAATTTTGGTTGAACTATATCTTTAAGAAATGTTTAAAGAAGCATTTATGTTAGGGAGATTATGGATGTATGTACAGCCTAAACGGTCGATGAACGTGCG[A/G]ATTGATATTACTGATAAACATATTTTGTGGGCAAGAATGTGTCTTTTCATGTGTGAGTGTGTGTTGTAGTTGTTTACCAGTTAGCCTCGTGGGATGAAGCAGCGGTA TTCAGATCCTCTTATTATTAGATGCAAGTCCTAGCGTGGTTGAACAGTGCTGGGAGATGGAGCGAGGTGGGAGGGAAATGGGGGGATTGGCTGTCCTTGTC
LG19	ref-7668	48.737			ATTAGCAGTGCGATTGTAATGCTTTTTTCTC
LG19	ref-71951_19	48.922			TTCTCAAATGGAAGATTGCATTAGGCTTTGTCTTCTCTAGTACAGTCCTTCCGAGGCTTGACGGTCTAGTAAATGCACCTGGTCATTAAAGTATAGTTAATCCTATTTTGATG GAGCTCGATGACATGGCAGCTGAGATATGCAGCCTTACTAGGACGTAGCCATCTGATTGAGAAGCACCAATCGCTACTCCAGTTGATGATTCTGTACGAACGAT[C/T]TGC CTAGTTTTTGAGTTTCATTGACTCAAACCAAGTAACCTTAATTAAGGGGGCATATTCATTTGGTTGGTACAACCAATGAAATGCTCCTTCACTGTCAGCAAAGGAATATTA TTGGCTAGTCAGTCAGGCTGCATCCGAAATACTTCCTACTATATAGGTGAAAAGCAGTGTGACAAAAGAAGTATGTCCGATTCAATACTCTTAA
LG19	ref-23132	49.39			CCCTCCACCTCGAAGTATTTGCTAACGTGCA
LG19	ref-14156	49.509			GTCTCGACACCGAAGTAGCTGCAGCAACAAG

LG19	ref-15593	49.615	Chr10	18339684	CACCAAGAGACATGCACACATTCCAACATCCCTCATTCCCTCATCGTTCTCAGCCCACTCGGACTTCCTCTTTAAGCCCTGCTTCCGCTGTCATTTAGAAGCTGCCTCGTGGCGCTCGTTTTCAAAGAGGCACCGCGCTGGTAGGGGTAATAGCTTTTTACACCGAGTGCAAACCCAGCATCTGTCTTGCTTCCCAGTGTGTGTGCTGTGCTCACTGGTGACTCACTCTATGTATACACAAGTGGCAGAACACACACATCCGCACACACACACACACACAGACAGACACAAAACCCCGCATAGGCTTCTGCAGCTATTCCTATGATAAGTGACACAAGCAAATATGCCTTTCCTTTTCA
LG19	ref-25882	49.68	Chr22	23074463	ATTTTGAACCTCTTTATTTTCATCAGGAGCGTAGAGTTTTATGGTAAGTTACAGTATCAAAAGTGTGTAAACTGAACAGTTCTTTTTCGGTCCAGAAAACGCAAACCTTTCCTTGC AAGAAGTTATGATGCATAACTCCACACGTTTTGGTTGTGACAGTATTCTTGCACTTCGCTGGATCGCATTTCACACGGTTTACAATCAAAAACAAGGTCGATAGTATTGCGT AGGGATATCATTTATAGATTCTGAAGTGCCTACATCTTTTTTATCTGCTTCTTCGGTTATACAAAGGTCCTGAGCTGTCAGATGTGTTTCATCTTATCTCAAGCTTGTTCTGA ATTAACGGGTAAAATAAACTAACCTTTTTTATATATACATATTTCTCTTTGGACATGAACCATGTCTTTTCCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
LG19	ref-72056	50.379			AGCACGAGTGCCATTTTTTTTTTTTACAACAGTTCAATAAATAAGTGCGTTATGTTTTAGACATTTAGATGTTTGCTCAATTTTGCCACTGAATATATTACCTATAAAGCCAG AGCAGAAGCTGTTGTGCTTCTCCAAGCAACACAAAGTGGTGCTTTGTTCTGAATTAATCCACACTAAGCGAATCAATCGGGTGAAGCAATGATTCAGTGGCCCATTCACAAA GAGAGCCTTTACTTCATTTCTGAATGAATCAGCCATTTGAACTAATCAAAATGAATGACTCAATGACTTACTCATTTAGACATTTACGGCCACCTAATGACAGCAAAG AAAATTGTCATCATTTACTCACATCATGGCCAT
LG19	ref-7675	50.613			ATTCAGGATACGACGCGTATGCAGAGGTGGG
LG19	ref-16211	50.706			CGAGGCGAGGCGAGGCTTGTGCTCTCGTAGT
LG19	ref-60283	50.959			GCCTTCTGGTCATTTTTTGTGGTTGCAAAACGCTGTGAGTGTGAATGTAGCTTAAGTGGGGTGTTTGGGTACAGAAAGTCAACAGGCTCTCCCGCCCGAGGTGATGACTACTT AAAAAAGCCCTCTCTGTATCATCATTTTCATAATTGCTTTCACGTCGTTTACATGAAGGCCCTTAGTTATGCGTACTTAATGATAGTGCTATTCCCTCCGAGCTCCACGCAAC CTTTGAGGCTAGAAAAGTTACACAGGTAAGCACTTGAAAAGTGCTATTGAAAATGAGGCCGGTGTGCTTATGCATTAACATTAAGTCCCAGTAGACGACGAAAGAGAA AAACACTCATTTAATCGAGTCCATTTTCCAAGAATTCCAATTAATATCTAAATGAAATAAAAATCCTTTACGGCATGTGAAATCAAAGCCCCATC
LG19	ref-54139_32	51.085	Chr14	28706018	CAGTAGCTTATAATGTACTACAGTAAATGAATGCGTATTAATACAAAGAGTAAACCAGGGGAAAAAGACGAAGGTGCCTCCTTGATTGTCTCCTTAAAAATGACACTGAA GTGCGTTTCAAAAAAACACCCTACACCCTTCATCCCTTTGAAGCTCTCACTCCGAGGGTAAACCGTTTGAAGGGATTAGGGCATAGGGATGAGCCCTTCCGAATAGAATG CAGGATCTGC[A/G]TTTTGATCATTTCATTTACACGACAACCGTATTTTGGGGGCCTGAAAACACATACTTTGAAAACAATGCTGTTATCGTCTCCATGTAAACTACAAAAA CATAAATTGTGAAAACAGTCTTCATACGCATGCATGTGTATTACGTGTTGAGTCTATAGGCGTGTGTGTTTCCTTACAAAGTGACATCGCCATCTACTGG
LG19	ref-41252_5	51.193			TGTT[C/G]TGTCACGAGCCACTTGCACTGTTTGCT
LG19	ref-53022	51.437			TTGAGCCCTCCGATGACATTGCATTAGAAAC
LG19	ref-22171	51.476	Chr22	31935984	AACACCTTATTGCGCATCGGTGTCCATTGTGAATGTGAGAAATAAGCAGTGAAATGAATATGTGGGGACTTTGGTCCCTTGTGATTGCGACTGGTGATATCATGACGTGCA AGGATGAGTGTGTTAGCACTATAGGCAAGAAAGACGATATCAGTGTAAATCACACACTAGCTTCTTTACATACTGTCCCATCTCCACACCGCGCCACACAACTCTACTGC TCCTCGTGATGCTACAAGACCAGGCTTTGTCTTCGACAAGGCCTCTGCTGCCTACTGATTACCACAAGACCCAGTGATAGAGATTGAGTCATTGGGGAAGGACTGTTTTT AAGAGTATTTAATGCCTATTATTTTATATTATTACACAGCACTCTACAATAACCATTCTAATAGGTCAAGCATTACGAGCATTGAGCAGTCAAATG
LG19	ref-56898	51.585			TGAGTGAACCGGAGCCACCACACACGTACACTTGAAGCTGTAAAAAAAAAAAAAGCCTTTGCGCTCCTTCACAGACAGTTTGGGCGCCAATTAGGCGATATTAAAAA GGCAAAACTCTTCAGTAATGAGAAACCGAGCGCAGCTTTGAAACTCAGGAAAAGAGGACTAGCTTCCGGCAAATGACTCGATACACTGTTTCATTTAACAACACTACACTAG TCACAATGGGCATTAGCCATCGAGTTTCATCTAAAAGTTAGGGATTTTGAGGGGTTTCGTGTTTTTTTTTTTTTTTGGAGAGGGAAAAGCAGGTAAAGGAGGATAAAAGGA GATTTGAGATTAAACTGGCAAAACAGCACCCCTTTAAA
LG19	ref-16256	51.716			TGTACCATCTCGATGACTTTTGCTCGCTTTGA
LG19	ref-13412_6	51.783	Chr10	9967176	ATATTTGGTTTTAGAGATGCATTTCTAACGAGAACAGTTAATGCTAGAAAAGCTAAAATCGTGATAAGGAACAGTATGGCTCGCTATTTTCTTTGAAGCCTGGCAGTGATT TGGAGGGCGTGAACTAGTTTGTTGTCTATTATCTGCAACAAAGTGGGACTGTAATTGTTT[C/T]CAGGGCAGCAGTGTGCGCTCAGGCTGTCTTCAGGAAGGCCAGACT GTCCTGGTGACAGAATCCAGTTAAACCCACATCTCACTCATGCTTTTCTAATACTTCTATTATCTAAAACCTGCTAGAGGGAACCAAAAAATGATTAAAGGATTGACATCA GTCAGAAAGAAGGCGGTGAAGGTGGTCAAGGGAGCAGT
LG19	ref-61635	51.954			GTTTCCGAAACAAAACGAAAACACAGTAAAAGAAAGGCACAAAGTATAACATATAAGTTGAGGAACATTGAAACAAAGGTAGTCCCAATTCCAGAGAAGTGCTTCTCTGTG AATAGCGGCATTTCTGTAAACAATACTGAAGAGGATCGCTGGTTAAGGAGAATTGCGAATGTTTATGCTCAGCATGGCGTTTCGCACTATCACAGGGGTGGCGTTTACGTCTG TGGGCATTCAAGTGCTCAGATCCAGGCTAGCCTCAGTGGTGTCATCATGCTGCAGTCCAAACAGTCTCTAGGTGGTGCGCACTGCCTCACTCTGTCCACTTGCGACTCGCGG GCAGGTTCAAGATTCTGCAGATACCACAGCTTCTTTGG

LG19	ref-23629	51.985			TTACCTGGGCTTAAGCCCAGGCCAGGCCCCGGGCTGAGGGAGGGCCCCGGTGATGCCGGAAAAAATATAACCGTATTTTATAATGTGATGACTGTCCCTTTAACATCGCT TTGCTTTGAAGACATGTGCGGGTGTTCAGTCCAGCGCGTGAAGTGCCTCAAGACGCAAACTCACAGTATCAGTATCTGGACAAGGCGGACAGACCGATGGCGCTG CCTGCACATCCACTCATAGGGCTCGTTCACACAGAACCGCTTTTTGCTTTGAAAAACGCGAGACGCGGGCAGTGGAATGGGGGAAACCGCAAGGTCTCGAGACCTTATCA TATGTTTAAATATTCTCCAGATGTTATTGACATCAACTTGTCTATTATTAGGAATTCAACGCGAGTAGCTACGTCAGGTGAGTTCAACAGGCGAATCATTAA
LG19	ref-29737	52.049			CATGACAGTGCGAACAGCATGCTTGCTTTAT
LG19	ref-55154	52.094			ATACAGTTCCAGACTGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATACAAAGACTATGAAAAAACAGATTTTGATCGTTGTTTCCAGAGACATACACTGCTGTGCTAACTTTTCAGTT GCTCTTAAGAAATAAGAAACATGATGAGTGCTGAAGGCGAGCAGTATGCAGCAGGATTAATAATAACAGCACTGGGCTCATACTCACTCTTTGGCAGAGCTATTTTCATA TTCAGTACCTGTAGCTGGATTTCTCTAGCAGAGACAGCTGGAGTTTGGGCTCTGACAGCTGTGTGAATCTGGGTTGGTCTGGCAGCTGATCTGTATACAAAAATTAAATATC GTAACGCCAAGAAATTTTGCAGCTCATCTCATTCA
LG19	ref-52439	52.191			CGGGTGCTCTCGAAATGCTTGCTCAAAATT
LG19	ref-16421_31	52.248			GATGAAGCTCTTAGGGATCCGATCGACAGGACCGCCTTTCGCCTGTTGAAAGTGTTGCACGTTTGTTCGACCCCTTTCGATATGGCGGGACCCACTCTTCTTCAAAAA GGGGTCAACATGGGTGCTGTTTTCTGTTGGCAAATGATCACAATGGACTCCTCTCTGACCGGCTGGGGCACAGTCTTCGAGGGCAGG[A/G]CAGCGTGTGGAGTGTGGACG GGAGAGTTCCTCTCTTGGCACATAACAGTTGGAGCTAAAGGCTGTATCCCTGGCCCTGCTGCAATTTCTCCCTTTCTCAGGGGATGCCACGTCATTGTCAGGATGTACAA CATGGCGGTGGTGTCTACATAAATCGCCAAGGGGGCT
LG19	ref-15331_32	52.329			ATAATTTTGAAGGTATTTTAATGGAGAATGTGAAAATATATTTATAAAACATATTGTCACAATCGTGCGTTTATTGTCTTCAGCAATCCATAATGTTTGATAGCCTCGTTTT GGATAAGATTAAAAATGACAGGCCATGGATAGACTATCTGTCTCTGAAATTTAAATCTGGATTTCTTCACATTGGCCTCTACGTGAACACATTTGCCGAAAAAAGTGCAG GGGACGT[A/G]TTTACATTTTATTTAAACTGTGGGGGATGCGTCCGCTCTGCGTATTCTAAGCCCATATGTAGATGTATGAAGCAATGCTCATTTCAATGGAATGAACCT TAAATGAACCTTAAAGGTTTTAATATTTAATTTAAATATTTACATTTCTTAATAAACTTTTCTGGTTTTATTATGACCGATTTCATCATCCAACCTGTAA
LG19	ref-49728	52.356			AATTATTATTATTATTACAAGCCAATAAAATTTTTTTGAACATAAAAGCATGTATATATTATTATTACCTGATCCGTTAATTCATCAAGTTTATTATATTATTTTAAAAAGG ATTGATAATCTACCAAACCATGTGTTCTAGGTTTGTGCCAGCTCTGTTCTCTTCAGTATAGCTATGAACAGGAGGATCTTCGCTGATGCTAAGCTGCAAGTAGTGTGTGT CTGGAAGAGTAGTGTAACAATGAAGTTGCACAGAGCTGTACAGCATCACAGGAACAACCTGCTGTGGGACAGTAATGCAGGCCGGCAGTCATTTAACACAGTCTGAGAAG ATTAAATTAATATGACAAAAGTCATGAATTAATATTCTAATTTGAATTTTTTAATCATACCCAAATACTGTAATGAGTACTAGGCCTATACCTTAA
LG19	ref-9869	52.486			GTGCAGGCCACGAAATGGCTGCTTCTTAGCC
LG19	ref-52895_9	52.569			TGAACAATTTGGGGTTATTGCACTGTAAATTAACAAAAAATAACAAATCTTTAAAAACAACCAAAAGCACAAAGAAAAAACTGCAACAACCTCTAAGAATGCTCAACA ATTTCTCAATGTTAGATCACTAAAAATCACATCATCGAAATTC AACACGTATCTGTCTTGCGTACAA[C/T]AGCACATCAATCGCACCAGTCTCTGTAAATGTCACACCAGA AATATCAAAGTCTTTTACTCCTCACACTTTCACACATAATATATTCTGCATTACAGAGAGGAAAGAATATATTAGCCTCCTGAGATGTCTGACCAAAACATTTAAAAACAGC GCTAAATCAAAAAACCTGGCAGCCACTTCGCAATCTATGG
LG19	ref-24895_4	52.618	Chr22	33216847	GTACATGAAAGAACTTAAACCTCATCTCCGTTACGATAAAGACGGCCTTTCAGTCTCAGGAATGGCGGGCTGATCTCAAAAAGGTGGA AAAAGGGGCCATACACAGC ATTCTCTCCTTGATCAGCCCGGCACAAGAAGCTGCATTGGTCACAGGAACCTGCCGCCAGA[A/G]TCACTAGCAATAGACTCGGACCCTTTCAGCAGTCAAAGTCCAGAG AAGTCTTTGAAATGGACCATTCTGTTCCAAAGACAAAATGGAATCATTTTCATGCGTGGGAAAAAATGAGAATCCTGAAGGCCAGTCTCTACATGCCAGCAAACTACA GAGGGCCATTGTGTTGGAGGGCTGAAATAGTCCACTGGACGC
LG19	ref-62948	52.865			AGTTTGACACCGAGCACTTGTCTGAGGCAAA
LG19	ref-7365	53.005			ATTGTCAACCGATTGGATTGCTTATGAACC
LG19	ref-7320	53.032			ATAGTGTGCTTACATAGTTGTGAATCGGTCCTTGATTTGTAACTTCCACTTAGCGCCTCTTGTGGTTTTTCTACCCAGAATCCAGTGGTGCACCTTGATCTCCCGCTGCG ATTGGAGCATTGGTTTCCACTGAATCAGGTGCGCAGGAAGAGGGAGGAGCTACGGGAGCTGGTGTGTCAGCTGTACCGGAGACAAGGGGGCGGAGCTGAGCAGAGCCTC AAATAAAAAACAGTGGGAAAAATGTCCTGTACAGTAAACGAACAACAATTAGGGCATTTTGGGCTTTTTTTGTTTTGTTTTGTTTTTTACTGATTAAAAAGATAAAGGATATAT TTATAATTAACTTTGTATTTATTTGTATTAATAAT
LG19	ref-68617	53.232			ATGGGAAATCCGAATTGCTTGCGAATTTGCT
LG19	ref-47443	53.39			CATTTTCATACGATCTGCTTGCGCCCCAGTG

LG19	ref-42313	53.549	Chr22	16600878	CTGCACCTGCACGTCGCTCTTGATTATAACCTTCCCCACATATGCCACTGCCTTATCAACATCAAAGACCGATCGTACCTGTTTACCAGACCCATTTGGCTCTCAGTTTGAATAATTAATGGCAATTTATTATTATTTTTCAGCCTAAGATGTTTGTAGTATTAGACTTCAAAGGCAATGCAGCCCCTTTGTTTGCATTACGCTGTTAATTACCTTGACGTGGCCTTGTCAATTCATCTCTGTCCATTATAACGCAGCCTTGATGGAGCCGAATGAAAAATCCCTTGAGGACAGACCCTTCCCATAGACCTAATTGTATTGGTGCACAATATGCAACAAGCAAGTTTAGCTCGTAACATGTTGTTTGGG
LG19	ref-13745_17	53.726	Chr22	17359659	TTAATCTTGTTTCATGCATAATACATGCCAGCGCGGTGTGTGATCGCATTGACGCGCGGTTATTAAGTGTGTACAGTGCAGAAAACACACCCGAATCAACAGACCTCACATGCATATACAATCCACGGCTAAACTACTGCAAAAAGACCGAAGACTTTGTGCAAAAAGGCGATAAAAAACCTGTAATCATCAAAAGCTGGGGACTGACTGACTCGAGGC[A/G]TATGCTAACTTGAGTTTAAAAATGCAGTATTGAATACTTGAAGATGCAAAATTTGATGATATCCCTTCCATTTGATCTAAATGTACACATTTTCTGGATTACGAGTTTCACAACTTTACCCAAATGTTGAGACTGTGTACAAAAGTTTATTAATAAACAGAGAGCCTGCGGAGCTCCGTTCTGTGCATGGCTCTTCGAGGATTTTtaggtctcccgA
LG19	ref-27727	53.895			AAAAATCTAAATTAAAAAAAAAATTATAGCAAAGCAGGTATTAATAACGAACAAATTAAGTCTTATTTTAACTGCTAGAATCTTGAGAGAATTTTACTCAATGTAGCCTATTTTGACACTCAATTTTATACATCCACAACCATTTGTTGAGACAAAGTGAATAAAAAATCAATATGCCACTGTAGTGTGTGTAGTAGAACTAGCTTAATGACGAACTGCCTAACCGACCTGTATTATACTCCTCCCCCTACTTACAGGTACATGATCAGGTGCTTTATAGATGCAAGGCAATATAACGAAACCTTATTGATAAACTGCAGGTACCAGGCCCTGTAAGGCCCTCCAATACGGAATTAAGTGTGAATTTTAGTATTAGTTTTTAAAGGGGACGCATAATAAGGTATGTGAGTTGAGAGTTTCTTTCCTCC
LG19	ref-41252_30	54.204			CTGTCAAAAAGGATACATTTTCTGCCTGATGTTTTACTTAATCTTTGTGCATCTGGTAACCATGTGCACGCGCTCTCTCTACACTGTGGAAGAGTAGCGGATGATCTGAAAACACAGACAAAAGTAAGCTGGACTTTTCTATTTGAAAAATTTCTATTTGAGATATTCTGCTTAAATGGAAGTGTCAATCAGCCAGTCTTTGTTCTGTACAGAGCCACTTGCAC TGTTT[A/G]CTGAGACTAAATCTACGGTCAAACCTTCTCAGTGATGAAGTGAATAAAATCCAAACATGGATCTCGACTATATTGTTTGCAGATTGTGGTTGCTGAATAAATGC ACTTATGCAACCTCTGTGCAGCAATACAAAGTATTTTGGATGTTTTTAACAGACATTATTGTAATTTGGATTATTGGAAGTACCAAATTTCACTGTT
LG19	ref-61481	54.755			GTGACTATGACGAGAGTATTGCCGTTTTTTA
LG19	ref-8305	55.121	Chr24	4849519	CATGGACGATAATTATAACTTTAAAGTTTCAATGATTGTCCAATTCTAGATTGTCTAATGATTTTCAGTAGCGATGTCCACAGCTATAATGATGACACAGAGGAACGATGTCATTAGAATCACTTTTTGAATGTTTTTTTTTTTCTCTCCAGTTGATGAATAATTAAAAACATTGGCAGCTAATCAGAATCCACACATAAAGAAGCAGACGACAAAACTGCAGCGAATGCTTATAATTAACAGAATGTTATTGCTTGTGGTTGTACGCTAATATAGTTAGTATCGTTATTGGTGTGAACAGGCCTTTAAGTATAGGTGGAACACTTTTCAGAAAGATTTTTTTTCCAGGTGATAAATGATAAAAAACATTGACAGCCAATCAGAATCCATCCTGCTTTAAAAATTTTATGTGGCAGGTGACAAAACACTAC
LG19	ref-19924	55.333			ACGTGATGACGTTCTCCATATGCATTCAAACGCAGTGTAGAGTTCCTTTTGC AAAAGGGAATACAAAACAGGAGTGGGAGGGAATGGGAGTCAATTTTCTGGGATTGGGACAGGACGGGATATTTTGTGGGAGTGGGACGGGAGAGGTTTGAAAATCCACTCCCGTGTACCCTCTAGTGCAGACCCATCGGTGTATGACATCAAAGTAAAGTACAGCGAGAGCGTTTGGAGAGCATACGACTCCTTGTGCTTTTGAATGGCTCTCGCGGTACTTTGATGTGCATAGGGCAGGGGTCGGCAATTAAGTTTGGCATCGGGCCAAAAAAAATTTCAACCACTAGATGGCGGGCCAGAACATAGTCAAAGGAT
LG19	ref-23711	55.546			CCACCTAAGCCACCACTGCAAAGGTCTCATGTACAGCAGGCCAAAAGGTACCACGTTGGACGCTGCTGCCATGAGGCTTAACAGTCTCTGAACTGTTTCACAGTGATGCA TTGGACTAGCTTTAGCTTGTTTACGGCTACTAGTATCGACTCAATACGAGTAGGGGAAAGTGTTGCCTGCATCAATATCGAGTCCCACACTACACCTAAAAAGTGGTCTT CTGAGCTCGAACGAGCACACTTTTCTTGGAAATTGAGCTTTAAAGGCACAGTGTTTTTTTTGCCGCTAAACTCTTCAAAATAATAACAAAGGCATAGATCGATTGTGCAGTG AATGAGCGTAGGCTCATGGAAC TTGTTGTCATTCCG
LG19	ref-36127	55.584			CTAAAGCGGACGACACTAGTGCATTACGGT
LG19	ref-49035	55.866			ATTCTCCAACGCACGTTTCATACAACAACGTCTGCTTTCGCGTCAACACAACACACATGCATCATGGTGTTCTCGTGAATGTGCACACATGCATGTTGTGTTGACGCAAGAGCAGACATTGCGTGAACGGCTGTGGAGATTAATATTTTGTAATAAAGTGGTAAATTTGTGTTTTTGTGCAAAAGGACTCGTGTCACTTCATGAACTGAGGTAAATCATTGTAGTCACATGGATTACTTTAATGATGTCTTTACTACCTTTCTAGGGCTTGAAAGTGGTAATTGCGTAGACTGTCAATGGAGGGGCTGAAAGCTCTCAGATTTTCATTAATAAAGATCCTCTTTGTTTTCCNNNNNNNNNNNNNNNNNN
LG19	ref-18025	55.898			ATATGTTTACCGATTTTGGTGCCTGTAGAGT
LG19	ref-37124_23	55.933			GAGACTCAGACAGAGGAATACAATTAACAGATGTCGCTATTGACAGCAACAGTGCAGATTGGATGATGGCAGGTAAGTAGGTACTTCAAATGATACTTTGACTGTATAAATGATGATAATGATAGAAATTTCTTTTCTTACAGGAGATCATGGATGGACCAGAGGGAAGACAAATGGATGCATACACCTCG[A/G]TAGTATAGGTGAGTATGGCTGACATG GAGACTTGAGATAAAGGAAGGAAGACGCTGGAGTGGAGAACGGGAGAACACACTGGAGATAACGCAGGAGGGATAATGGAGAATAGTCGCTTGAGAGAACTGGAGAGAGTCTCTTCGTTGGAACGAGACTGGGCCATGAGTGAAGTGTGC

LG19	ref-43598	56.571			ACGACATCTCGATGCCGAAC TGCCATCTCCTCTGATTGAGCTAGAATGAGCCAGTCGTCCTCCAAGCTTCTACATATTCTACTAAGGGGACAGTCTCTCAAGACTGACCTCG AGTGT CATGAGTGAGATAAGTTCGGTGCCCTGAAGCGGCTGGTCAGCAGGGGAAACTCGATCAATATTTTCTGCAGGCCTCATATGAGGGAGCGAGCTTGATAGGGCTGC AGCGAGATCAGGCGTACACTTCGATTTGCGTTGCTTGAAACTGATGCATCCCGAAGCGCACAAAGCGGCGGGGAAGCAAACATCGATTTCTGAGGGCTTCGCAGAGGAG CGAGATGTTGTGCTCCACCACAGGGGGGACTGCCCTCAGAGCAAGCCTTCCTCGCCAGAATGGCAGTCCTCAGATCTGCCTTCGGCTTCGAAGACTTG
LG19	ref-49711	57.103			GCAATGCTCGCATGGTGGTGCCGGAGAAGC
LG19	ref-21231_25	57.647			CAAGTTGTACCGACCAAAGTGCAT[A/G]TTCAGTG
LG19	ref-70396_28	58.181			CTTAGGATGTGCACTGT CATGCTTCTC[A/G]CATC
LG19	ref-70396_14	58.207			TGATGAAATGCAACGGTACTCACGGAGATGGAATCTCAATACAGGGGGTCCCAGAGCACGACGGAGAAGATGTGAGAAGCA[C/T]GACAGTCGACATCCTAAGAAACATG GTCCCTAGTATCCAGAACAAAGCTGGATGATGTAGTTGATGTTGTACACCGCCTATAGGGCAATGGAGATCCGACGGAGCACCTCGTAACATC
LG19	ref-28417	59.032			CATACATCAAGAATCAGCCTATGAATCTCAACAATGGTGACATGCTTAATGCCGAATGCATTCTGGGGGCCATAGATGAGTTTGCATGATACACCCAGAATGCATTGTG GCATGAAGCATGTCAACATTGCTGAGATT CATATGCTGATTCTAGATGTCTGTATGTGAGGAAAGTTTGCAGGGGCTTCGAAGTGTTTAGTGTACAGTGTGTTTTAAACTA ATTACAGCTTTTTTGATTAAAACTAAAGATCCAACAAAACTTTTGTCTCTACAAAGCTCAGTCATTGTAAAAATATATTGTAAAGTATATTGTAAATGTATAGTATAATGC AATGTAAGTCGCTCTGGATAAAAGCGTCTGCCAA
LG19	ref-50145_9	59.192			TGATCATGCCAATACAGTACATTGCTTTATCAATAAAGCATT CAGAATGAAGTCCATTTTAAAAAGCAAATTCTTCCAGTATCCGCACCTTTACAGCTGATACTTGAAC TTTAATAAATGATTAATGCAAAGGCCTCACTTGCAATTGCAGTAACATATAAATATTAGCACATTCTCTATGACATCATAGTGCCTTGTTCTGAAAG[C/T]GCGAAGCGCGTG CCTTTCTCCTGTAAACAAAAAGGTTTTTTTAAAGAGATTGGCAACAATTACATCATT CAGTTGGTTTACATTACACAACCGGTGTGTGAATAGCATCCTGAAAAAGGT ACGTTTACAAATGACTTTTACAGTGCAACACATGAGTCCGTTTGGCCTTGTACAATTCTGCTATGTTTACGAAAACTTTTGACCTCTTCCAGACTGTAA
LG19	ref-4551	59.682	Chr22	26926813	TGCTTTCGGT CAGCCGAAGGTGCGCACCTACCCGCCAGCCCATGGCTAATGCACTCAGTAATCAGGTGTGCTCACCGGCTCCCGTACAGTCGCCTAGACCTCCATCGC GGCAACTTCTCCACATTCCAGTCTTCCCCACAGGTT CAGCCACAGCCATCACCGCAGCATGTGCCGCTCACACAGGATCACACACCCCTGGTCTGACAACACCCATGC CTGGCTCCATGGAGCAGGGACACCTGGGTACACCTGAGCAGAGTGCAATGCTCCCGCAGCTTAACACGCCCAACCGCGGAGGGCTGCCAGTGACTTAGGTATGGTGGGA GACACAACGGGAGACACGCTGGAGAAATTTGTGGAGGGATTGTAGCGTTTAATGGGAGACTCCACCCACCATAGTCTCCCCATTCTCTTTTTGTGGC
LG19	ref-44167_1	61.39			CGGCACCAGCGTAACGAAGTTAGTAGTT CAGGGAAGAAGGAGGCGGGAACCGGCGAATGTTTCAAACACTTTAATCCTATAAAAATAAACAAACACAAAAACGAAAGTAAA GACAAACAAAAACACAATAAATAGTCCAGGCCTGGTCTCTCTTGTCTTCACTGTGCTGCTCCTCTTTATGCTTAAGAGCTCCTCC[A/G]TGAGATATACGATACCA GTGCGGCGCGTAGGTGACACTCATCAATCACGCCACTGGCCTCGCACCGTTCTCACGGCCCTCAGCCTCGTCTGCTTGCCACATTTTGCAATATT CATAAGGCGGTTAGAG AATGATCTTTAGGTTTCGACACAAGTCAGTTTGACAGACTGGTTTGTTAATATTTTTGAAATGCATGTTGTTTGTTGTAATGCTAGATGTTTTAATGTGAC
LG19	ref-41329_10	61.717	Chr22	11112854	TAAATAAATAAATAAATAAAAAAGTCTCAGAAGGACTTTTTTGGGATCCTTGTAACCCTTACAATTCATACTGGACATCTACATTACCATTACACTACATTCCCCAATTTTGT TAAACACGAATCGTTTCGCCTGTCAGTGTAGACTCTGAGCACGTTCCCGAGCTCTTAAGCGCGTTCCCCAGCGCTGTGACCTCCAGGTGCGCTCCC[C/T]CGAGGATGATG CTTGCGTGTGGGGGAAGGTTTGCCCGTCAGGCTGTGGCCAATACATCTCCGTCAAAGCCCCGAGCAATCCTGTTACACACGCAGCTCGCGGATTATCCTGCTCCTCTCC TTGGCGGACAAAAACAGCCTCTCGCGCAGAGCGGACACTAACATCACTCATATTAGTATATTACCAATATTCTACTTTAATTCTTTTTGAAATCCAC
LG19	ref-15216	61.743			TCATTTGTGTGTTTAAAGAGGAATTCCTGCTGCTGTTTGTGACTTTTGTGTTTGGATGTTTGGTAAGTTCAGTCACAAAATATATGTCATAAAAGACGTTTTTTGTTTATTGT TTGATATCTTTAGGTTTGGTGTTAAAAATGACAGTGTGAGGGATAAACAAACCAGGACTAAGGCAGCATTTACACCGCAGGTCTTGATGCCTAATTCCAATTTGTTGATTA TACAGTATATCTGATTTTTTTTGAAGACCAGCTCACATCTTCTATTAAGTGTGACCCATGTCAAATATCTTGATTTACTATTTTATTATACATTGGAAAAACAACCCAAA TTAGACGTA CTGACCGAAAAACCTTAGGCCA
LG19	ref-41348	62.13			GTGATTTCCGCGATGCGAGTGCCATTAAAAAT
LG19	ref-4481	62.362			TAAAAGCCACC GCAATGCTTCAGTGCTAAACATAATCAACCATAACCGCTCAGGTTTATACATGAAAGCATAGCATACAATCCTCAACAGTGGTGACAATAATTATTCATA CTGCAGTG CATGATGGGAGTTTTGTCTATGGTGATACCAAGCACGCATTGCAGCGTGAAGCGTTTTTTCACCATTGTTGAGATTCATATGCTGATTCTTGATGTCTGTGCG TGTTCAAGTGCACATTTAATGTGATATTATGTAACAATTTAAGAATGTATTATTGACTTTTATTTTTGGTGCTTGTGAACAAAGTGTGATCATAACTGAACTTTGTTCAATT GGTTCATCTATATATTTTTATGATTAAAAAGTTTTTTTACTACAATTCCTAAGTTGTAGTGATGGACCTTATATGTACTGTATTGCAGTG
LG19	ref-16303	62.418			CATAAGCGAACGAAGCGGCTGCTTAGGGCCC
LG19	ref-7483_4	62.506			AAT[G/T]TGATGTGATCTGACTGCAAGGGATTAT

LG19	ref-7483_1	62.546			CAGATTCTCAAAACAAGAAAAAAAGTAGGGCCCCTACTTTTAAATTCGCCCCCTGCAAGCTCACATTCATCTGCCTCCACTTTTGCATTCCATGCCACATCTGAACATTTAATAAAACAATTGATATATAGAATCAAGCCACTGCCTTACTTTTTTTTTTTTTTTT[A/G]TAATCCCTTGCAGTCAGATCGACATCACATTAGGGGAAAAAAAATCGCGACTTAAACTGAAAGAAAAAAATATTGCTCAAATGTTGTTTCATTATAGCTCAAGAGACACAATAGAGTTCTAATAGACATTCAACCTGAGCTGTCTCATAGCCTTCTAGGAAA AACTATTAAGATTTTGAGTTGAGATAATATTTGCAAA
LG19	ref-67172	62.738			TGTTTTCCAACGATGTCCTTGCAGATTTCGC
LG19	ref-53935	63.054			CGCAGCGAAGCGATGCTTGTGCTCACGCCTC
LG19	ref-18321	63.104			GGATAACCTTTGAATCACTATAATGAATATAGCGTATAGTGAATGATGAATAATGAATTTATGAATTCACCTACATTTCGTGTTGTTTACATTATATGCACTTGTAGGTGCTTTTGCCAACAAAAACAGACATGCAGTTGATGCAGTTTTATTACCACCTGCAGTTACGACTCTTGACCGGCATCATTATCGCTGTGACGCTCCATCTTTCAGTTTCAAACGATCCGTAATCCAGCGTAGAACTGGGCCTTGTTTATGAAACCATAAGCGCTGATCCTGAGGGCTCGAGCAGCCACGGAAAAACACAAGATATTCTCCATTCATTTTAACCAATA AAAAAATGATTGCAACTATCAGTTACTATGGTTA
LG19	ref-64807_29	63.14			GAGCCAAATGCGATTTGCTTGCCACAAT[C/T]TCC
LG19	ref-59014	63.375			TTTCAGTTTGTCTGCACCAACTCACTGATCTACAGAGTTTTTCTCCATTATAATCAACAGTGGCATAGACCAGATATTTATTATACACAGGAATGTATTATGGATTGGGGCTAAAGCCCAGGGGTCCAGGGGCTCATTTCCTTGCTTCTTTATTTAGCATCTTTAGGATGGGTTGCACCAAAATCGAGTTGTGTTGCACCACTTAATTTTAAACTCAGATTAACAAATCAGAGATTAGAATTCTAACTGGTGAATAAAACTTGCATTTCCATTAATTTTCTCCACCATGACAGATTGCCATTTTAATTAACAGAGCAACATTAGGCTAACA ATGTTAATATTCCGTATCCTTCTTAATTGAAC
LG19	ref-39661	63.546			ACAAAAACAGCGAAAAGCCTGCCTGCAAAAG
LG19	ref-6927	63.823			CATCAGGTAGCGACTCCATTGCGGTTGGTTC
LG19	ref-1825	63.996			GTTAAGCGAGCGATGATGATGCCTTCATCTC
LG19	ref-1989	64.261			CTCTAGGGCCCCGAAGCAGCTGCTTAGTTCGC
LG19	ref-69998_31	64.623			GTAAAAACGGACAAGTTTTCAAGTGGGTGTCCGTTTTTAACGCGTCTTGACTGTCGTACAGTCTGACATAAATGACAGCTGAGATCCACAGTGTGACATGAGGATCATGTTCGTACAGTCTGACAAGCAACCATCGTAAAGGACTATTATAAATCGCACAGTGTGCACTCGGCTTTAGCAACAGCGTCGATTACGCA[A/G]ACTCACAGAAAATGTCAGAACTGTTACGCCTTTTATGTTCAAATCGGAGTTGGAATAATGATGGAGAGACTCAAGAAGAAGTGACAACATGTAGAATGCAACAGGATGTTTCTAAATGGTTAGCTGATT AATTTATGTAGCTGATGTGGAGTTAGCTATCTTAAGATCTT
LG19	ref-2491	64.676			AAAAGCCTTGCGATGAACTTGCCATCCTATC
LG19	ref-58010	65.807	Chr22	6087429	ATGATCCATAGAAAAAATTACAGCCCTATGTATTGTTTTTCTTATGTAACTGTATCTTATCCAGGTGTGTCTGGTGTGATACACATGAAGTGTCACTGATGGAGGGA GATTCAGTCACTCTACACACTGGTGTTTTAACAAACCAACATGATGATATTAGATGGTATTTTAATGACACTCTCATCGCTTGCATCAATAGTAAAATCTGTACAGATGTTTCAGTGAATAATGACACTGAGAGATTCAGAGACAGACTGAAGCTGGACAATCAGACTGGATCTCTGACCATCACAAACATCACAAACACAGACTCTGGAGAATATCAACTA CAGATCTTCAGTAGCAGAAGCAAGAGTGAAAAGAT
LG19	ref-4653	65.974			GGCTTTCAGATTATGACGCGTGTGCTCTGTCTCTTATCTGTGGTCACATGATTTTCGCATCAGCTTCTTGCTCTCTCGTCCTTCAGCTTGTCCCTTACTGCGCATGCGCATACA AATATTGCGTCTTGTTTTCTTTTAAATATTTGCATTGTTTTAAGGGTAGGTTTAGATTAGGGGTACGTATGGATGTTAATAAAGCCTCAAAGCACACGAATATGGTGTGTTAGCACAATCTGATAGGTAGCATTTTTTCGCTGTCGAGTGCTGCTGTTTTATGGGAGGTTAACTGGCGATTACACCGCCAATTCAAGAACAGGAAAACTAAATAAATAA ATGCCGTACAAAAATACACAACACGGAACATCGTGACTTTTTATATTACTAAACAGGCCTATACTAAATTATTTAAACTTCAACCAATACAAG
LG19	ref-72689	66.688			TGCTTAAAGACGAGGCGTTTGCCTTTTCATA
LG19	ref-10811_7	66.887	Chr9	52347809	CGCGCGCTGTGACTTTAATTTTGAAAAAAGACGGATAAGGAAATGTTCAATGGGTCTCAACGCGGGAACAAATAAAAGTGAAAGTAAAGGTGCTAAAAATAAAACGAT TTTTATTAACCATTTTTAGTGATGGTGGAACAAAGCTTTTCAAAGCTTTGAATCAATTGAACCAATTACTTCGCAAAATGATTCACTGTTTCGAAT[C/T]GTTTCGAATGTTT TGCCGCTGGGGACGATCTCAGTGGGTTACAGAGATCGCCCCCAGCGATGAACCAATTGAATTTTTTTTATTTATTTTATTGCAATTGCAACAATTCAAAGATGACA TTAATGAAATACAACTTTTTAAGAACATAAGGAAAGCCAGGGACAGAACAAAAACAAACCATTGAAATTCGAAACGTTTCTAAACAGCTGTGACGTAAC
LG19	ref-50494_30	67.208			AGACCCGGTCCGACTAAAATGCAACTTTA[C/T]CC
LG19	ref-43994	67.66	Chr22	7106984	AGCCAAATCAGATTATAGATTCAAGCCAAATGTTGTAACTAGTAACAGCTTGTTTGACCGTCTGTTATTACTTAACATTCTGCATACTAAACCCAAGCCTCAGACACTATA GTGTATGCTGTAGTGATCTGGAAAGCTGCCTATATCAGCACCCAGGCTGAAGCCAAGTGTCCTCTGCAGAGAGTCTGCAGCTGTGGAAGAGACGATGACGACTCCCTCGC

					GCGATAAAAGAGATAATTCAGCCCTGACGATGGCAGACGAGCTTCAGTTTTATAGAAAAGAATAGTGAACGAGAGGAGGAGAAAAGAGAGAGAAATAAATAAAATAAAATAC CTAGACAATGCAGCAGTGGGGGAGAAGGGAGTATAAATCATGGTCAAAGCCAGAAAACAGAAAACATGAGCAAGCAGGAGAGAGACAGTGA
LG19	ref-38056	68.004			GTTTCCAGTGTTGAGGGTATCATATTGCATGTAACGTGAATTACATAATCAGATTACTTTTGTCAAAGTAACCAGTAAAGTAACACATTACTTTCAAATTTAAAAAGTAACTCA AGTAACTTTGTTTTCCTGTTTATTGACTGACATCTCTCCTGTCCCCATGTTAAGAGAAATCATAAGTGCAGAGGCGTTGTGTGTGCTGTGTAAACATAATGGTTATTTTAGTT CTGGACTAAATGTGAGAAGGCATTTTCCAGACCTACAAACTCACAAGAGGTGAAAAAGGTAACATGTTTACGAATTAATTTGTTGTAGGGGGGTGCGGGGGGCATCGTCCC CCACAAGAAAAATTTTGTGATTTTAACATGTAAA
LG19	ref-3227_14	69.896			AATGCATACCTGCCGCGTCCAACATTAACCTTGTTAATTTTCGGGATGGATGGATGAATGGATAGATAGATAGATAGTTGTTGTTAGAAAATGCACAAGTTTAACTTTTATATT AACTTTTATTTACTTGCCAAAGCCAATATTTACTTGCATTTAGTGCTTGTCTTTAACTTTATTCCCTGCAT[C/T]CTCGTCGTTCCCTCACTCTTTAAACATGTAAGTATACCCAT TAGGATAAGCTTGTTAAGGACTTTGGATGGTTTCAAGTGGGTCTGTGGTTTATCTGTGTGCGAGTGTGTGTAAAGAAGCTGTGGGCAGCCGTGGGGCAGTGCAGGGGCCA CCTGCGTGCCAAGGCAACATAACCACTTACATAGC
LG19	ref-44749	71.681			TTTTTATTCTTCTCATACTAGAAATACAATACTTAAAGATGTGCTTAATTTTGAAAAATTTAAATGATATATTATCACAAGTCTTTTCCACAAAAAACACCAGTCACATTTT CTTTTTTACAAAATGTAAAAATCGATTTAGTTTATTATAAAGTTATTAAGTGTGGACTAAAGAACCATCTGAGGCTCTTATCTGTCCCTTCACTGTTGATCCAAGTGCTTAT TTTGAAGCAAAATGTGAAGGTTTCGCTGTCAAGTGTGCTTTATCTATTTTTTTCTAACAACTCTAACATGTCCGCTCTTTTTCACGCATCGAACCAATGACCGTTCAGATTGGAG CGACGCGGTTGCCACCGGACCAATCACAGTGTCTGACTCGCTTCTCAATTCATATTATAGCCTTTTCGCGCGCGCTTTGTGATCACGTGG
LG19	ref-70983_29	73.121	Chr22	37293753	TGTAATGCTAGAATGAATAAATGAAATCAGTGGAATAACAATCTTCTGCACCTGATATTGTATCTAATCTCTCTCCACTGCTCCTTCAGTATGGCACAACCTCATCAC TGCTGATTCTGGACTTGTTTCAGTGTGGATTAAAAATGTTTATCAATTATCACTCCCATCAGGATGAGCACTCCATTTCGCTCTCC[C/T]GCTAATTGAATCATTGAATAATTTT TGCTTCCTTAGGGGATGCAGTCGTTTGCAAACAGCGCCATTCTTTTCTCCAGAGCCTTCTCGATTGCCAGATATGTTTATTAATTTCCCGACCCCTTGGTGTGTTGGAGGC TACACAGAGAACTGTCACATACAGCCATGAGCCC
LG19	ref-46501_30	73.818			GCGCTATTGACGAGCCAACTGCAGAGGAC[C/T]GC
LG19	ref-20182	73.853			CCTCATGTGACGATGTAAATGCAAGTAATGA
LG19	ref-46501_31	74.453			GCGCTATTGACGAGCCAACTGCAGAGGACT[A/G]C
LG19	ref-20421_23	75.041			ATAAACCAACATCATAATCTTGTGTGATGGCCGTTATTTGCACCATAACATTCCTTTTGCCTCATTTTCTACCGTCCACAGAAGTTTATCAGTCATTTTCCCAATTAAA ATCTCTTTACAGCTCCAAATATTTTCAGAGAGCACCAAGATATTTCCAATTAATATGAGTATATTAAGATAAAATTAGATTTTGATCAGGACGGTGGCCGAGAGAGCTGC[A/ G]ACTGAAGAAAACACATGCAAAATAGAAAAAACACCAGCAAAATTAAGAAAATGTCTTCATCAGTTTGACAACATGTGTGCAAAATGATCACAACAACCAAAATACATAAA CACGCTGGAAATAGAACAGACGACAAAAGGAAATGTTTCAAGCGGACCCAGTGACAAACCTGGCTGGAACATACTTATTGTTCAATGTCTACTAAAAGGTG
LG19	ref-60513	75.639	Chr22	36372823	GCCTGAGTCTTGTACAGTACATATGATATATATGATGATATGATGAGCACAAGTAGTGTGTCATGGCCCAACAACCAGACAGACAAATTATTCAGTACTCCATAACATTTA AGCACCATACAGAGGCCCTACATTCATCTCAGCACTCGCTTAGTGTATTTTCAGAACTTCATCAATCAAGCAAAACGGCTCATGGATCGTGTGTACAAAAAATGCAGCCTTGT GGAGATGGATATTACCATAAAGTGTGTTTTGTCAAGACAATATATTTCATTAATAATAAAATTTTGCACTAAATTACTACAAAATATTCAGAAAGTACCATAAAAAATAAATAC ATTTTGAAACTTCGGTAAGGTTTTTCGTTTTTTTTA
LG19	ref-3802	76.97			CTTCTGATGCCGATGCCGCTGCCGCGCAGAG
LG19	ref-20245	77.342			AGGCCAGGAACGAAACTTTTGCAGACATCAA
LG19	ref-31738	77.464			AAACAAGTTTTTGAAATATATTTTATTCTGCCATCTCATATTTTTCACCACCATTAAAGGGCTCCGTA
LG19	ref-5431	78.634			AAAGTTTTGGGGCGAATCGTAAACCATTGACATAATTTTGGCCACAAGAACTTTGCTTTCACTAGCAAAGAACTCAAAGTTTCTCGGGGGAGCACAACATTTCAAACC TTTAGTCCCTTTAGGGGCTCCGTACATTTTAGTATATTTATTAATTTAACTGTATATAAACACAAGCTGGAAATGTTTTGTTTTTTGTTTCAGAAACAAAAAATCTAAAA ACAAAATCACTTTTCTACAGTTCCTTTATTA
LG19	ref-5431	78.634			GATGTTGTGTTTTTGTGTGTGTAATGTGCCTGTATTCTATAATATGACACAAGTATGCAGTGCATTGCAACAGGACCACAAAGTCCCGTTACTGTTTTGTTTCGCAAAAAA AACGAAAAGTGGCATTTTGTGTAATGTTTAAAGGGCGAGGACGCTCGATTTTGTGTGTGTTTTTGTGTAGTAAATGTGTCTGCATTCTATAATACGATACGACAAGTATGCAT TGGAACAGGAACTCAAAATGTTGTCTTTGTGATAGAGTAGCAAAAAATGGTATTTTCGTTGCACATTTTCAATGCGAGGATGCTTGATTTTTTGTGTTTTGTCATAGTAAATGT GCCTGCATTTGTAAAACGACACAAAAAGTATGCATGGCATCGTAACAGGAGCTCAAAGTCCCGTTACTGTTTTGTTCGCATTAAACTAGCGAAAA

LG19	ref-13029	79.32			ATAGTTCTTTAACTGACAAGCTCCCATAGAAATTTGTCCCTGCTGCAAAACACAATGTGTTCTCATCTCATAAACTTGACCATTGTGGCTGCAACTGAAAACCGCATATAATT TCTTTCCTTTAGTGAACCTCTGATAAGATAAAGCAAGAGTAAATACTGTCAATTTAGACAATGATTGGCAGATTGCTCGGATATTGCTTCGGGATGTCTATGGAAAAGTGAT TTCACATGGATCTGCATTGTTTTGCAACATCAGTCTCTCCTAACTCAATTCATTATCAGTGTTTATTTCGAAGCACCCGGACTTGTAATTTACTAAAGAGAATGACAGCAGTCT GTCCATATCTGTGCCAAAAACCAAAGCAAATT
LG19	ref-10649	79.471			AAAACCACCCCGATAAACGTGCAAAGCGCCG
LG19	ref-4678_18	79.693			CTTTGCGATCCGATGGG[A/G]ATGCTGATTACTGT
LG19	ref-46752	80.184			TCAGATTGGTCAGATGACAACTTCCTCTAATTTATAAAATTCTATTTAAGGTTGTTTCATGACTTCATCTGACGGCCACGATCACTGTCTCACATGCCTGGGCAGACAGCA TGCTGAGAGAGCGTCTGTGGCCGTCAGATGGAATCTGCAAGAGCATGTCCATGTTGGCACTGCGGTCTGACTCTCCTTCTTTAAAAATGGAGGAGAGTTCGAGGGGTTTGCC CAGCAGTTCTTGGCAGTCCAAAAAGCAGATGGAGGCCATAAAACACATCTTGCCACACACTGCCGTGTCTTGAATTGGGCCCTTCACAAGCTCCTGTTGAAGATGTTACACGC AGAAACACATCCTCACGTGCACTGGCTACCAGGACATGTTTTGCAATGATTGACCTGAAGGACTTGACATCTATGTCTCACTTTTACCTCGACAGA
LG19	ref-15633	81.095			CCTGGGACACCCCTCGTCTCCTTACGGCTCCGCAAGGCTCCCTCGTCTGCCAACTCCACCTCGGTCACTCGTCTCGCTCTCGCCACAACTTCCGGGTCTTCAGCTGCACC TCGTCCCCTCCATCTCTATGGATCTGTGGGCTCCTCCTTCCCTCCGACTCCACCTCTGTCTCTCTTGCACCACCATCGCTGCAGTCTCCCAGCACCCAGGCTCCACCTCGGT CTCCCAGATTCTCAGCGTCACTTGGTCTCTCCAGCTCTCCGCCTGGGTCTCCACTCTTTTGGCTCCATCTCCATTGCTCGTCCCCATGGTGTCTATGAGGGCATCTCCACCTT GGCTCCTCCCTCCCTTGACTCCACCGTGGG
LG19	ref-30981_27	81.664			TCGTTGATTTCACATGGATTTTCAGAGCAGTAAACAGGACTTCAACTTTGGGCCGTGGACAGTCAAGCTCATATCATGAAGTCTAAAGACATTGAGAGGTGA GTGCATGCATGTTTTGATGTTGAAGAAATTATATTTTCTATGATAATATGAGCAGTTGAGTCTGATTCTGACTGCGATTCTGTACAGGTTGGCAGAGACGATGCATATGCC GGC[A/T]TTGCCAGAGATGCTGTTCCGGTGATAATGTGTGCGCATTACGACACACTGATGGTTTTGGGATTGAATTCAATGCGATCGACGCTCTCAAACGTGTCAACAACATG CAAGACTCTGTGAAAGTGGCTTGTGCCAAGAATGGCAGGAAAGCAGGTAGAGCTTTGTGTTATTCAATTATAGTCTGATTAGATGCTTTCATTACAGGAGG
LG19	ref-50473	82.624			AGCGAGGAAGCGAGTTCAATGCTGGATTAC
LG19	ref-47238	85.761	Chr22	38907325	GCCAAAGGGGAGTGAGGCTGACCAGTGA AAAACATACATTCAAATCCTTAAACTCAGTTGCAGATTTAGCACTTCCTGGGTCTGACATTTCAAGACTGAAACCAAGAAAAA CAACTTGGGGAAATTTCTCCCTCTCTGAGGCTTCAGGTTCAACTTTATGAGAAAAAGGTA AAAAATTTGTGCTTAACCTCGACAGCCTCAACAAGATTTTGGCCACTATCA GCAGCCTCGGTCTGGCTTAATTTTCTATTCACTTCTCTGAAATGAACTTCCACATACATAAAACACTGAACGCAACCCCCCAGAGTTACAGTTTAGCAGAGATATAAAA GTATGCACAGTATTTGAGAGAACATGCCAGCAGAAG
LG19	ref-53968	86.217			CGTATGTATAATGTTTGACCGAATAGGGTGCGCGAGGCTAAGTAAAAACATGTTGACAGGCAGGTAAGACATCCTATCGTATCCCTCAGACAGAGGGTTAGGGTTAGTCTGT AAAAAAGGGTTAGGGTTAGTCTGTAAAAATACCCCTCAGATTTGTGTATAAAGCTATTTGTACAGTGTGCAAACACATTGGGGTGAAAAAGGCGTGGAAGATGCGAGACA TTCCATAAACATAACCCGCCAAGTGATTTCACATCGTTACCTTTACAGTTTTTTTACCACATTTGGTGGATGTTCAATTTCAAACCCCATCATTATGAACAGAACAGAACA TTTTGTGTGTAAGCAAACTGTTTAATTATGTTGT
LG19	ref-49901_30	86.97			TGTATCGTTTCGAAGGCTGTGCCCTCCTT[A/G]GG
LG19	ref-49901_28	87.491			TCATAACTACTGCCTCATCAGCAACTGATAAGCTGTGTCTCTTTTCAAAGGCTGTGCCCTCCAGAGGTCACATTTGTTAATTACTGTAATTTCTTTCTTATTTTGGAAATGTAA TGCTTACTTTTCTGAAATGAGGCATCCTTGTGACATATGTGGCCGACAAATGCGACCCAAGGAGGGGCACAGCCTTCGAAACG[G/T]TACAACGAAATAATGTTGGAATAT AGCTGATATAAACTGTACCAAGCTACAAGCCACTCATAATTTATAGCAGTTCAATGAAACATAGTACTCTTTTGTACTACTCTTTCTCATACTCTTTTGAAACATAGTTGG CTATATTACTAAGACTTAAAAGGATTTTTCACCCAAA
LG19	ref-11905	87.681	Chr23	42947764	GTGCTACTTATGAACCACTTTTCTGGTTTCAGAGCTGGTGCTTTGGGTGTCAAAGACAAAGAACTGATTGAAACTAGGCTCTGGCTCTGAACCAAGTACTCAAATGCCTT GGTGGA AAAAGGTGTAATAGAGATGCATTGCGCTTTGTCTTGTGTGACAGAATCTGTCAATTGAACTTGCACGCTTGAAGTTAAATGTGTGCTTTTTCGATGTGGTTCGAG TGAATGGTTCCACCTGGGCTTGACTCTCTTTTAAAGGGATGAGAGTTGAGCGGCTGCACCCCGCGGTTTGGGTCCCGGGCTACAAATTCGTTGAGGGGGGATTACGCCAGG GGCTAAGTTGCTAGGCTTGCTGTAAGCCTCCTTGCTACTGCACCTAAATCAGAACGTTGCTAGCCTCCTCTCGTTATAGAGAGTTGTTCTGTTAG
LG19	ref-40666	87.872			AGCCCTGGCCCGAAATCACTGCTGCGGCAGT
LG19	ref-26543	88.487			TGCGGATACACGAAGATGTTGCTGGGACATG
LG19	ref-29941	88.597			CGCAATACCAGCTCTGAAATTCAGGCCCTGAATAGTAACATATTTCTGTGCACAATCTCTCAAGTTAAACTGAGTTCTTTGAGTTTCTGTGTGTATATGATATTTTCTCAA TTAAATGGTTAAAATCTGGTCAAGTTAACTCTCAGAGCAGCTCTGGAGATGAAGTTTCATGTCTCATATGGATAGACGACAGATGCTGAAAACGCCACGAGTGTATGCAT TCTAAACTACACCGCTCATTACACAGAGACAGGCAGGACTTGCAGATATTTTCACTTTAATATTACAGACACTAGTTAATATTAAGATTTGGTGAAAAGTGTACAGTCC

					GAGTTTTAATTTAGCTATTCATCCAAAATTTCCAAATTTCTGTGACATTCCCTCATTACATAGCAAATTACATTTTTACAAATTGCATTTTGCCTAGA
LG19	ref-49345_32	89.476			TAAAACTCTTCTAATTTGACGCCATGTTTTATACACGTGAGAAATACATTGTTAGGTAACATAAGTTACTCTATTCTTCTCCTAGTTACACGGCCACTTACTTGCTTGTCTTTCCGGGATAAGTGGATGAATTTGCATGTTGTAAATCCAACTCTGATTCCCCGCCCTGAAGAGCAAATTCGGATGGCCGATC[C/T]CCCCGTTATCATCTAACATGATCATTTTTTTAAAGACAAAATACAATCACTAACACATATTGAGAATCAGAATATCAGTTTTCAAATATAGATAAAGAAGACAATATTGAAGACAATTTACAAAATTAAGACTCTTGATATATCCAAAATCAAGAAGTATACATTG
LG19	ref-36478_5	91.029	Chr10	5396356	CTGTCATTTTCTTCTAGAACGTACGAGAAGGGCTTCTGCCAGCCGTACCGAGGCATTGCATGTGCTCGCTTCATAGGAAACAGGAGTATCTACGTGGAGTCTCTGCAGATGCAGGGAGAAAGTGAAAACCGCATCACTGGTGAGCATTGCTTTCTTGAAACAGCGCTGTAAC[C/T]ACTGAGCACAGTTATCGTGATAGCTCTGCACGATATTGGAAAAAATCTGATTCCGGCGATATATATTGCGAAGTGAAAAATACAGGAAGTTTCACTAGATGACTTGAATAGCTCTATTGGAAAGAATGAATCATTGTAGAATAATCTTTTGAATTGGTTCATCTGTGTAAATTCAGTTATTTTGTCTTGTGGATT
LG19	ref-35087	93.287	Chr10	3711963	CTCGGTTTACAACATCCGTCTCATCAGCCTCATTTTCTCTAATGGCGTCGGCTCGTTTTAATGGCAGATATTCAATTTGGTATCGTAACAACAGTGGCACCCCTTGGGACTCAGCCGTAAACAGGGGTGATGGGAAAATCCTCGACATTTGTCTAGAGCAGCGCAGTGTGTTGACAATATATGAATTATTGATTAACTGTTGAATTTTAAACGAGGGTTGTGTGCGGTTGAGGCCCGCAACATAAATGCAAAAGTATGCATATTCTGGAAAAGATATTGACTGGGAAGTCTGTGTTTTACTTTTCAAGAATAAACCTGATTTGTTTGCTCTATATTGAATATTCAAGTGAAACAAACCCACGCATCCGCTAAAAACAACAATAGTACAATCAGATCGACCCGATCGAAGGCTGTTTTATGGCCTGATG
LG19	ref-40734	93.51			CACACTGTTGTACATCGGGAAGGGTTGCTGAACTGCCACACAGGCATTGATATATAAATGTGAGCAGTCATACGTTAATGAGCTGCTGGTCATGATAAGCCCATACGTGAGGGTCAGCGTACAGTGCAGTGAAAGTGAATTTTGTCTATCAGAAGAGTATGCGCATACTGTACATGCACGGCCGATTTTTGTAACCATGCGTACATTGCACGAGCGGGTTGCACATGCGCATTTAATTTTTTTCAGTAAAGTGTCAACCGTCTGTGTGGGTGTCGATTACAATGTAGTCGAAGAAAACTGCATAAATAGAACAGATTGGAACACATGCAAGCTACAGCAACATGGAGACCAACATAGACCAGAGATTGTGCTAAGAGGTTAAAAAGTACTCTCAGTACCCTCTAGCATGAAAGAATACAAAGATGT
LG19	ref-67829	93.901			TTCTCACCTCGATCGCGGTGCATTTATAGA
LG19	ref-1115	94.419			CATGGGATTCACTCATGTTTTTCATTAGATATGTATGTATGCTGTACCAGTTGGCACTAGAGGAAAGTTTTGTATGATTGACGTGATGAATCCAGAATCTACACATCCTTAACATCATCATATGACATGTTTCAGACACTAATGTTGTGGTTTTTATACGTACAGTAGAGTGAGATTGAAATTTCTTACTCCATAGAGTGTCTGTGTGTTGATGTTTTATGCTCATAAACATTTGTTCTGCGTTTGAATGGTTGAGATGTTTCAACACAGGAAACATAAGTGTTATATTACATCTAAATGAGTGTGCTCAAATCTGCCCTCCGCAATATACAAGTTACACTTTACGTGTACGACTAACTAACTAACTAACTAACTAATGGTAAAAATAGTGTAAGACCTTTTGAGGTGCCTTTTTCGGGTAATTGCCGTATTA
LG19	ref-4255_6	95.364			GAGGACTCCAGCGATGGTAATGGGACAAAGTGCAACGGGACGCTCCTATATGATCAGTAGCCTGGAAGGGGGAATGAAAAGGCGAAACCGCCATCCCTTACAACCTAGCCCTTTTGAGAGCAGTGCTGATGCCAACACAGGGCACTCAGAAACAAAGTGTGATGATGACACTG[G/T]CCAAGCAAATGACTCGCTGCCTACACAGACTAGTGAAGGATGAAGGGTAACAAGGTCTGGTAGAGTGAGTAAAGCAGTTGAGAACTGAATTTGTAATACTGTATATCTTTCAAGTAGTGAAGAACTGTGGTTAACAGACTGTTCAAGGTGCAAGGTTAGTCGTTAAGTAAAGTGAATAAAATGTTAGTAAAT
LG19	ref-30072_9	95.728	Chr10	3687540	TATGAGTCATTTGCATACTGTATTCAATTGAATCATTCAAAAATCGTCTTCTTAATGAGTAATTTGTGTCGTTTGACAGTAAAAACAATAGCACTGCTCTGGATTCCCAGCCCGAACTGTCTCTGTCCGCTCTGATCATTGTCAGTGTGTGTTTCAGTGAACCTCTGCTCAGGTTTGTT[A/G]AGCACATCTCTCGTCTCGTTCACTTTCCACTGAGAGGTTTGCGTCAGTCGTGGCGGTGAGTTGATCAAAATGAACATGTCACCTAGACGAGCGGGCTGACGGACGGCCTCTGACTGCGATTGGCTGTACGGCCCGCGAGTGGGCGGAGCCGTGATGTGATTGATGATTGGTGTGCCGGTGAAGAGCGGG
LG19	ref-28975	97.783			TCAGATGGTCTGTACTTAGAAGAGATCTAACGGTCTTGTGCAATGTGTAAAGGTTATGTTTTCAGTTTAATATAAACTGGGTGTAACCTCGTTTAAGAAAAATAGTTTATTTATATCTTGTGCATGCATGCCTGTTTGACATGAATCATTCTAATGTTGTATCCACAATGCATTGCACTCCACTTGACCTTCTCTTTGCTGTTTGACAAGTGATACCTGTGATTTCTTCTCTGAGAACTTATTTACAATCAAGTGGTCTAATCTAAATCCAAGACTGCTGAAGAGACACAATGGCTTTATACGATGAACAGATTTACAATGCGTATATACTGAAGTAAACACAGACATTCAAATGATT
LG19	ref-25558	99.091			GCCATATGTTTCGACACCTGTGCTTTAGCAGA
LG20	ref-23192	0			ATAGCAGGTGCGACGCAAGTGCTTTTTTGCT
LG20	ref-13027	0.316			AGTCATGCCTATGACAAAACAGATCTTCACTGGTGTAAGTGTATGTACACACCATGTACCGGCCTCCAAAGACGAAGCCTCTGTTCCCGATGGTGGCGCAGGCGTGAGCGGCCCGCGGCGTCGGAGCGGTTCCCTGTACGGACACACACAGCATTGAGCGCATCGCACGGCTTCTGCCGCAACACCATCATAAATTACAGGTTAAGCACCTTTGTGATTGGCTGACTCCACGACGACGTGTCCAGATCCAGAATGTGTATGTGATTGTTCCAGCCTCGCCTGCGTGGTTGCCTGAAAAACATCACATACTGAGTGTCTCATCCATGTACAAATGGCGTCTGCCGATGAACACGGACTCACCATGA
LG20	ref-69517	3.436			AGTTAGAAGTCGAATGTTGTGCAGGATGTTT

LG20	ref-43438	4.215			TGTCTGTGATCGACATCACTGCAACCTTTCA
LG20	ref-3050	5.819			CAAAACACAACCATTACTCATTAAAAAGAATAGGTACAACCCCTTTTGACTATACGCCCGGCCATTCGCCGACCATTTTCCGTCGTTAAACTAGCAGAAGAGGATTTCGGAC ACGCCTTAAAGTGCACCTTTCACCTGCACCTTCAGACCATGTGCTTGGATCGTTAAAAATAGGGCCCAAAGGCACAAAACCTCGACTTTTGAATTTATGTGGACTTTAAAGGAAC ACCTAAAAAAAATTCTGTCAATTATATAGTCTTATTTTCATATCAAACTCTGCATGCTGTATTTGTTTGGAACACAAAAAATATGTTAAAAGATTCTCATGTACCATATTACA ATTGCACGTACCTGTAGGTTGTCAAACCTGAGTCC
LG20	ref-15775_5	7.989	Chr17	50691268	CTCCAGAAACCCCTGCTGGAGTAACCAACACCTCCTTAGTACATCAGACTGCTGGAGACTCTGGGTGGTCTTCCATGTCCCACCTCCCCGTAACAGACGCCCACTCTATATT TACATTATGTGAAGACAGTGAGGCGTCTGAGGTGTTGTCACTCAACATTTATGAGGGTCT[C/G]AAATAGCAGGGTCATCGTTGGCGAAAGGGCCGGTGAAAAACAAACGC AGCACTGTACAAATGTGGCAGCGGCAGCCAAACGTTTGCACACTGCGGATGCTACGCAGTCAGGCACAGAGCCCATCCAATTCATTAACAGCACGAGAGGACCTGAATGA AGACTGCAGACTGTCAAACGCCAGGCTTACACAGCAATCC
LG20	ref-12469	8.648			ATTGTGCCTTTAAACTTTCTATTTCATCAAACAATCCTGAAAGTCATGTATCATGATTCCAAATAAGAAATATGGCTTTTCACACTGCGCTTAACCCAGGGTTATCGTCGTTT TAAACGCTACTTTTAACTTTGGGCAAAGGAACGTTCCACACTTGTAAATTTAGAAGCGGGGTTGGCAGCACCCCTTTTCGCGGTGTTAACCCCGCATTCGCGGTGCCAAACATC TACAGTGTGAAACAACGCGGTGATACAATGTCAAGAGCCAGGCGCATTTCTCATATTTGCCTGATTTGGGCAGTCACGAAAACACTTCGCATTGTACATAAACAGTCAATTCA GCGTTTGAGAGGAAAAATGTGAAATGCTGACAGA
LG20	ref-23363	9.924			CATTCTCACGCGAAACTATTGCATTCTCACA
LG20	ref-19574	11.987			GCAATATTACAATATTGCGTTACTCCCTTAAAAAGTAACTAATTGCATTACTAATGTGTTATGTTACTTTTGCCTTACTTTTCTGGGCTGGTCTGTTTGTGTTGTTGTTGTT TTTATAACAACAAGTTTCTATTTTGGTAAATGTTATTTTGGCCCTTTCACACTATGGGCCCTATCATACCCAGCGCAATGCGGCGGCAGGTGCGACGCAAGTGCTTTT TTGCTAGTTTCAGCCTGACAGTTATGATTTTACGTCCTGCGCCACATTTAAATAATACAATTTGTGCGCCCATGGGCGTACTAGTCTGAAAAATGAGGTGTGTTTCAGGCGCA TTGTTGGCACGTTGCTATTTTGAGGCAACTAAAATAGACTGCGCCTTTGACCAACTGAATGGCACAATATTTGTTTTGTTATTTAAAGAGTGTC
LG20	ref-32307	17.917			AGACACCAGACGAGAAAAGTGCAGTGATGAT
LG20	ref-12928	18.267			GGTGAGAGCACGACACATATGCTCTTCTCGT
LG20	ref-30741	18.921			CTCTTCCACACGAGGCATTTGCCCATAACCA
LG20	ref-67781	20.651			AAATAAGAAGCGATTATGGTGCTGCAATGTG
LG20	ref-47606_32	22.35			CCTTCGTGGTTCGAGGTCGATGCATCCACTAC[A/T]
LG20	ref-39889_14	22.659			ATTAATTACGATTGATCGCACAGCCACAGCCCTAACTGAGCCAGCTGAGATTTCAGTATGGAGATAAAGTTTAGGATCACGATTTGTCAGTAGTTCTACAGCAGTGGTCT CCAACCCTGCTCCTGGAGAGCCACTGTCTTGACAGATTTACGCTCCAACCCAACCTCAAACACACCTGAACCAGCTAATCAAGGTGTTTCAGAGCTAATTACCGAC[C/T]GTTGT GCTTGAGCAGGGTTGGAAGTGAAGTCTGCAGGACAGTAGCTCTCCAGGAGCCGGGTTGGAGACCCCTGCTCTACAGCAAACCATTTTAGCACCGTTTAGGGCTTTTCACAC TTGAACTAGTTAATCTTGGGTCATTCCAAACCCCGCATAAAAGCAGAGCTCTCCTAAGCAGGGTTTCATAACCCCTGGGTAAAATGCGGTGCTTAACCCACT
LG20	ref-31576	23.098			CACTCTGCTAGTGACGTGATGAACTGTTTTCGGCCAATAAAAATTGGTGTGTTTGTGCACACATGCTTCAGATGCCAGTCACACTAATGGCATTACCCATAGCATCAATCCAAG ATGCAGTGTCTTGTTCCTCCATCTTAGGGAACCATGGTTACAATTGTAACCTGAGACATTTGTTGAGCAAGACTGTTGCTTTATAAACTGTCGCTATAAAGTGTGTCGCTA TATACCACTAAATTAGTGGTATTTTTTGCAATTTTAACCATATAAAAAATTTATAGAAAAGGTAAAAGTTTTCTTCATCACAAGTACAACAAAATCTGTACAAACCAAACTGT AAAGTCAACATCCGTAATAAAACCTAAACATGT
LG20	ref-16732_9	24.91			CGGGGGTT[A/C]ACGAGGGAATTGCAAGTTGATGA
LG20	ref-16732_10	24.927			ATGATCATTATAAAGTTGTTTAAACAACAAAACACATTCACTTCCACATAGGCTATTTGACAATCGGGATATAATTACAGGTTTGTGAATATTTTAAATAAAAAAAGGAAAA ACGAAAATAACGCGATACCGTTTCATAGTGTGGCTGCATGACGCTCGCCGAGTAATTTAAATAATGTTTAAAAACAGAGTTTCCCAAACGGGGGTT[C/A/G]CGAGGGAAT TGCAAGTTGATGACAAGCAATTAATTAATTATAATTAAATCATTAAAAATCAAACAAATAGGCTAAATAATTTCAAATAAAAAAATCTAAATTTGGTAACAAAAAATA ATATTTTATTTCTTTATTCTGCATGTCATGTGACTATTGAGTTACAGACCTGAACGCGTCTGCTCAATTGAGTGGGCTGAACGAGAGTTCACAGCACACATCAG
LG20	ref-38285	26.336			CATTGTTGCCCGAAAGCCTTGCATAGTACAC
LG20	ref-34982	26.808			AAGTTAGCGGCGATCCTCCTGCTTCAGCGTG

LG20	ref-23052_23	26.987	Chr15	44299009	TGATAGCAATCAATAATAGAAATGGTCTAAATATTTAAAAAAAAAAAAATGTACCTTTATCTTCTGTGGAGTCTCAGGACCAAAAAATGTTTCGTCCAATCATTGTATTAG GTCTAAATGCAATGAAACATTGTCTATCTGCCCCGTCAACATATGCATTTCATATCTCCGTCCTTGGCGACCCGTGCTCGT[A/G]TAGACTATACATGTCATCAGAGCGTTAA AAGGGATACTTCACCCGGTAACACTTCAGTATAGGGGAACATGTATTCATTAATACTACGACTTTTCCCTCAATAAACTCCTAATTTACTGCTTATTAATAGTTAGGAAGTT AGTTGTAAAGTTTAGGTATTGGATAGGATTAAGAATG
LG20	ref-22381	27.327			ATTCATCTCTCGATTGGGTGCTCTTTGCGC
LG20	ref-60846	27.595			CTATGCTTTCATTAAATTTTGTGAATTGGTAAGTTTTGTGAGGGTGCAGAAAGAAATATAGAACAGTGAAAACGCCATGCTTCCTAATGATATTTCCTAAGGGTAGCATGTACA GAGTGAAAAGCAACGGTCTAGTACTGAGCCTTGCAGTACTCCAACTGAACGTGTGATCGATATGACATCTCTTTGTTTACTGTTACAACTGATAATGACCTGTATGCCT CTCCAGAAACCACCCACTGCCAGTTGTTTTATTCCCTGAACGGGAGGACACTCTGTACGGATGCACTGGCATATAGCTGGCCCCGGGGCCAGGAGCAGGTGGACGAGGAG CAGGCATTTTCGGTCGATGAATCGTGCCTAGAGTTCGGGCTGGGTGACGCCCATGTGGTACTGAGACCTCAGCCTGGCTACGTGCCCAAGGTTTCTTA
LG20	ref-56627	27.682			AGCAAGGAATCATTTCAGGAGAAATAGGCTTTTATTAATAATAAAACAAAACAAGAACAACAAAACTACCCCAAGGGGGAAAACAAGACTTGACTTAGACTTAGAC TTAGACTTAGACTTAGACTTAGACTTTGGACTCGACTCGACTCGACTTGACTTGACTTGACTTGACTTGACAGGGAAGCAAACACGAGGTGACATTCAACAACGATCCAGCT GCAAAACACAAGGAGAATAAATAGAAG
LG20	ref-46139	27.799	Chr17	42797684	AAAATAATCTGTGTCCCTGACTCTTTAAGTCAACAAGATAAGAATTGCCTGCTCATACTGTTAAAAAAAATCCAAGATGTACATTTTTTCCATTTATTTATTTATTTATTT TCTTTGGATGTTCTGTTTACTCACTCAGATCTTAGTTGTGGGCGAAACAGCCCTGTGTGGGTTGAGAAAGTTCGCTCCGGCCCAACAGAGTCACTTCGAGGCACTCGCTCA CTGTGAGTCACTTTGTGGCAGATGTGATTGTGGCTATAATAAGTGCCATCAAACATATTCTCACCCCTTGACCTTTACACCACTGAAAGAGAGAGGAACATACACAGTGT ACATACACTAAGAGCCATTTCTCTCCAGTTACTGTTTTACAGTGAATTCTGTGAGCGCCCGTCACTCTACCGTTTATCGAGGAGAATACATAA
LG20	ref-16553	27.95			ATACCAGTCTCGAGTTGATGCAGCTCGGTC
LG20	ref-47606_2	28.365			C[C/T]TTCGTGGTCGAGGTCGATGCATCCACTACA
LG20	ref-6384_23	28.798			CGTTGATCCACGACCATGGTGC[C/G]CTGTAGTCC
LG20	ref-52732	29.348			GTAAGTCTGACGAGACCAGTGCAGGAAGTGA
LG20	ref-13620	29.567			TGTTCTCACACGAAATATGTGCAATCTGCAC
LG20	ref-39794_27	30.046			CCCAACTAATCACAAGCACTTTTGGCATATTTTAACTGGTAAGAGAGAGACTGAGAGAAAAGTGGTGATGGACTTAACCTTATTGGTACAAATACAATACTCTTGTGGAGT TAAAACTACAACTTAAAAAGAAAATATTATACAGTATCAACATTAGTCTGTTTACAGTCACTGGTAAAAAGTCTGACACTCCAGTCCAAATCTAAAGTTCGACCTAAATGC TGCA[C/T]GTCCTGTGAGAAAAAGTTTCTTTTTTATAGTTTTTACTGCCATCTTTGCATCATAAACTGTTTCAGAAGAGCAAGATCACACAACAAAAGTTGGATGATGTTGA CAAATTTATACATTTTAATATATAAAATTTAAATAAACTCCCTCCTTGAGGAACAAGTGATTATGCAGTGTAATATTGCACATCTCCTTGTAAGTTAA
LG20	ref-47719_31	30.208			GGTTTCCCTAAAAATCCATCTCTACTTTTTTGTGCGTGTTCACTCCAGGTTGTTATGACTGAACCAGACTGCCAGCTGTTCAACCTCCTGCGCATATGCAGACAAGTCACC ATTGTGTATGAGGCCGATGAAAGTAGTGTGCTGTCAGACTTCAGGAGTTTGACAGAGAAGTCTTTAGCAGTGCAGTCGTTCCGTGTC[C/T]AGTGAGAAGAGCAGCGGGGA AAGCACACATCCCTAGGGGGCACCAGTTCGTATTGTGTGGGTGTTAGATGTGAATTACTCCATTCTCACTAGCTGTTGAAAGCTGGTGATGTTGACTGCATCATCCACTGAC TTGTTTGCTCGATAAGCAAACCTGCAGGGGCTCCAGCAA
LG20	ref-10307	30.594			GTAAACAGTTTATTTCTCAAATGTGCTGCAATGTTTTAATGCAGGAATTTTCATCTAGGCATTGAGACACAAACCAAGCCTGCACAAGTCTGAAAAGTGAAGCAAAAA GCATCTCGATCGTCCCCGGGTGGTTGGTCCCAGTATAGGTCATAAACCCCGCCCTCTCCGTGTAATTAAGGGTGCGTACACATTTGTAGTTCGGTTCGTTGGTCCGGACCA AAAAAGAAAACAAAAATTTAGTCCTGGTCCGATTAGCGTTCAGATTGGCAATTTTATCACCGAACCTAAAGGTATGGA
LG20	ref-25967	31.095	Chr17	13355787	TGTCACATTTTTAGAAATCCAGAAACCTCCAACATTTTATGAATTATATATGGGCTGCATGTCTTTAAGCTTGCAAGTGGCTGGTGAAAAATGCAAGATGTTGTTATCTTC TGTATACTGTCTGTAGTGTCTCTGCTTCACGAGTCATGTTCTTGCTTTGCCAATTACGCAGATTTAATTAATGACTTTGCAATCACTGCAATAGTGATGACCTCTGTGCCTT TGAATTGTCCAGTTTGTAGCAACTATACAAATGCTCCTCCATTCTTTCTCTTTTCTTTTCTTTTGTCTACAAAATTCCCATCTTGCGCACTTATATCTGCACATGGCAAAG GTGGCAGGTAATTTTAGTCCTCCCTAGAGATTCTAATTGATTATCTCCAGTCTGCTGATGAGCAGCATTGCATTAAACACAAGCAGTT
LG20	ref-8550_3	32.076			TGGATGTTCAAGGCCATGACTCTGAGATCCTGTGTCTGGAGTACTCCAAACCTGAGACCGGTGAGTGTGAGAACGCAGAGGGTGTTTTCTTTATTGGTCTGTAGCCGATT AAATCCTGCACTAAGGTGCTGCCTAATACCCAGTAAACAGGAAGTGCTGATCCAGCTCA[C/G]ATGCTAAGCAGATGCTTCGTAACCTTGATATCACTTCACACATATGTC ACCAGCAGCATTTAAAGATAGTGTTTACAGTTTAACTTCACATCTCAAACCTGTAAACCTGTTTACGTTAACTTGAAGTCATATTTTCTATGTTAATATACCGTCTCCTGTC CCAACCTGATGTGCACTGACAACAAAAACAAGTCAT

LG20	ref-58965_27	32.324	Chr17	10748152	TAAGAAATGGTCACTAACCTTTGACCTTTCTTGCAGCATTGAGCACAGTGCCACAGCTTTACACAAAGACAGGAGGTGAGTTGTATTGAATATAAAATCAATCATTTCATATTGTCCTTCAACGTAAGGATCAAAGGTCACGCTTCTAGTCTCAGGCGGTTTAAATACTCAAGCATTTATTGCACCCCTTGTTTATGGCGAGGTGAGACGGCCGACCAGAATGCTGAGT[C/T]AGTAGTAGAGATTGTTATGCTTGTGCAACCTGAGATTACACACACAGATCCTCATGTGGGAAAGGTGAGCGTGCTGAGTGTGTCTGAGAGAGTGTAGTGTCTTGCTATTCTCCTTGAAATATCGTCTCTTCCCCCAATGCGGCAGTCATTGTGCACCTGGCACGCTGTCCCGATGTCCTGTTTCATATTTATGTGCTGGCCA
LG20	ref-66711	32.8	Chr17	22547600	TCTGTTCAGAGCAGGTTTCAGCTTGTCTGAGGGGAACTGCTAGGGGCTGTTGGAGACATCTGAATCTCTCTCCTTTTCTTCAAAGAGAATGAAAAAGAAAAAGATAAATCATATTTTCTAGGGAAAAATGTGAGTGGTGTGTTGCCCATGCTAAACCTAGCGGGTGTGTTGGGTGGTTGCAAGGGCGTCGCTTACTGCATAAGGCCAAAAGAGACCATGACATTGTTGGGGTCCCTAGATATTAGAAATTTCTGATCAATACCGATAAAATGAATTATTTACATGTTATGGCTGATATAAAATAATGACAGATAATAAATTTCTATACTAATTATGTCTAATTAATAACAAATAATAAAAAATCAATAATG
LG20	ref-49480_31	33.567	Chr15	6584414	ATATCTTCTTAAATGATGACAGAATTTTCATTTTGGGTGAACATAACCTTAAATGTACTAACACCAAAAAATGTACTAATACATGATTAATAACAAACGTTAACATTACAATCTGTTAACATTAGTTAATGAACCTAAACTAACCTGAGCTAGCAAAAGAACAATTTGATTTTTATTTCATTAATGTTAACAAAAATTAGTAAGTTCTGTAGCGAGTGTATTGCTCATTTGTT[A/G]GTTAATATTAGTTGATGCATCAACAAACCGTAACCTAACGTAACCTTTTGTGTTAAATATATTTCATGAGATCATAGCCCCCAGTGGTGAACCATTGAAATTTTCAAACGTTTCGAAACACGTATGACGTAATGAAGCCTCCTTAAATGAAATCATGTGACTTTGGCAGTTTGATACACGCTCCGAACCACTGATTCAAAAACA
LG20	ref-29539	33.839	Chr17	8042732	ATTGTGCATATAGAAGTACCTGCTTTACCATCCATTTTGGGTCCATAATGACAAACTCTGGTCGCAGTTTGCTAATGCGACGGCCCTTGAGAATAGGTACCAGACCTCCCAAGGTGCCAGATAGAGGGTGTAACAGGGGCCCTCTGCCTCTGGGTCTCCTCTGAACGTTTCATAGTGCAGTGCAGCCGTTTCATTCCCTGCTGTGGGATAGCTCACAAAGTCTCTAATGTTGTTCCGATCAGGGATGGGGGGCTTGCAGATGAAAAAGATTATGCATTAATGCATATATTAGCATACATCAAACCTGTGATGATCACTTGCTGCTTCTGTACCTTGATAGTTGGAATGAATGCAGTGGAACGTAGG
LG20	ref-19034	33.965	Chr17	8388467	GCAGAGCAGAAAAAGATGTGGATCTGAGATAGAAAAACAAGACACTATTTTGATAAGCTTTGTTTTTCCATTGCTGGCATGTATTTTGATGAAAAATAAGGCATAGAAAAATACAAAGAAGCTCGTGACAGGTACATTTTTAGCACCACTAGTGTTTTGTTTTTAAGAGGGAGTGCAAATTAAGTAGCTCAGGTTGGAAAAACACGTCTCGAGTCCCCTGCATTTCAGTTCCTCTCTTGCTGTTTTTGAAGTCCAGGATCTGTCATGTGTGAACGACCCCTAATCTGCACATTTTTGTGTGCATTTCAGATTGAAATAATTGTAATGGTGTGTTGTTTTCTGTAAGACCCCCTGTAGTTCTACAGAAGTCTCTTTTGAGTTGGACTCAAATCTCTTTCACCTCCCAATTCTCTCCGCTCTCCTTA
LG20	ref-66826	34.943			AGGAAGCTTTATGCATTAAATTTGGAAGCAGAGCGGCAGAATATCAAGAGTTATTAATACTGACCTAGAAGGGCCAGGATCATATCTCTGCACAGAAAGAGAAAGTCTATCTTTTATTCCCATGATGGAAAGAATCGTGTGCTTCTCTGCTTGGTTACCTGTTTGGAGCCGTCTGGAGTAAAGAGCAGTTCTAAAACTAAACTGTTTGAACGTTTAGCGCACCTGCTGATATATGACTGTGATTTTCTTCAATCTCTCAGACACGCCCTCCTGTCAGTTTGCATGTTTCAAGGTAGATGGCATGGGATTTATTATAGTATTACAGTATTATTATATACTTTTATTATATTATGTCCCGTCACCTATCTGTCTGTCACCTTATCAAGGTGTTTCATTGGCTATAGTCTATAGTCTGTTTATGT
LG20	ref-43986	35.124			TAATTTTCAGTCAGGCCACAGTGAATATCTCTAGGCTTCTTTGTCTGTCTCCATAGTATACTCGTCTTTGATTCTGTTTTTTCATTATTGCATTTTTTTTTTTTCATTCTCTGCAATATCCAGATTTTATTTTGTTCATTTCTGTCAGGATTTAACCGTTTTAGCTTGAGGTTACATGGCAGGACCATCGCTACAACATGCGACACGCATTTTGATTTTATGCCAGCATAAAGATAATATAAAATCCAAATTTTGTTCCTTACAGTTTCTGGACTAAATAAACGACTCATTGGTGCATGTTATTTAAACAAAACTACAAACAGAAATGTAACCTGTTCCACCTCCTATAGCATTCTGATGGATGAAA
LG20	ref-6719	35.414			GAGTTGATTTCCCTGAAAAGTGTTAATGCTTATAAAAGACACTTTAAAGAACCCTTCAAATAGAATTGGACACTGGTAAAAAACATCTACAATAATGCAATCTTTCCATTTTAAATGTTGTTGCAACATTCAAAGAATGTTCTGCACTCTCTGCAGTCAATACTTGACAAGGGAGAAGCATGCTTCTCGAAGCCAGATGGTGTAGTTACGGCCAGAGGGGGCTACAGGGCCATGATAACCAATTCAGTGACAACGTAGGCTCAACAAATGACTGGTATTTGGGGCTGGACTATCTGTTTACCGACCAGTTGGTCAGGAGTATACAAAAGCATATTTTTGTGACCTACTGGTGATAAAATTACACAT
LG20	ref-6384_10	35.727			CGTTGATCC[A/G]CGACCATGGTGCGCTGTAGTCC
LG20	ref-7820_30	36.352			AAAAAGCAGTAGTGTCTGATTCTGTGAGTAAGCACATTAGTTACTGTATTTGAAAAACCAAGAGCGCCTCTTCATCTTAAAAATGGTTTGTAATTGCGCTTCTCTGTGCAAGATGCTGTCCCGACGAAGCCTTGTTCAGCTCTTCTTGCAATATAGCATTACATACAGGCTTGTTGTCATGTGTCTCGACACTAT[A/C]CAGCGCTGGGAGATCCAGAGAGAGTGCCTTTGAATTTGTGCGCAGTATTAATACGAATGTATTAATAGTATATAATATATAATAGATACTATATAATTTAACAGCGGGAAAGATGGCTACATTTGTATAGTGTTGTCATGTCTCGACAGTTAATAAAGCCACAATAAGCTCA
LG20	ref-46520_5	36.621			ATATAAAATATAAATATAATCTACAGAGATGTTTACTTGTCAGTGAGCTTTCGATGTTGTTATTGAAAGGCCAAAGCTGATCAATTTGTTCTTGTGCATGACCTGCGCTGTGCTTGCGACATTCTGAAAAGTTGAGAAGTTTTCATCCTGCTGCACCAGGAAAAATCGAGCAT[C/T]GCACAGCATGTGCATCGTGACCACGTCACCTTCTATTATGACTGCGTTTGCCACGTGCCATACATTTGAAATAAAGTTGACTGGTGTGTTTGTGTTCTATCCTCTGCTGTTCCACATTTGTCAATGCGTCATGTGTGTCAGGTCAGAGATTACTCTTTTGGCGTAAGTCGATTTGCATAGGCTATCTATCGAAAGCTAG

LG20	ref-10447_5	37.007	Chr12	43276256	TTGTGAACAATATTTGAGAGAAATAGGCCTTTTGTGTACATAGAAAAAGTCTTAGATCTTTGAGTTCAGCTTAAGAAAATGGGGGCAAAAAACAAAAGTTGCTATTATAA TTTTGTTTCAGTGAATTAGTCCTTTTGTCCCTAGGCAGTGAACATTTGGCTGGATAAATTAG[C/T]GGCAGGCAGTTCATTCTGTGAACGTAGAGAGGAGCAAGAGAAGCACC CCAGAGCTCACCTTGCCGTCTTTGCCAGAAAAATATATCTTAAATCGTAAGTGACACTATTTGCTAACTTTTACATTAAAAAAAGTCTGCTGATACAGTGGAGGCCGGGGC TAGTTGTTACATAAAGAGGTTGTCCCAAGGGTGTATATA
LG20	ref-53617	37.445	Chr17	29511728	CTTTAGGCTGTAAAATAATGAAGGTACCACTGGAAGTTCTTTGGTAAATGACCTGTAACCTTTATTAGGAGCAAATGATCTTCTAATGTTTAAATATACTGATAGGTGG GAGCGAGAGAAGTCCAGGCATGTTACGGCAGGCCAGTTGTTAGATTCTGGTGTGTAAAGGCATAAAAGAAGTCTAGACCGCAGTGTGTGTATGCGTATGTGAGAGGTTTGC TGAGCTTTCATCTGTTTCTGTGCTATCAGTGCATCAGTACATTAAGTGTGTGAGAGAAGGACAGCTTAATGACTATTGATCATAGCACAGAGGTCAAGATATCAACATTTT GGAAAAGGCAAAATTTTCTGCAGCTCGTGAGGTTTTCTTTAGAGTACAGAGGGGAAAATATTCAATCAATCAGTTCTGTTTTTATCTCCATGAGC
LG20	ref-22293	37.665			GCTTGTGCCTCGAATACAATGCCAAAAACGA
LG20	ref-61616_3	38.598			CA[A/G]TCCCTCTCGAGAGGTTTGCATTGATGTAT
LG20	ref-26341	38.893	Chr14	22073083	AAGCTGTTTTCTCATGGTAAACAAAAATGGTCCCCACAAGGACAAGGATTTTGGATATTGCCATCTTTGTGGAAAGATTTTGTCTATATAACATACCTGAAAGGTATACTT GGAAATTTTCTCTGCATTTAACCCATTAAATGGGGAGCAATTGGGGGTTAGGTGCCTTGCTCAAGGGCACCTCAGTCGGTATTGAGAATTGAACCCGCAACCTTTGAGTT ACAAGTCAGACTCTATAACCATTAGGTCACAACCGCCTAACCGCAATGCACACAGCTTCCAAACTGAAGCAAAGTTTCTCAATCCCATTGCAAGTCAAATGGCCAAACT ATCTTTATCAGCTCAAGCTCAGCAGCAACGCCAAA
LG20	ref-8730_3	39.138			ACATCTCATTTCAAATGTTCTACTTCATTAAAGTTCCAAGGCAGCTCCCTAAGCATAGGGCAACTCAGTGAGTTTATACATGTCCATTGTCTTGTCTTAGGTATCTCTCTGTG GCAAGCAGGGCGGGGCTGAGAGCCGTTGGCATGGAGCGAGGCCGGTGACACTCATTAG[G/T]GATCGCAGCACTGGCCTCGCTCTGTTCTCGCAGGCCGGGGGTACCCT TGAGACTGCTCTACAACCCCCGCCCCCATCTCCCTCTGGGGGGGCCAGTTACGGCCCCCGCAGCACCTGGGGGTAAGGACAGATGAGGCCAGAGACAGACTACTGAAG GGTTGTGCGTTAATAAAAGTTTAAATTTTGTGATGTGTAT
LG20	ref-11273	39.706			GAAGGTGGCCTGGTCTGATGAATCATGTTTTCTTTTACATCACGTGATAGATGGCCCGTGGTGTACGTCGTTACCTGGGGAACACATGGCACCCAGGATGCACTATGGG AAGAAAGCAAGCCGGCGGAGGCAGTGTGATGCTTTGGGCAATGTTCTGCTGGGAATCCTTGGGTCTGACATCCACGTCGATGTTACTTTGACACGTACCACCTACCTAAG CATATTGCATGTACACCCCTTTCATGGAAATGGTATTCTTTGTGACTGTGGCCTCTTCAAATGGTTCAGGAATGGTTTGAGGAGCACAACAACCTTGGCCTCCAAATCCCC AGATCTCAATCCAATCAAGCATCTGTGGGATGTAC
LG20	ref-22669	40.302			ACATCTGTGCAGCCTCAGTGGCACTTTGTAGTGACGCGATGACTGAATCTTGTGCATCAGGTGAATGTTGGTGCCTCAGAAAGCCCTACAGCTGTAACCTTTCTACACATAT TTCGCGCTGGGGGTCTCACCACCCACAGCTACAATCCAAAACATTGGCTCCTGTGCCCTTTCGTAGTGCACTACTGTGCACATCCAAATTTAGAGATTACAGCTCTGCAGTTT GCACGCTACTGCCACAGAAAAACCCCTGAATTTGATTGAAAATACCACATACAGATGCACAATCATCCAGCTTTGATGGAACCTCTGATCAGTTGACCCACACTGATGCA CAGGGTAAAGCCTCCATGGTCAATGTGGGCTTTA
LG20	ref-54867	42.486			TATCTGACATTTTATGTCTCTACCATTTTTCTGTTTTTACATTAAAGGCGTTTTACATTATTTAAGGTGGGGCAGAAATTAATGAATGTTAAAACTCAGCATTTTGTTCGCA TTCCCTCTCTGTACCTCACATAGGCTACTAGAGCAACCACTAATTGGCTGGTCCATTGGCAGATGCTTCAGATTGAGGTTGCTGAGAAAAAATGTCGTTTGTGCACAGA TTTTCTGTAAAGAGGTCTAAATCTTACATCTGCACCTTTGACAGGCAGCTAGACAGTGGCCATTAGCAGCACTAGGGAAAGCATGACCATTATACAGTACATCCCATAAATA CATCTATTTGTCTAGAGATATGTATGCCTCACAA
LG20	ref-62342_28	43.428			TAGGCATATTTCGAACGCAGTGCTGAAA[A/G]CTAG
LG20	ref-62342_15	43.987			GTATGAATGTAAACTGGATGTATACATCCTCCATGTTGGCACTGTGCATGTGACCTAAGGCATCAGTTGCGTTGCTTACCTGGCATTTCATGACTCCTCTCCTATAAAATAATA TACACTACAGAATCAGTAGTAGGTCACTCTGGGTACTTTTCGTCTACTGTTTTATGAATACTACTGTTTTTGCATACTATTTAGAGAAGTAGGCATATTCGAA[C/T]GCAGTGC TGAAAAGTGTATAAAGGAAACAGGAACATGAGAGACAGGAAACAATGAACAAGGCAACAGGAAGTGAAGCAAGAACTTCAACATGAAAGCACATAAAATAATAAA ATAAAAGACCTAATTCAAAAACACGAAGCCAGAACAAAACATAAGTGACAGTAAGCTAGACTGTTTCCTTGAGTGTTTGTGTTAATAATAAATATGTA
LG20	ref-67318	43.996			TATCTTCAGACTCCTTCTCTTATTAAGGCTTGTTTGTGAAATGACGCTTGACGAGTTAAACTAAGCTTATATTTTGTGTTGTTGGAACCTAACTGCTCACTGTGCCAGA GTGCAACGTGAGTTTACAAACCTAGCTCCGCCTTCGCGGCTGACTTAAATGGCTGTTACTAGGGGAACAGCCTAATCGTCACCTGCTTGACGATGCAAGATCCGCCTTAGA TTTGATATCGCCTTCTGATTGGTGCAGAGTTAAACCTTGCGAATGTAAACGTGACTCTAAAATGTGGTGTGAATTTTACACTGTGTGAAATCTGCACTGCAGCGTCAG GAGTGAATCTAGCACGCGCTGCTGCGTCATCAG

LG20	ref-8081_25	44.331			GT TT TGAACATGAAATTAATGCATTTTCAGAAAAATCATATGATGGTTTAGTCTGTT CAGTTATGAACAACAAAACCGTACTCAGGAATCCTCTCCAAATTTAAATGTCTTA ACTTCTTTAAAGAGGCATT CAGTAGTTCTTTAGCTAGCATTGAGTTCTTTAAGGATACCACAACGCTGCACATCTATCGAC[C/G]TGGTTCATTATGATTGCAATTTTTATGT AAAATTACACTAGCTATACAATGTGCATTTTGGGATATCACATAAAAAACGCTGGATGGAAATGCCAAAATGGATGTGCCAAAATTCTAAAAAATGCTCATAAAAAATGCT TAAATGAATCGAAAACATTATTTTATCCGATAAGACAT
LG20	ref-34936	46.81			GAGATCCAGCCGATTGAACTGCTTTTTAATC
LG20	ref-12288	47.687			TGGGTCACTATAGGATGTTAACCTTTTTGATTTTAAGCCACTCTATAGTGACTTCAGCTCTATGTGGCTGGTCTGCTGGAAGATGAATTGTTTCATGCGCTCTGTGCTCTTGG GACTGCAACACTATTTCTGAAGGTTTTTTCTGCATCCATCAATTTTCTCTCTATCTCAATGAATTTTCCAGTCCCTGTTGTAAACAAGCATCCCCGAACACAATGCTGCT TCACCTTGTTTCAAATGTAAC TTATATGTCCTTTCCATT CATGT CAGATTTATGAATAGTGCATGCAATTC AATTTCTGTAGATGGCTTCCTATTTAAAAATCTGTGTTAAAC AGCCTTTTTTCTGACATTTTCTTACAACTTTTCTGGTTTTATTGTTCTTAATTGTTCTGTAGTGTGCCATGGGACTGCTTGAGATAT
LG20	ref-57341	48.983			GGGAGGGGTGCGAGGGGTGTGCCGTTAGTTC
LG20	ref-53370_6	49.444			TGCATTTTAGTCTGGGACTAGGCTTAAGCTTTGTCTGTGAACTGGGATAAATGTAATAAAATCAGAGTAATTTTAGCATTTTGGTGATTCCCTAGTTATGTTTTGTTATTG GCAATTTAATCAGGCTACTTGTCTGATTGGGCAAGTAAAATTCTCTTCACTTGCCCTTC[A/G]AAAAGCATTAAATGTCGAGCCCTGTTATTCCATATATATTGTCTTCAGA TTTGATCAGACTTTAGCAAAAAAAAAAAAAAGGTATGGCTGAATTTTACTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAACAATTCCTCGTGTGCAATGGCAAACTGAAAATTA TTTAATATGCAAACTGTTACCCAATCATTAGA
LG20	ref-21778_4	49.76	Chr17	32905893	GT TAGGCCGGCTTTAGCCACATCTGCGCTCCAGACTGGCCCAGCCATTTCTCTGCAAATTAACGGCTTTATAATTTATCAAAAAATGAAGATGCATGTGGGGCTAAATCAA TGGGCCCCCACAAGGTCAATTAAGAGGTTCACCCAGCGCTTGCC TACCCCTTCGCTATA[C/T]AGCATGGCACCGTCATCGCAGCTCGCACTAAATACGGTACCTCACAG TGCTGTATGTAAACAGTAAGCACCGGAACAGTCGCAGCAATAAACGTTGTACAAC TGTAATGTATGAACTATAAAAATTGACTGTCTGTGCTATTTGCAATGTTGAG CCTCTCTAATAATAGTGTGTATGTAGATTGGCGTGTTCC
LG20	ref-39077	51.371			CATGAATCATGGGATAGTACAGTGTT CATCTTTGCACACTTCAGAATCTCGTCGGAAGAAGTATTTTATCCAACCTCTTTATGAAGAGTATTTATTACACTGTGAACTCG GACATACTCTTTTGTCACTTTTGGTTTTTCGCCTACTATATAGTAGGAAGTATGCGATTTCAGATGTAGCCATCTCGTGAAGTTCTCTAAGCACTTCTCTGGATGAATC CCCGGCGCCATTTTGAAGAGCGTTCAACTTTGTCAAGTGGGCGAGGGAAGTTATTGGACAAACCCTCGATTTTGACAGAAGGAGCAAGTCTACTCAATATGATGGCTGC ATCCAAAAGCTTGAAAAAGCTGCCTTCGGAGGA
LG20	ref-43214	51.543			TAAAACAATTCGATTAACCTGCCAACAACCT
LG20	ref-27081	52.047			AAAAAGTTTTGCAAATATTAATAAGCATATAATATAAAATACATTATAATCATAAAATATCAGTTGGCGCCAATAGCCTTGTTGGGCAGCGCATCGACATTTAGCACAGTTGC GCTTTAGACACCCTTACTGACAATCGTAATTTTGGCTGCGTGAGATTCTCCAGCTTTGTTGTGTTGAGCAACTGTATCGCGAGCTCTTAAAGCTCCGCCCTCTCTGAAAA GCTCATTTGCATTTAAAGGGACACAAAAAAATGGCGTGTTTACACACAAATAGGCTCAAATTTGACAACTATAATAAATGATCAGAGACTTATATTACATCTTGTAAG AGGGGCATTATAGATCCCTTTCAAGAATTTGAAG
LG20	ref-18733_2	53.278	Chr17	33826634	ATTGAAGTTGCACGTATTTGAATGCCTGTGATTTTACCAGGATTGGCCCTGCTGCAGATGCTCAAGTTGCTTAGCAACAGCTTTTAGTGGTCTTCAGGAAATGTTGGCTGA GGGGATTGTTGCTTGACAGTGCTTATAGGGTCTTCTTCACTAAATACCAATAAAGT[A/G]AGCTCATGGCATCACTGTGAGAAGCTCTCGCATGTTCTTATTCATATGGCA AGGGTGATGGGGCTTTTCATGAAATCTGACATTACTGTACTGTGAGCTTACAATGAAAATAGTACTTAAGTAATTTCTGTCTTATCTCAATAGAGCGTTGTGGCAGAAAA CACATTACATAATGGGTGATAAGATTAACCAAAGAT
LG20	ref-59851_28	58.497	Chr20	21312319	CCGTGATTTCTTGAAAAAATGTAATATTGAACTTGCGCATCTCACTCACAATGAACTCTACGCACAAAGAAAAATGACAGCATAGGCTAGGCACAACACGTTAATCAAAC AGCCGCTGTATTTTACTGCGCAGCATTTGGTCAATCTATCAATTAGAGTAACAAATCAACAATGTACATGCACTGAACTCGTAACGC[C/T]CCATGACCCCAAACTGAGGTA CGTACCGAACCATGAAC TTCTGTGTACCATTACACCCTAGAAAAACAATATAGAGATGGCTCAAAAGAAGAAGGAGCTCAGAGATGTACCTGCCCAACACTCTCACAGGA GTAGGAGGAGGTGCGCTGCACCTTGTGCTCGGGCTCTGAG
LG20	ref-32470	58.65	Chr17	35667551	AATTAATTCTCTGACAAGCATCACTGATTGCTAAATCAGTGAGAATGGCATGCGTGATCAAAAGAGAAACAAGAGGAGAGATGTTGAACACATGGACTCAGAGATGT CATTCACTGGGCTCTCACAAC TGCCCTTGAGTCGAGTGGCAGATTCAAGGACGTGAGCGGAATATACATTCAATTCAAACACAACGACATATGCCGACCAATACACAT GCCTAATGCACAGCAGCGCACACTATGCCTCAAAGACATGCTCAAACATACATGCACACATGCACATAGATTAGATTCCAAGACATTTATAATGCACATGCAGATAGATA TTAATTCATGGGCAAAAAC TGGGTTTGTTAAAATAACATCCTTACAAATGTGCTTCTCTATTGAATGAGTGATATACTGTATGCACAAGGAGAATTAAC

LG20	ref-55961	60.627			GATGTAAATTCATTGTTAGTTAATGTTAGTTAAAGGGGCTATATGTAAATATTTAATGTATTTATCTTTTTTTTTTACTGCCAATATTTGAACAACCTTGTCATGAAAAATTTA AAAACGACACCTTCCAGTTTCACAACCTCCTAGGTTGTGTATAAAAGCCTGTAGACTGATTTTTATGCAAAGGACTCGGGTCGTTTTTGTCTGGAAAAATTCAAAAGGATGTG ACGTTTATGAGTCACTTTTCCAATCTATGACAGTTTCCGCGGAATTGGGCTACTTTAACACTGTTGCCACAGGTTGTTTTATGTCCGCGGTTTGAAGCTAGCCCAATAAC ATATTTAGCCCCTGTAATGCGAATTTTACCAG
LG20	ref-26676_17	60.81			GCAACTGATACGAGTG[C/T]TGTGCTAAAGCTGGG
LG20	ref-26676_23	60.81			GCAACTGATACGAGTGCTGTGC[G/T]AAAGCTGGG
LG20	ref-14477	62.143			TTTTCTGTGGTTTTACATCTCCGGCCTCCCACTGCGTCTGAGTCTTTTCCCTTTTTTGCTGTCCACATCTTGCTCTGTCTTCACTTGCTATGGTGTCAAACGTCTAACTGA CAGCTGTCAGCAAGATGATGAAGTTTGCAGGAGGAGCGTTGCTCAGCATTTATCTGCAATGAAAAGTGCGCCACATGCCACACAACAAGACCTGCGAGGCACATGCATC TCTAAAGAGCCGCTCGGCTTTGAATTAGTGTGAGCAGTCAAGTGTATTAAAAATGCTGGGGTTGTTCTCAGGTGAAGATAACATTTGATTTTATGTGCTTTTAAAGCTGAAA GTGGTATTCTTTTCCCATCTTTTGTGTTAGATTCTACTCCAGTATTGAGCAGTTAGCAAATACATTGAGATTCAAAGGTTTGAAACCCCCAGTAA
LG20	ref-59851_8	62.332			TGGTGCG[A/T]TACGAGTTCAGTGCATGTACATTG
LG20	ref-4311_23	62.952			CCCTCCTGTTTGAACCGCCCGCTCTAAGCGGGACTCGAACTGGGACCACCGGGATGTACTGGCCTACGTCCGTTACACTCACCCCCCTAAACCTCACTCCCATCCAGGTC ACGGCACCCTGTAGCCCCTCCTGTTTGAACACCCGCTCTAAGCGGGACTCGAACCCGGGTCGCCAGCATGGGAGTCG[C/T]GCGCTACGTCTATGGCCTACATCATTA CACTCAGCCCAGTTTGGGAACCCTGCTTTAGGTAGTTTTTTTCCCCCTTTTGTAGCTGTTAATCACTTTATGTGTTCCCATTTGATACCGTAATGGAGATCCTTAATGTTT TGTGCCAAAAAACTTTATTTTATTACTTGTAGTG
LG20	ref-65907	63.797			TGAGAGTGACGATCTGCATGCTACTGTCTG
LG20	ref-48970_6	63.85	Chr17	3966262	CATCCGGTCTATGACAGATCTCATTTCTGTCCAGAGGACAGACGGTAACCATATCCACTTGACCTCTGCCATCACTGTCTGAAGATATGACACCATTGTTCTCGCCATAT TCAGTCAATTACCATTGTA AAAAGACAATGACTGTGGGTATTAGAAAGGATTATGGATTTTTTTTTTGTCCACCATGATTGTGTTTTCTTCTTTT[C/T]AGTCGAGCATTGTGCC TGGTGCTGTCGAGCTAATAAACGCCATTTAAATATTCATGCAATGTTTATTACAGTGAACCTCTAATGTCACTCCACAGCAGTCTACTGAACCTCGAACAATCACGAGAAGTG AATAAACAAATTGAACCAAGGTCGTGACCTGCGGTGTATGCAACAGGTTTGGATATAAACATCAGGTCCTGTTTCAGGTGAGCTACAGGTACATCACA
LG20	ref-4187_29	64.867			TATAGTTTTTAAAAATACATTGTATTTCAGTAACAAGTGAACAGAAAGTACAATAATAACAAGTCAGCAGTGCAATTCGCTGTTA[G/T]AACTGCAATAAAACATTAAAAACA ATCAATGTAATAAGAGCTATCGCACATTGACATATCTAAATATTTACAGTTTAAATTCTGTTCTGTGTTTCCAGGAAGTGATCGAAGCTATAGCGGAGTGCGCTTTCAAAAAC GTCTCCTTTCCCTGTATCCTGTCTTTGAGAATCA
LG20	ref-65072	65.747			AACGAACGTTTGTGCTGGTTTTGGTTTTGGAGATATTGAACATTATTTTTTAGTTTGTGTGACGTAACCTTCCATCCATGTTGTTCAAATCACTCCAAACCGGTCCCATTGCTTT GTGCTCAATTTGTGCCCGTTTGTGCCGTTAAATTAACACTGTACCCACTTCCCCTCTTAAGCCTAAAGTATACCTTTTTTACACGTACGCTATCGCTCGACACATGTGCTTTT GAAAGTTTCATCTTTGTCCAGTATCTGTACTATTTTCTCCAAAAGTTTGACCGATAACAATGTCATTGTATTCTTTTAAACTAAAGTTGTGGCTCTCTCATAACCCCTCA CACAAGCGTTGTCAATGTGGGGGTCTGTGTTGTTGTCAGTCTCCGATATTTTTTCACTTTAATTTAGTTTCTACTGTGAAACAATGGCC
LG20	ref-7587	66.463	Chr25	4118087	CTATTGACTCGCAACATAGCACACTGAGGACATCTGCTGGTTAAAGCCGTGTAACCTGCAACAAGAACAGCAAAAAACATGTTGTACACACTTTGAAGCCGCAGCGCGAGC TTACAATAAACAGACCGTTATCGTTCGTTGGTGTGAACGCAAAATATCTTTTGACGCATCGCGTCCACGGCATAGTTATCCTTCTTGGTGTGAACGGGCCTTAAAGGGACA GTTACCCCAAAAATGAAAATTCTGTCATCATTTACTCACCTCGAGTTGTTCCAAGCCTGTACACATTTCTTTCTTCTGCTGAACATAAAGGAAGATATTTTGAAGAATACT AAACTCAGGCTTTATTTTCTTAAAGAAAAATATAAT
LG20	ref-73411	66.666			TGATATATGCCGATGCCGATGCCAATACCGA
LG20	ref-19573_27	67.359			GGTCGCTGACCGACAGTCCTGCATTA[C/T]CATAG
LG20	ref-1129_17	68.195			TAATAATTAACAATAAACTTTTATTAAGTGCTTATTAATAAAATTTTACCTTTTGATTATTTATTTTTGTCTCTAGTAATTATGTGCCTGACTTTTAATTTCCAACCTATTT TGGGTTTATTTAAGCCACTCATATAGTGATTTTTAAACAATAGTTGGGTTAAATAAACTGCCAGCAACTC[A/G]ATCGCTGGGTTTGTCCATTTTCAACCCAACCTGGATT GTTTTTAACCCAGCATTTTTTAGAGTGTGGATATCAAAATATTTGTATTTGAACATGTGCAGTGACTGATTATTATTAACATCAAAGTTTTAGATACATTGTATGTATGTT TAGAAGAAAAATATGACTCGTCATATTTCTTTT
LG20	ref-58745	68.258			TGTTTGTGGACTCTGCTAACGGCGCATCCAACATCTCACAGCTTTTGCCACATGTCCTTTATCACAGCGCATGTGGAGAGAGATTGAGCCTGTTGTGTTGTAAAGTCAA GCGTGGAACGGTCCAGCACATGTGAGAGATGCCAGTAATCATGAGGAACGACTCTCTGTTTCATTAGCGCTGATGTGATCCCTCACACTGCGGAACGCGGGTCTCATGCA GAACTGAACGCTAATAAGCAAAATCAAGGGGATTTTACAGTTTTTATCTTCAGTTCTACAATGTGAACGCAGACTAACCAATCAAAACAAAATTTTATAATACTGTACGA CACAGCATGTGATACTGACCTGCGACACGTCATAG

LG20	ref-1750	68.459			GTTAACATCCCGACATCCATGCTGCTGAGAG
LG20	ref-67003_3	68.741			TTCCTAGATAAACTTTGCATTTCATTCGCAAACTTTTGTTCCTAGAGAGCGTTAGTTTGCAAACTTTTATGTTTCCAGAGAACTTTGTGTTAGTTCGCAAACTTTTGT TTCCTAGAAAACTATGTGATGGAAGTAATATGAGGTCAGAGAAAAAACTTTATATTAATGCTTCTGCATGTGAATTCAAAGTTTCTCA[A/G]GAGAACACGATACTTTTGC AAGAGAACACAAATGTTTACGTGTGAATGCAAAAGTTCTCGGGGGAACAGTACTTATGTGAGAGCACGTAGAAAGTTTGTAGAGTGAATGCGTGAGCATTTTTTGTATCAC CATGACCACCTAGTGGCTCCGTAGTAATTGTTGGTCACTGTCAGTGAGGACAGACGTGTTATTGGCACTGGAAACCTGCTGCATCATGGCTGGTCAGG
LG20	ref-57612	71.001			CTTCAAGCACCGAACCCCTTGCAATAACGCA
LG20	ref-66982	71.209	Chr14	34082897	TATGCCGAAAAATGTGTAAGTTTCCATTTACTAAAAACGAGACTAAAAATGCTCAGACATTTAGTCGACTAAAACTTGACTAAACAAAAATCAGGACAAGGTTGGCTAAACATG ATCAAAACTAAGGGCGCTATTTTAAACGATCTAAGCACATGGTCTGAAGCGCAGGTGCACCTTTTAACAATGCACACACCTCGTTTTCAGACCAGCACGCCCATGGGTGAACA GATGGATGCAAGTGCATTTGATATTTAAACAACATGGCGCAGGACATGAAAATGATAACCGTGTCAGGCTGAATCTAGCAAAAAACACTTGTATCACGCTGGTGCCACA TTGCGGCAGGTGTATGATAGGACCTCAAAGTTACATT
LG20	ref-19020_32	71.315			CTTTTCAAACCTGACCATGACCTGTTTCGCAGAATGTCTAGCTGATGAAAGGATGTCAGATATATTGGGACTGAGACCTTGGCTGCAGTGGAACACAACATATAACAGATGA ATGAACCAATGTGAACAACACGTTTCATCACCAAAGAATGTGTCCCTGCATCTGAGTCATACACGACACCTTCAGTAACACTGCTCAGATTGTGATGCACGACATCTGTGC AGGTACAAC[A/G]ATATTACCTAGAGCTTTTTATTTTCAGTAGAATTGTTACTTCGTATTTTGTATTTTATATATTGAGCCAGCTTCAACATAAACCTTAGAGACATGACAT TTTGACAAGTAGGTCTGGCCAGTGAATGCACCATTGAGCTGTATTCCTCTATTAATTTTGATGAAGTCATATATATGATAATAATAGAAATGAGCCTT
LG20	ref-42031_30	72.025			AAGTGCTCCACGAAGCGCTTGCCCAGGAA[C/T]GG
LG20	ref-52717	75.247			TGACACAATGCGATACATATGCCACAATTCA
LG20	ref-56742_27	77.965			AACTTTTGATGGTTTCAATATTTAGCTTCCAATCATTACGAGCAGTGTTGAATCTTGGCATAAATACTATTCCAACAGGATTCATTTCTAAACGTAGTTGAATTACAAT TTTTAAATAAAAATAGGATGCGTTCCATTTCAAACTAATACCGGTGAGTTTGAGATCACTGTCCTTTGGCAAGTTGTGAGTGTGGAAGATACAACGATCCCATTGCTCT GT[G/T]TGTTTGCATCATGAAATCCATTGAAATAGGCTTTTTTGTTTATTTTGTTCGCAATGGGTATAATTAACATCTGGATGCTTCCTTGTTAATATTCTTTTCATAG AAATGGCTAGTTTACATAGTTTGTCTAGCTTTGTATATTAACAACTGTCAGAAATTAACCTCTTAAACTCTTGCTGCATATTTGGATTTCGATTA
LG20	ref-22317	78.929			TCGCTGACACTGCATTTACAACCTCCGCATGCACCGCCTCTATGTGCTTTATCTTATCCGTTACTGGGAAGATTCTGTAAGTAAATGTAGGCAAAAGCTATTCTTGTATTAG CTTTTTGAGAACATAAAACACGGTACATCAGCAGAAAGGGGCTGATTTATGCGTTTAAATGTATTGCGCAAATGTTTCGTACAGTCTTGCTGCTTACATGCCCATTAATAATC ACTGTTTGTGTTTATTACGTATATCGCATCCACTATCATTACACCGGTATTACAGTGCAGTTGTACTCACTGCAGAGTCAAATGACGTCCAGCTCCTCTCTCTGGACGTC TAATGGGGTGGAGAGATAGAGTTGTGGGTAG
LG20	ref-37064	87.099			CCCCCTTGGCGACGGCCTGCATTGTCATC
LG20	ref-1857_18	87.799			TAAACAGAATCGAAATG[C/T]GTGCATCGTATCGA
LG20	ref-39243_18	89.856			GACGGACTGGAGCCGAAAGTTAGATTCTCTGAGTTTGGGTTTCTGGAATTATGTTTTGAAAGAATCATCTGAACGATTTCATTTGTCTGGTTCATCCATGGTTCCTACACCCT GATAAGCATGTTGGTGAGGTTAGGCCCTTGAAGTAACTGACCATTCAAAGAAAAATCCTTGGAAGATGCATTAC[A/G]GTCGAAGACAACACAGATTTTCTTCTTCTGTA TGATAAAACCCCGTGGTGAGGAATGTACCACACCTTTCCATCACACCGGTGCAAAATCTCGTCAGGTATTTTCTCAGCATAACCTTCTCAATGATGTTGTTTCATAAATCTGG TGTAGTCTCATGGAACCTCAGGATTCCTTTGAGTCT
LG20	ref-73459	90.321			CGCATTA AACGAAGCTGCTGCAATCATTTG
LG20	ref-27147	90.34			ATAATTGGGGCGACCACATTGCAAAACAGAA
LG20	ref-35379	91.968			ACCAAACATGCGATAAAGCTGCCTCAAAACT
LG20	ref-42331	99.26	Chr17	103865	TTGATCATAGTTTTATCACATGACTGGTTTGAAGGGAAGTGGGTACGGCTAATAAAGTTTTGAAGCCATATAATCAGACTTTTTCTTTAGTTGAGTGGGTGTGTTTTGTATT CCAGATGTGGTAAATGGAGCTCTGAATAGGTTTAAACAGGTAGAACCCCAACAAATACCCCTCAGTCTGATGGAGCAGGTGGGTAATGTTCTCATCAGACTTCACTGC AGCTTGAGTTTCTGATCTGATCTTCACATCCTTAATGAACATGCTTCTTTGAGTTTGAGATGGCTTTGAGTGTGCCCACTTCGTGCGTCATGCTCCACTTGTCTGTTTTT CTCGTGACACGGCATGGATAAATACAGTTTCTCTTTCGGCGCTTACGAGAATGTTTCTTCTACTTTTGTTAAATGATTCTGCTCTATTCTCAG
LG21	ref-18237_4	0			GTG[A/G]AGTGTGCGATAAAGCTGCATTATGCCTG
LG21	ref-18237_8	0.745			GTGGAGT[C/G]TGCGATAAAGCTGCATTATGCCTG
LG21	ref-25453	1.004			TACGCAAGAACGAAACAAATGCAAAAGAATG

LG21	ref-40085	1.873			CCATTATTGACGAGATAATTGCAAACTATCG
LG21	ref-19590	3.376	Chr25	23376009	AGGTCTTGTGTGACGAACAAATGACTTAAAAATGCAAAGCGACCTGCTGTGATGACTGCAAGGAAAAATACATGCTCGTGTAAAGATACAAAGTCATGGTAGCACACCCACA ACGGAAAAGGACAGTATTTCTTTGTTTTGACAAGTACGTAAAAAGGATAAAGTGTGAATCACATTTTACAGAATTCTGAGAAAACATTTGTGGTGTTCGAAGAATTG TGAATGCATGGCTCAAGAAAATTGAAGTAGTCCTATAATTTATGATAATAAGACATCACATGTAAGAAGTTACAGGTTACCTTGGAGTGTGTAATCCATTTAAATCTGTT GCAGATTTAGTATAAACAAACCAAGGGTACGTTTACACGACAACGATGCACAGATGACACTTCTGTCAAAACGATCCGCAAAAATGGCTAAAAACGCTG
LG21	ref-62163_5	4.162			ACAGAAACATTGTTTTCATTTTATTATTCTGTTTTTCTAATTAATTTAATTAATAAAGCTTTTTCCCTTTTGAGTTAAGCTATGGTTGTGTGTGTCCTTTTTGTTGCTTCCCT CTGAGCCAAGGGTTGTAAACAGCACAAATTAGTTCGTGGACAACCTCTGTGGCCCTAACAA[A/C]TGCAGGCAGAAAGTTCGTGAATGGCCTCTGTGGCCATAGCATGACAAGC AGAGAGTTCGGGAATGGCCTCCGTGGCCATGACATGAAAGTTATTATTAATTTTTGTAATCTTTTTATTTATTTGATGGTATTGTACAACACTGAGGTCAAGTATGTTGTT TTATTATGTTGTTTATTATAAAATAAATTTGGAT
LG21	ref-40377_5	4.722			NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCTCATGTGCCTTGAGCAGGGAGAAAGCTCCCTCGAGAAACATTTAGAAAAATTTATGGATCTTGCCCATCAGACCACCTTTTCGGACTCA ATGCCGCCACATGTGCACAGCTGTCCAGGGAGGGTCCCCGAGGGAGCTTCGCTTCCTATGTGGAGTGGGTGCTGGCATCCTGCGGATCAGCATT[C/T]ATCGTCGAGGTTGC TGCCAGCCCCACTCCCCATCCAGTGCCAGCCAGAACCATCCAGACGTCGAGGATGAACAACCTGAGGCCACCGCAGGTAGTGCGATGGAGACCGCGCGACTGATGTGC CCACTAGAGCGATCGGGGGTTACATCGCCATGGAGCCTGAGCAGCATGCACCTGACCAGGTGTGTGAGCCGGCCGAGCCATCCATCGCCGAGGGAGAGTTGGT
LG21	ref-2445	5.46			TGGGATGATGCGACCCCTTTGCTTTGCCAAG
LG21	ref-35873	6.236			ATAATAGAGGCTATTTACACTAACTCAGCCCACCACTGTCTGGTTGGGCCAGACAAAAGTACAAAAAAAACACCTGTGACCTGAAGTAAGGCGCGTTGCAGATACTTTT GACGACCCGAGTTCGAATCCTCCTTTAGCAGAACTCATTCTTCTCCCTTTTACATCGCAAATCAGATTGGAAAGGCATCGATTTTCAATAAATATTCAGACAATATGTGAA AAGTGGAATTAAAGTGCTAACGGTTATTTAATAATAAAGTGTTATTGGTAGGGTTAGGGGTAAGTGTAGGAAAGGCTTTATTGTCCCAATAATGCTGCATATTTTAA ACAACACTCAATATGTTATTATTGCATACTGTTTTA
LG21	ref-37999	6.318			ATGAAGCAGGCGATGACGCTGCTGAACAGCT
LG21	ref-47416	7.306			TTGCTTTGAACGAACCTTTATGCGGCTATTAG
LG21	ref-66546_2	7.801			AGCAGAAAGCTGATGCCTGGTTATGGACAGCTAGCAGAGCGGAAAGTGTTCTGTATGCCTGGCATCCTGCTCTCTCGCCAACTGCCCTCCAAATAGTTAGTTGGAGGCAAT GGTGTAGACATGATTATGTCCGGTATAGAGCCTGGTAGATGTGAGATGAGGTGGAAAGA[A/G]TACAGAGAGCAACCCACTCGTTCATTGTACCCCTCCCTAATTGATCA GACTGGGGATTAAAGCAGGGGTATACTGCCTTGTGGATATCTTACAAGTATAGAGCTTGGCAGGTGAGAGCTGAAGTGGAACCGAGTTGCAAGAGGTGTTACCTTGCACAC TCCCTTTGGTAGGGCAGCACCTTAAGATCTTTACAGGTAAG
LG21	ref-54498_3	8.058			CT[C/T]GACACGACGATCCATTTGCTCAGATGGAA
LG21	ref-18996	8.495			TGCCGTCAAAAAGATGAAGAACAGAAAGGCCCAAGGACCCGATGACATTTCCACCAAGGCGTGGAAGCTACTTGGATGCTGAGGCGCTAAGGTCCTCGCTCTACTGTCCA ACAAGATCATCGACAAGGGCACCACTCCCTCAGCGTACGCTGCTAGCATTACAGTCTGATCTAGAAAGGCAAAAGCATCGTTGGCAAATGCAACACCTGCCGACCGATC CGCTGCCGTGCCATGAAGATATTGAGTGTGTAATTGATGCCCATCTCTGGAAGATCATCTCCATCAGCCCCAATTAGTGTGGATTGTAGAGGAAGCGGGACTACTGA TGCTATTACGCCATGAGGCTGCTGCTGGAGAGGCACC
LG21	ref-73419_32	8.704			GGGATGCGCACGACAGTGGTGCCGCTTTCTG[A/C]
LG21	ref-55014	9.261			ATATACATCATGAGTCTCACCTGGATCAAGGGAGAGCATCATGTCTATTTACAGCTGAGTGGTGTGAGAAGTGAGACTGCTCTTCCTCAATGAACGCAGCTTGTGGGGGCAG GACAACATATACAGAGATCCAGCATAATAAACAGAAAGCATATGTCATGTTCCGCTGAGCATAAGTGAGCATTGAATTCGCCTTTAAAGTAAGCGTATACCGTTCTCAATG AACGCAGCTTGCAAGGGCTGGCAAGCGACGCGCTGAGAGGCTTGACATTTTAAAGAAAACCAATAAAATATGCTCTTTCGCTTCTCATTGTGAGAACGCTCATTCTCAATG TACGCAGCTTGCGGGACGAAACCGGAAAGCGACGCG
LG21	ref-28577_23	9.526			ATGGCCTTTAAAGACATCTCCATTAAGACATCTGTGAGGTGGCCGGCTGGTCCTCACTGTCCACGTTTGTGAGGTTCTATAACTTGGACGTTCCGGCGTTGCACGCCCGGG TCCTTTTCAGTGTGATTTGACGGCCTCTACGTAGCCCGTCGGTCGTGTTATCTCATGGGAGCCAGCTCCCTCTTAGAATGTGTAACCATGAGGGTACGACGGCTTTGC[A/ C]TACCTACTTCGGTGCCTAAGATAGGTTACGTCAATCCCTCCCATGGCAGAGTGTGATTGTATTTCCTCCCATATGCAGTATGAGTGAAGTATCGAAAGGGAATGTACTC GGTTACATATGTAACCTCGGTTCCCTGAGATACGGGAATGAGTACTGCGTTTGTGCGGTGCCATGGAGCTGTACGACTCAGTGTGCTGCTTCAATCA
LG21	ref-28577_25	9.655			CATGAGGGTACGACGGCTTTGCAT[A/T]CCTACTT
LG21	ref-47593	9.968			ATCCCTGAATCGAAGGTTTTGCCGCACAAAA

LG21	ref-53397_29	10.51	TTCATTTGCGAGTGATATTTTTGCTGAGGTCGCCATTGGTGAGGTTATATTTGCGTGTTGCAGTAGCCTATCACATCATTGCTGTGTTGATGTAATTAACAAGATGCTGTG TGTGAAAGTTTCACTGAGTTAGAGCGGCGAAATATGAACAGGTAGGGAAAAATTTACACACCAAACAGACACCAAAGAACTAGAGCTGATGAAAGCCGACTGTGTTGC CGCCTC[A/G]CATCGCGATACTCCCTAATGTGATCATTATTAATTTTCATTAATAAAATGTGAGCGCTGCATGTTTTAAAGTCAACAGATGGCGCTGTCGCGCGTTCTTCAGA GCAGCTCGCATTCAATGATTAGCACACATTTGTCAACCGATTGCTTATGAACTAATGCTGATCAGTTATCACAAAAGTTTACTTTATATTATTTATATTATA
LG21	ref-61786	10.623	TGTCGACTTGTGACTGTACACAGTGAATCAGGATTACTTTGTGTATTTATTTGATATGACACTGTGTTAAAGGTACATGGAAAAGGCATCTGTGGAACATCAACATGGGCT GCAGCCAGGAAGACCTCTAAGAAGACAAAACCCAAATGTGATGAAGAAGGTCTAGAGGTGGCAGTTTGCAGACACTGCGTATTGCTTAGAGGTCTGAACATGTTTAAGGG GTAGATATTTGCGTACCCTCTGATTTTGCAAAACGAGCTGGCCACAAAAACAAAAGTCAAGTTCCTCTGCAATGACATCATGTGTCAATATTGGCCCTATCTGCAAAAG GTGGCTCAAGCATTCCCAGAAATGAAAACTTGACT
LG21	ref-19712	10.79	ACCTTAGATCTCGTAGGTGTCTGATCCACTACGAGAAGAGAGAACTGTCTGACTTGCCCTGCACTTTTTTCATTCTCTCTCTCACTGCAGCTGCCCCACTCTTGCCCTAGGTCTCA GGCGGGGCGAGGCGCATCTCAAATGAGCCTAATTTCTCTCGAGAGGCTGTGCGGGCCTCAACAGTGCAACAGAGTCGTTTCATTTTGGTGATTCCCTAGTTATTTATTGTTT TTGACGCTTAGTCAGGCTTCTTGCTGTTCGAGCAAGTAAAAATTCATTTTCATTGTCTTCAGTATTTATTCAATAAACATTGAATAGCAGTATTAGCAGTACTGGAGGGAG GGCAATCCACACAAAAAATGGGTGCGATCATC
LG21	ref-41680_26	11.239	TACTTACAAGCGATGCTGTTGCAAG[A/G]TTAAAG
LG21	ref-41680_30	11.239	TACTTACAAGCGATGCTGTTGCAAGGTTA[A/C]AG
LG21	ref-54696	11.487	GTCTTCTGCCTCTCTGGGCCAGACACCCAGAAGTGGTCAATCCGCTTTTGTCTCTCTGGAGTCGTTACTATCTCGTTGGACGAAAAGTGAATGTAGTGTTTGTAAATGTCTC TTTTCTTACAGGCTGGAGGCCCAGAACGTGGTTGTATCTGTTGCTGCCTCACAAAGCTGTAGACTCCGATCATGGGATCTGTAGTTGTCTCTCTGGACGAGCCAGAGGCTCA GAATGTTACAATGTATCAGCTTCACATGCTAGGACTCAGAACGGCATATCTGTTATGTCTACCCGATGGGAGACTCTGAGTGTCTGTTGAAAGGGTACCTTTATCCCTTTC CGATGAGGAGGAGATTGCAATTTGGCGCTTCTCCATTCAAGTGCTGTGATTGGCTGCTGGCATCACTTTCCAATCCACGCGTGCTGTCCGAGGA
LG21	ref-70309_30	11.578	TCATCCCTCATGTGGCTGACTTTTTGAGCTCACACAACCAGTAGAGTACAAATAACTTTATTGCGATAACTTTGCAATTACCAGATGTTTTAGTTTTGTGCAACAAATAT TTTATTTCCAGAAATAAAAACATTTCATTTTCTCCATTGGAAAAATTGATTTTGAAAGGTAACCTAGAAACCTTTAAAGACAGACCTACTGTGAGCTACGATGTTGTGCGGG CTGA[C/T]GGCTTCAGCAGTAGCAAATACCATCGCTTATTTTCAGATCATTTTTAAATAATTGTGTTTAACAGTGAATTTCTGGTGGAACACTACATTACGTGCTGAAATT ACACCAATCAGAGTAAAAAAAAAAAAAGCAACATGCTCCATAATAGGTCTTTAGATCCACCCACTCCAATGAAGCACTGTCATTGTATGACGTAATT
LG21	ref-15435	11.595	GTTTCCCGTCGACCATCGTGCAGCTCTTCT
LG21	ref-73419_28	11.979	CCAGACAGTAAATACTCAGTAAAGTTAGCGTCAGGGTGGTAAGACAATTTGGCAGACAGACGAGAAATATTCACAGGAGTCGACAAGTAATTTTTTAATTTTTATTTGT GATCTTTTAACAGGGCATATGATGCGGGAATGAGCCCTCCACAGTAATTGCAGATGTTCAGAAAGCGGCACCACTGTCGTGCGCAT[C/T]CCCACGAGTTGAAGTTAATG CAAAGTTGATCGCGGGAGTTGAACGTGATTTTCTTAAATCCCTTGTGTAAGCGTCGAAATTTGCTGGTTCGTGGGACGTAAGTAGTCAATCTTCTGTGATGGAAGTGGGC AAGGGGAATATATGATATGGTGGAGTGAGCGAGTGATCTG
LG21	ref-19546_1	12.125	TTGTATTGCTTCTTAGACAAGTGAATAAATTACAATAAATTAAACAATGAGCATCTCTTCTCATCCTGGATTATTCATCTCTCTTCCACCCTCTTTGATGTTTGTGTTTTTTCAG TACCCGATGTTTCAGGAGGTCTGATGAGAGGGGGCTTATAATAGAGATGTGCATGT[A/C]CAGTAGGCTGCATCACGGTCGTCCAAACACTTTAATATCAGAGACGTGATAA ACAACACATAAACACAGATGCATTCCAGAACATGACTGTGAGAAAGTGAAGTTTGTGAGACAGTTCCATGTATTATTGAGGACTTCAATCCATATTTTCATTCCCTCATC CTGTTTATGTGTTTTTCACTTCTGCAATTGCATGTA
LG21	ref-51093	12.451	TGATAACATTGCAAGCGGGTGCAGTTACTAG
LG21	ref-11467_8	12.526	CACAGGATCCCAACCTCTCGCCGCCCATTTGGCTTGATGGGAGGCCATACCAGGAGTGCAGATAGGGTCTGAACACGATCAAATGAGGCTACTCACTCTAGTTTCTCAG ACCCCCCTGAGACAACCCCATCCCTTTCCCCCTGAGACAGAAGGGGATGCGGATCCTGAACTACCTTGATGATTGGCTTGTTATGGCCAGTCGAG[C/T]GACGACCTATGT GCACACAGGTCTCTGCTCCTCAGACACTTAGAATCAACCTGACAAAGAGCTTACTTTACCCAGCCAGTGAATATCCTTGTGTGTGCAGTATTAGACTCTACTTAGATGTG AGCCTGGCTGTTGGAGCGCTTGTGAAAATTCAGGTACTCGTGAAATCTTCAAAGCCAGGGGGCCTTTGTCCCCTCAAGGTGTTTGGGAGATTGCTGGG
LG21	ref-64041	12.783	TGACGGGTCCCGAAGCAGGTGCGTATATATG
LG21	ref-14713_30	13.233	GAATGACAAGTGAACCAAGGGGGAAGTCTGGGATGTGGTAACCCAGTGGAGCCGAAAGGCCGAGGGTTTCTGGTAGAGCTGAAGGTGGGAGGAGCCAAGGTGGAGCTGA CAGGTTGACAGGCCTAGACGGAGCAAGACGATCTGAGGCTGGAGGCAGAGCCACTGGATCTATCCACTCAGGCACTGATAGTGATTGTAGGACCTGAGGCTCGACATGAC TGCTTGCGAT[C/T]GTAGGAGATGGTGAAGGGCTGACAACCTCCAGCAGAGACGGGGCTGGAGGACTGGCTGAGCAGGGCGGTGATGGAGGCAGATGAAGGCTAGACAG GATTGAAGGTAACACAACATTGTCCATGCAGGTGTTTGTGCTGTCTAAAATCAGCGATGAAGGTTCAGAAGGAACAAATAGAAGTTCAAACAATCCATGGTGCTGTC

LG21	ref-58175	13.485			TTTGTCTCAGCCTGTTGTCCTACAACCTCAATCCGAAGTGAATAATTCCACTTTTGAGTGGCGATGATGGCTTTTAGAAGTGTTGCCTACTATGAGTACGGCTAAGCTTCC ATCTAAGCTTCCTTTTTTACATGGCTTTCTGTAATGCGGCTTCTGCCTTGCACACTATGACGATTTTGCAAGCCTATCAAGCTCATTTCAGAGGGACTTGAATGAAGGCAC AGCAGTGGATGCCGAGGCTGTTGGTGCTGTAGACTTGGCACTGAGGGCTACCAAGCGCGTAGCTTGAAGAATGATCGTCGATCCTGTTCACTGCCTTGTGGTTCGTA
LG21	ref-34492	13.684			TACATCTACACGAACCAATTGCCGTGCAGTT
LG21	ref-55123_7	13.794			TTCCCC[A/G]GTCCGAAGCCTCTGCAGCAGCAGCA
LG21	ref-49051	14.592			TCGGTCTTAAAGGGACAGTAGCCTAATTAATATTGTGCTGTCATTAATGTTAATAAAACAACAAAAGATGTTAAATAAATGTATACATGGTAAATAAACCTACTGTATCT GAAAAACAAGTTTATTTAATTTGTATCTTGTGAAGTAATGTTGTTTCATTAAAGGTATCTTCATTGTGCATTCTGCTCTTTTTGGATCGTTTATACATGCTAAGTGTGACAA TATCCTATATTTCTCATTCACTTCTTATCATGTGCTGATATAACACTGTTTTAAAGAAATATACGATTTTCATGAGATGTGAAAACACTTTCATTCTCCAAAGCACAAGAGT ATATGATTAAATAGAGAGAGTCACTTTGC
LG21	ref-10754	14.633			TGTTAACATGTTGCTAAGCTAAATACTTGAGACTCAAATACACATAATACAATACATAGCACACACATTTGGTAAAAATATTATGAACCTACTCTTTTTACACACTTCGGCTC TGCTTGATCTGCTATCTTGGATTGGGTTTTTCCACCGATCTTGTCTCAGTGATTCTGGGATTTTGGGCATCATGTGCGTAGCAAAGTGGTGTGGAAGTTATTATTAACAAT TCTAATATTTTGGGTTTGCCAATTATATCTGTATGTCATATCCGTTGTGAAAATAAACAATTCTAACACTTTGGGTATGCCAGTTATATCTGTATGTCATATCCGTTGTGAAA AAGAAGTGTCTCAGTAGTATATTTTTTAAA
LG21	ref-72476	16.129			CCATACTCCACGAGAGGCCTGCTTTAAGGCC
LG21	ref-21483	17.025	Chr17	22664820	AACGTGCAAAGACTTAAAGTCAAAACGGCCTTTACAAAAAAGGTAAAAACAACAATGTCGGATGATTTTGAAGTAGGAGAAAAATGAGATTGAGTTTATAGCCCTACCGC AGTACTTCCGCCTATGTACGTGTGATCTTTCCAACATGATTATGTATGTGTGGAGCAGTGCATACGCGCATACGCATCGCAGAGCAGTGCAAGACGAGTATTGAGATTA GTGTGGTCAAAAAGTATATCAATTTTAATTTTTTTTTTAGAAAAAGTACTGATCATTCTTAGATAAGACCCTTATTCCTCGGCTGGGATTGTGTAGAGCCCTTTGAAGCTC CATTGAAACTGCAATTTGGACCTTCAACCCATTGG
LG21	ref-68044_23	19.569			AGCTGGACATCGATGTTGGTGC[C/T]GTGAAGGAC
LG21	ref-48774	19.977			CTGTTGTTTCTTAGCCCCAGGCAGATCTATGCTTATGTGTTAGCCTTATAGGCCCGCAGCTATAGTTGGCTGGGCTAGAACTAGGGTTTAGGCGATCTGCTAGTAGCATTT TACGCCCTTTTTATACTACCCCTGTTATGTGAGTGTAGTTTTTCCCTAGTTCTGGCCTCCTCTTATCAGAGTTGTGACGGCCAAGGCCGATTGTCCCTTCGGTGTAGGTGCAAA ATAGATAGCAGCTAAGGTAGCAGACTATTGCTAAGTCCCCCTGGTGCCGTTGTACAGGCGGTGTAGGCCCTTTTCACTATGTGAATAGAAACTTTTTGCTGTGGCCCTG CTCCCCAGAACTATCTAGTGGTACTTTGACTTCAGTTTTTCCCCTGAATCCCTGAACTATGTTCAAGCTTGAGTGATATAGTTGTAGCTTT
LG21	ref-26681	21.906	Chr5	13494938	GCCTCAACAAGTCATGTGACTAAAGCATTGGCTCAGATGATTGGCTACTACTGAACACCCTTGCAACCACATATCAATGCCATAGCAACTAAGCAGAACACTTTAGAAACT GCATATCAACGCCCTTGGAACCCAAACAACCACATAGAAACACCCAAACAACAATCAAGAACACCCTAGCAACCACCTCGAACACTCTAGTGAGTAGCTAACAAACCATCC ATTTACATTTATGCATTTGGCAGACGCTTTTATCCAAAGCGACTTACATTGCATTATACTATACATTTGTATCTGAGTATGTGCAATCCCTGGGATCAAACCCACAACCTTG GCATTGCTAGTGCCATGCTCTAACCCTGAGCTACA
LG21	ref-1993	24.109			AAGTTTCCCCGCGACTTTCCTCAATGATTAAACTCTTTAAACTGTAGCACTGATGTGAAAGGTGTGAGCTCTTGCTCAAGGTGGAGCTGACTGCTGTCACCAGAGTTAAATC TTTCTGTTCCGCCTCTTCTTTATTTGGCTGAACGGAACGGGCGTTGCAAAACTCATCGCTTCTATAATCGCATCGCTTCACTCCATCACCAAAACCTAACGACTGCTATTCCGC CCCCCTCAGTCCAAACAGGAAGTTATAATGTCCACTATTTTAAACAGGCCACTGTAGAACTTCATACTTCACACACGTTATTTTTTTTCTTCATCTTTTGGCAACACCCGTAT ATA
LG21	ref-14704	24.856			TTGCCTCAGCCTGCTTCTGGACAGCTGAGAACTTTGGCCTGGTAGACTTGCAGGGTGGCCACAGCATGCAGGGCAGAGGAGTGGGAGGTCCACGGGAATATGTCCGGCAG AGAAGCTCCCCTGTAATCCTTGGTCGGCTCTGATTTTACACACAAATGGTGGCTGGTCAACAGCAGAGGAGCTCAAGCCTTTATGAGAAAGGTGAGATGCGAACAGCGT GCCGACATGGAACCAACCAACACCGTCTCATCATGCGTATGCCAGGCGTGTGAGATAGCAATCACGGCCATCAGATGAGGACAGATAATGGCCGCATTCAGAAATG CATCCAGAAATGCTTGCTCTTTTATGAAAAATGCTCTCTTAGTGCTGAAGCAGACAGGGACAGTCGCTGCACGGCATGCAAGACCCACTTCAGGCAGTCT
LG21	ref-46221	26.084			ATGCAATGTCTGCATTATTCGATTCTCAATGAAAAACAAATGCTAACTGATAGCTAAATGGGCTGGTCATGATTTATGGGGCTGCGCCTTCTGCTCCGTTCAATCCA CACGAATTATTCGATTATTGATTATTCTACTGATTTATTAGTGTGTTAGGTTTACAACATAGTTGCAAAAAAGTCGCATTGCAGCAGTCTGATTTAAATAGGGATATAA AGGTCATGGGAATTTTAAAGGGGATTTTAAATTGTTTTCCAGGCATGTAAAGGTCATCAAAATAAATTTAATATTTGAAAGGATTGGAATTTATTTAGCGATTATATATT GTCTATCTCTGCTCTGCTCTGCTCTTAAATAA

LG21	ref-58156_18	26.65			AAATGTCCTTTGAGATGTGATGGAAATGACATTTGTACAGACAAATAGAGCGTGCAGGTATGACGTCAGAACCCGAAAAAGTAATTCGCCACTGGTTTTTTCAAGATTTTC CTATGGGGTTTTATGCTGCC TTCACGTGCTATCGGAAATTTGATAATTC CCACTTCTGAAGTCGTGATGCAAGCT[C/T]ATCGCATTCAAGTTTCAAATGGAAGGGCGTTCA TGTGCAATTTCTACGTAGGAAACTCGTATTTACAATAATTCCGAGAGCACGTAGTAAAAAGCAGCATTACAAAGGGAGTTTTATCAATTTATTAATAAAATAAAGCCTGTG GTAAACATAACTTGACGATACTTTGACGTTTTGTCTAC
LG21	ref-9004	27.563	Chr25	12299241	TGAATTGTGATTGCATTATTCAACATTTTCTATCGCATTTCTCCTTCTTTTGTGTTCTTATTATGCGTCGCGTTGACCTGTCCCCATCGCAAATGATCCACATTGCTCCGGGTA TGAGAGAATTAATTAGATAAAGAGAGAGAAGAATAAAACATTTACCACAACAAAATTGGTTGCCGACAGAGATGTTATGCCATGCTCTTTCAGTCCGACCTCGTCGCGA GCTTTAATAGCTGTCATTGTTGTGGCTGTTAGAAAGAGACAGTGTGTCTTTCATTGCAGTCTTTATCGCTCTGGTTTAAAAGGTGTTACTGAACCCGAACCATCCATCATGG GCACGCTTTGTAAAACATGGGATATCTGTGTGTTGTCAATTGAAAACCTGTGCTTCTCTCCAACCTATAGTGACTTATTAGAAGGAACATTAA
LG21	ref-17802	28.091	Chr25	18503481	GTAGCGGTAGCATAGGCCACATGTGTTTTGCAAAGGCCAAATTGACATAAGGGTTTCATCATATCTGCCTCTTAATGTCAGGAAGGACGGCTCATGCCAGCTACTGATA ATAAGCCATTTGAACTATGTGTTAATGTCTTCCAAGATACTAAAGCCCTGTTTCCACCTGGTATTAAGATGCGTTGTGATTGATCGGATCACAAGTAGACGAGGGAGACGC ATTCTGTCCACACCTGGTGTTTTAATCTCTTTTGACCATTTCTGTCTGATTCTTCAAGGGGAGGTGCCTAAAGGTGGGTAATTGAATGGGCTTTTTCAGATCTTTCCATC TAATAGACGAAATAAGCTTACGCAATTTACATATGAACCCAACCGGAGACAATGGAACATAAGGAGAGCAGGCAGTCTTTTGAAC TTCGATCAC
LG21	ref-13634	29.449	Chr25	14150388	CACACATGCAAACGTACACACACAGGCTCATATTGCATTCCGCCAGTCTATATTAGATATTGGGGCCGCTGGGAAATATAAAACACCATCTTGAGTTTTAATCATGGTT TATAACAAGACCAAAATTCAAAGCATGACAGAGTGATGGATTTCA GTTCAACACCCAAGTTCAAACCTGCGCCAGCTTCGATCGAATAGGTTGAGCTCTTTAGTTGAGGT ACACTTTCAAGTGCAATATAATGACTATTGATTATTGAGACAGTGGATACCAGCTGCGCTGGCCGGCCCTCGGAGCCCTGCGGAATTGTTTGTTATGTATAAGAGTCCTT AATTGGGTGAAAAATGTCTATTTCATCTTTAGCTCCG
LG21	ref-20288	29.722			GTGATGGCCACGAGATGTGTGCAGTGTGCTC
LG21	ref-30382	29.803	Chr25	14147646	AATCTATCGAAATCCATTGGGTTTTGTTTGTACGTGCGCCAGCCACCATGCCTGTATGTTTAAAACAAGCACTGTAGTTATGTATGTAATGTACATCCCATTTAATGCC ACCCGTTGGTTACCATGGTTCCCAAATCCGCACAATAATTGGCTTAAGGGATGTGAGTTTGCCTTGTGCGCACTTGTGCGGGTTGAGAAGCCAAGGAGGTCTTGAGCCTG GCTTATTATCGACTTGGTAAACATTTGAAATGGCGCAGATTTCAAAGAGCACTCAAATATTGTGTGAATTATGGGAAGGTATGCATGCACACATGCAAACGTACACACAC ACAGGCTCATATTGCATTCCGCCAGTCTATATTAG
LG21	ref-17195	30.162	Chr25	13714437	CAACTTGATGTCAGTGTGAGGTGCTCTCAGTGTACTAAACTCCTGAACCCTGCGATTAACATCACTGAGCGCGCTCACA AATTCACTCAGAGGGGCTTAGGGGGCG AGACCCCCCGCATTCTTAAGACGCTTCAATTGCGTAACGTGTGGAGCCGTAAATGTTGCGTCACAGAGTGCAGTTGAGTGGAAGAGCCTTTTGGTGCAACATCTAGTCAA ATAAGAAGATGCCTCGATGGCAAGAATCCATTGATAAAATGATAGAAATTAGTATCAGAATATTTCAATATCATAATATTTAAAGATTTCAAAATATAAAATACTTAAAT ATTAAATTAAATTGACCCCTTAATCCTTTATTGAA
LG21	ref-24509	30.65			CCACAAGAGGATAGAGAAAGGTAGGCACACAGGTGGGACCCCACTGACTTTCTCCAGCGACTGTGGACTAGCTACTGACTTTTCTGACTTCGAGCCTGGGCAGAGTTCATA GCTGGCCTGCTCATTAAGCATCTCATGAATAATTCATGAGCAATAACTCAGCAGTCACTGCTGATCTGAGCACCTGTTTCGCGCGGCGGTTCAAGTGCTGCAAACGTTGTA ATACTGTGTTGTGTGCTGTTTTTTTTTAGTTTATTTCTTCACACTAAAGTTGTTTTTTTTTATTCTAAATTACATTTATGCCACGCGGCGGTTCAAGTGCTGCAAACGTTCCA ATACTGTGTTGTGTGCTGTTTTTTTTTAGTTTATT
LG21	ref-41323_31	31.605			AAGACCCTGTGCGATGTTGTGTCATGCTTGC[A/G]C
LG21	ref-38760_30	31.68	Chr18	14180136	TTCACGTCTCAGACTCTGAATTATGCGTTTTCCATGTCAACAGTATCAACACCGACATAAATCTGCAGCAGTCATGTACAAGATCTCTAAGTTGTTTATGTTTATTATTG CCGAGAGCAGCTGTGTATGTGTGCATTCAAGTGTTTTGGAGGAGGCGTGGCTTTGGGCGGCGATTGGAGGGAGATCGTATGCTTT[C/T]AATGCTAGCAGGCTAATGTTAG CATTCTAGATCACCTACTGCACCTTAACTAAGAAAAATGAACAGATACTATTTAAAAACTTTGATTGCCAAGTTGTGTTAATATGGGGCCTCACTTAGCGTTTTATGCAA ACAAACTTGTGTAAAAACATTTATATGTAAATTTTCG
LG21	ref-34627	32.188			CGATTGGTTTTGCTGGATTACGAGATCTTAATGACAGTCAGTTTAATTCGGTTATGATGTTTCAGTGACAGTTTTGTTGGGTTATGAGATCTCAATGATGGTCGGTTTTATT GGTCATGAGATCTCAATGACGGTTGGTTTTGCTGGGTTATGAGATCTCAATGACTGTTAGTGTTGCGCGTAACGGTCGGTTACGAGATCTCAATATAGTATGTTTTGCTCTT TTACCAGATTTTAATGACAGTTGTTTTTTTTCAATAACGCAAACACATTACCACAACAGCTGGAAAAATCAAATATACACTTAAAGTTAAGAGGCCAACTAATGGAAACAC CAATCACCATCATGGTAACCTCAAATGAAACAA
LG21	ref-58644	32.485			GGCTTGTGTGCGATATGTGTGCGTGTGTTAT

LG21	ref-11263	32.671	Chr25	12067520	GATTGAGTTTATGAAATGCAATTTTTCATTCTGATTCTGGAGCTGTGAGTAGAAAAGAATGTCTTGTGCTGAAATGCATGCCATGTCTCTGCAGTGCCACTAACAAGGGT GATTGCATTGCCAGCGTTTAGTGTGTGTGTGTATTTATGTGTGAGGGATGTAATCAGTGTGTTTGATCCTCGTTCAGTGGAATGTAAAGTGTGGACGCTGAAAGTGCAG CCGTTGATCAGGCAACTGGAAGAAGCCAGTGTAGTTTAGGGAGTTTGTAAACACAGTCAGACAAGTAAATAGTGGTGGAATGGTTTGTATATAGAGCTGCACATTTAAT CGAAATTAACCGTATGCGATTTGGCCAAGGCTGCGTTATTTTTTTATGCGCAGATTGTCAGTGCAGCATGGCTCTGTGATCAGTTGTAAATGCT
LG21	ref-55207	32.982			CAAAGCTAAACGATTATCTTGCCACTCGCAA
LG21	ref-37292_5	33.092	Chr25	21459684	GTAATTTTAAATTTTCAGTCTTTTGTGTGTGCAACTGTGATGCATAATAATAAAAAATATTTTTTAAATTTCCATTTTATGATCTGTGTATCTGTGTTGCATAATAATAAT AATAATAATAATAATAATAATAAATTTCAATTTTCAGTTTTAAAGATGTGTGTAAC[A/G]GTGTTGCAGAGGCGTCGTACACTCTCCTGCTGTACGACGAGCTGCTGGA GTGGACCGAAAGGCCCTCTCAGAGAGTTTCTACGTACCCCATGCAGAGCGAGTGGCAGAGGAAGGAATGCCTCCATCTCACCATCATACAACTTTGACAGAGGGAAAAG TGAGTCCATCTCTCATTTTAAAGATGCACTCCACCCAC
LG21	ref-53323_7	33.14	Chr25	10071047	TCCAGCCACAGCTTTGGATGAAATCAACTGAAGATAAAATGAACCTCAAAAGTTTGATTTC AATTGGATTAATTTCAAGTGTGTTTAACTGAAATCATGCCAGTTTTTAC ATAGTGTAGTATGAGTTCAGCCAGTCTGGCATATTAATAGATTAAAGACTAAAGTAGACATACTGTATTTGATATTACGGTGTATTCAACCCAG[C/G]CAACGAACATAATG CAATATGGGATCATGGAACGTTAACAACGTACATTACATTTTGTAGTATGGATGAGGGAACAAATAACAAGAAACGGCAAACCTCAAACCACACAAAGTGTGAAAACA GCAAAACATAGTCCAAACTATTTATCATCAATATAGTTACAACAGACACCCACCAATTTCAAAACTGCAATGACACAAATCATCCAAATTAGTCAATGTGTCAT
LG21	ref-73077_32	33.413			TTATGGTGTGGGTATTTGTTTGCATCATTGCATATGAGCCAGTCATTAACCGTGCCACTGACTGGCTTATGCACAACATATAGTATAGTGTTTAATAAACTACAGCAGC CCATAAACATAATTGCATACATGAGTGTCTTTCATTCTAGACACTTTGATGTGTTTATTAAAACTTTTATTGAAATTTTTTTCGTTTTGTCATACGAAGGCTCTGCCTTG GAAACT[G/T]TTTACTATTTATTGCACATGAATCTGTGGAGAAAGACAAGATAAATATCAAAATTTTTATTGTGTGTCATGTCCAATCAAGCTGTAATTTGGTAGAACTAT GCAAAAAATTATGTTATGTGCATTTAGGAAACACACATTGCTAGCTTTCAAATTAGCATTAGCAAGACCAATTCTAACAATTCACCATGTCAATT
LG21	ref-53323_9	33.729			ACCCAGGC[A/G]ACGAACATAATGCAAAATATGGGA
LG21	ref-53270	34.151			CAGACCGGTACGATATCTTTGCCAGTCTTCA
LG21	ref-33022_9	34.624			GTGCGTGTAGAAATCAGGAACGGTGACAGAACATTGTGCTTGATACGTTTTTGTGCTTTTTTGTCTTTAGCCGACAAAGTTAAATTCCATATAGCTAGCGCGCTTCCC ATAAAAGTAGGCGGCTCTTTATGGCAGTTTGAACGCATTTACCACATCAGCATTACACTATGA[A/T]AGCAATCCAGTCGAATGACTACCTTTGGAAGTGGTCTAAAGTG GACAAGCTCAAAGCATTTTAGACCTCGTTACACATGTATTTAGCGTTGTCCACTTGTGATCCGATTGACCAAAATCTGACTTATGACCTGTAACGCTGCCTGAATCATAAT CATGCACTGCTCCTGGTTGGCCAGAGGAGAACTGGCC
LG21	ref-38402_4	34.692			CAATTATTCTAAAACGGTTCTACAAACACACAATACAGTTTAAAAGACTAGTAAAATCAGTGTGTTTTATATGGTCAAGCAGCTCTTAATTTAACACACCCGATAGATAT ATTTATATATTATTATTCAACAATGCGGCTTTCATGACTGAATCAGCACATCATTGTGATGCGCTCGGCCTTTACAAAACGTGTTT[A/G]AATGAGCGAACCTGCTG CTCCTCGTGTGCTCGCTCCACTTCACCGGACATCTGGTCAAAATTAATGCAAAAAACAAAAGAAAAACAAAACACAAAAACGGAACACTTGGCTTTACTTCGCCCTCAGA GAGCCGTCAGGCGATATCGTTAACTGGCCGTCCGCTGCTGCTGTCTTGAATCCGAAATGTTCTTCTTCGAGAGAAACAGAGAGCGGCGCACACACT
LG21	ref-42704	35.207			CACTGCTCTGCGATGCGTATGCACTGCTCCA
LG21	ref-38311_26	35.406			ACAATTAAAGAACTCCAACGTTTCTTCGGCTTCTCCAATTTCTCTGTCACTTCATCAAGAATTACAGTCCATCGCCAATCCACTCACCAGCTTCTCCGCAATAAGCCCA AGTCTCTGTCTGGACCCCTGAAGCCACCAACGCCTTCAACGCCCTCAAGGAAGCCTTGGAGTTGGAGCAGTGTTGTCCAGCA[A/G]CAGGGGTCCCCAAG
LG21	ref-18211_8	35.479			AATTATGCAAAACACCAAAAAATACAACATTTTCTGCACAATATATCAATACCATATCGGTTATAGACCGATATTAGAGTTTTCTTTTAGTTATTGTTTGATATTTGACATAT AATTGAAAACCAACTAACAAATATAGCTGCAAGCAGCGATGAAGGGCCCAACCTCGGTGACATTGCCACTCTGGTGGCTTCAGGGCAACTGTGCA[C/T]GACGAGCTATAT GCATTTAACTGGGTAAATGTAAAAAGACTATTTTAAATCATTTGAATATGCCACATTTACTGCAGCAGCTGGTTCCACCATGACCACAAGCCACAATAGCCACACCCAT GATGTAATTTAAATTCAGATGAATTTTATGTCCAGTATTTATCTCTAGGTCTTTTTATATGTTTATTAACATAATTATTAAGTACCTAGTTGACCTAAG
LG21	ref-31303	35.824	Chr25	32324288	TGAAGCAGATGAGCTGCTGGTGGTGGTTTAAATGGTGTAGGGGATGTTTTCTTGGCACACTTGGGGCCCTTAGTGCCAATTGAGCATCTTTTAAACACCAATGCCTACCTGA GTATTGTTGCTGACCATGTCCACCCCTTTATGAACACAGTGGGCCCATCTTCTGATGGCTACTTCCAGCAGATAATTTGCATGTGCACAAAGCTCAAATCATCTCAATCTGGT TTCTTGAGCATGGCAATGAGTTCACTATACTCAAATGGCCCCACAGTCACCAGTTCTCAATCCAACAGAGCAGCTTTGGGATGTGGTGGAATGGGAGATTGTCATCATGG ATGTGCAGCCGACAAATCTGCAGCAACTGCGTAT
LG21	ref-22288_10	36.156			CGAAAAAA[A/C]CGAAAGATTTGCAAACAGCTTT
LG21	ref-31698	36.392			AACCTGGAATCGAAACTTTTGCTAACATCAG

LG21	ref-19884	36.779	Chr23	9522725	ATGGGGCGTTCACACCAGACCCGAATAAATCGCGCTATTGCGGCATAGTTGGACTCTTGAACATTTTGAGTTTACTCGCTTCATTGCGGTGTGAAATTCAGCAACACAAGA TCCTAGGTTTCACACAGGTCCTTTACAGCCCATTTTCACTTTTAGTTATGGGGCGTTCACACCAGACGCAAATAAATCGCGCTATTGCGCGTAGTTGGACTCTTGAACAT TTTGAGTTTAATCGCTTCATTGCGGTGTGAAATTCAGTAGGAATCAACTCGTCAGCGGAAAGTATTGTAAAAACGGCGAATAAGCTCAATTTGCCGGCTTTAGCTAGC TTGTAGTCTCAATATATATATTTAAAAATTTAGTAA
LG21	ref-47389	37.076			AGATGGCCGCGAGTGAAATGCTTTGTCTTA
LG21	ref-72303_16	37.171	Chr25	5492901	CTCATAATCAGCGCTGAGCAGTCTGGTTAAAAATAAGACTCTGGTAATTGTGTCCGCGACACTCGGCTGGTACCTGCTGGGACTTCAAGCAGCTGAGATTTGGCGGGTGG AAAGAGACGATTTTCACACACTGTTGGCTTGGACTCCACAGCCAACCGTTCTTTTCTCCGCACGACTGCACCT[A/G]CGATCGCCTGGTGCATCTACACAATCAATAACGCA TTACAACACAACGCTTCTCACGCAATTAATAACAACATATTACAATACAACACTTGTGTTTCAGGGAAAACATGACTGTCTTTACTGGAATTTGTTTACTGTAAATAAT AGGATAAGAATCATTAATTCAATTAGTTCAATTTTAAT
LG21	ref-48307	37.87	Chr25	31173641	CTCGATTATTCCCTCTTTTGTAAGTCATAGAAATGCTTTTATGGATTTTTTCTTTTGCTACCATTTCTAGTAGTTTACTCAACTATGACAACTTCTGATGAATCCCAGAAA TGTGAAAAGAGTCCAAGTTGTACTTACGCCTGCAGCCTTGTGGCCCCGAAAGGAAGGTAGCCGGGGCGCACTTGTGCGAGTTTCTGCAACCACGTTGGGGCGCACTGG CACTGCCCCACCGCTCGGGTCACAAAAGTGTCTGAGAGAGCCCTGCGGGTCACACTGGCAGGCTGAGAGAAAACAGAGGACAAAAAGAGGAACCTAACTTTTTTTTAATTG TCAGGATTGATCTGTTTCCGTACAATGACGTAAC
LG21	ref-61734	38.651	Chr25	14412190	TCTGGGCAGCCACACACAGACCCGTCGTTGACTTAAGCATGCTGCTGATAGGCATTTACCAGTCATGGACTAATTTCCCTATTAGCTTCTATTCAGTGTTCATATTCTCA CAAGACCACATAGCGTGTGGGAGTCTTCACGGGATGTCCAAGCAAAGTTTTGGTCTCATGTAGCAGCATGAAAATTGCTTAACAGGGTGTAGTAGTCTTAATTAGGCTA CTGTGTTCTCAAGTAGGCTAGTAGCAATATAAATGGATTGTATAGTTACTCAAATGTACTCTAAACAATTTAATGATTACAACACTACTGTGTTGTATGTTGGTTAACGCTA AATCTATTACGTATACCTCAGAGAAAACCAATAA
LG21	ref-15830	38.934			TATTGGGATGCCAGAATGTTCCAGACAGGAGATTTATATGATGCAGGCAGCAGCTCTATCAGTGGCTTGTCTCCTACACTTGCCATGCTGAACTGCAACGCACCAACTGT GATGTCAGCAATAGATTTACATATTAACAGATGATAGAACAGCTGCTCTCGCGTGAATGCATGCAGAGCATATCCATCGACAGAAGATACATTAGCGGTCTGTTTTATGC GTTGTGTTGTTGTTTAAACAAAACGTATCATAGCTGCTTTGTCAGGTTTGAGATTATCCGCGGTGCAAAATGTGTGCTGAACCTTGGGTGGAGAAGGGTATGGTTCGATTTTAA CCATTACACCCCTAATATATCTCAACTAGCTGGTT
LG21	ref-50704	39.422	Chr25	14469609	AACAACTGAGATATTAAGATGCAAATCATACAGTCAAATCTCCACATATCATAAACAGACACCCATATGAGATGCTTTGAATAAAAAACGTCAGAAACCTTCTCTGTCT GACCTGCTTTCTTTTCCACCCACAATCTCTCACCACCAATACCAACAACATTCACCAATATTATGAATGGGCAAATTAATTAATTAGCAGTGACAGAAGACGCAGGTGC GACACAACCGAGTCACCAAAACAACCTGTCATCTATCCACCATAGTGAAACACGCGCATGCAGAAACACCGGCACCCGTCCCCTCCCCCTCTGAGACATTAGATTAGTG TCAAGACCCAAAGAAGTAAAAGCATATGGGGGGGGGATCCACAGGGCAGGAAATTGGGTTTTTTCTAAAGACCTGTTATTAGAAGAGCAGTGTGGAG
LG21	ref-16210	39.462	Chr25	14413431	TCAGGTAAAAATTTGGTTCCAAAACCGAAGAATGAAATGGCGCAATTCCAAAGAAAGAGAGCTTCTGTCGCTGAGGTTGCAGGGAACAAACATTGCCGACGAAAATG AACCCCAATCCTGACCTTAGCGACGTTGGAAAAAAGTTGAAAAATGACGCGGCTCTGAGAGAAAGCCCGCGCGCCTATCTGTCAGGCGGGCAGAGATCACGAGCTCAA CGCAGATTTCCATTTCAATTCGCCTTCCATTTCCAGCAAGCACTCAGACTTCTCAGAATCAGAGGACGAGGAAATAAACGTGTCATAATCATTAAACAGACTATGTAATTT CCAATGAGTTGTTTCATGCACAAAACCTGAAGAAAAACTTTGCTTGTGTTGACACGGTAGCTGTGTGAACCTTATTGATTGGAAAGCTTTCAGTTGAAGAGAG
LG21	ref-59192_7	40.347	Chr25	24342206	CAAGCACACGGAGGCAAGAGATTGCAGCTCAGCACAATGTCTATAGGCAGCGATGGGGTGGTGGCCATAAGCCTATTAGAGAGTTAATAATCAGGCCCATAGCTGTGCC AGGAGCTGCTGTTGAGCCCGGCTTTATGAGCACTGAGCAGATTATGGCCATTGAGTTTCCAGTTT[C/T]GCTGCATCCATATCGATGGAGTGAATGAGGAAAAACATTGACC AGAGACTCAATTTCAATTTGGCTCCTTCCAGATCAAGGTTGTTTATCTGACCGCCACCTGTGAAATGACAAAGTTTCATGCCAATTAATTTCAAATCATTTTAAAAAGAA TACTGTGCTAAAGGAATATTTTGGGATATAATGTGCTGT
LG21	ref-2607	42.152			TCAAGCTCCACGACCATCTTGCTATCATCT
LG21	ref-39824	42.497			TGTTGAAGCTCAGTCCAAGGACCTGAAGATTAGGTAACGCGTATTTCTTTGTGCGAAGCAGACTTGTTAATAGGGATTCACTGTTGGATCTTTCACCTGAGGCTTAAAGG AAGAAGCTGACGGCAGTAATCTGATAAATAAACACAGAGGGTAGGATCAGATGGCCCTAAAAAATTCAGCACAAGTGCCAATGCAGGATTTTAGACTCTGTGCTGAGAG TCTTAATAGGTGCCTAAAAGCACTATTAGGCCATATGTGTGCGAAAACACATGGCCTTTTGCAATTACGGTGCTGATTATGTTTCAGACAACCTTTATTGAAATGTTGGTAACA CTTTACAATAAGGTCTGATTTGTTAACATTAGTTCT
LG21	ref-9497	42.627			GTCTCTGTGTCGATTGCGCTGCCTACTTCTC
LG21	ref-13178	44.004			ATGTAAGAAACGACAGGTTTGCCAAATGAAG

LG21	ref-59625_23	44.674	Chr25	12030531	AATCATTTGTTGTTAAGTGCCAGAGATAAAATAAGCGATTAAGACTCGGGATTTCCTTTAGGAGTGTGGCAAAATGGCCTCGATTTGCTAGCCACCAGATGCTAAGCGGGACTTCCTGTCACTGGACGAGAGGGGAGACCTCTGGGAATTGCATTTCCACGACAGCAAACAAGTGCATGCATTTGCATCG[A/G]TGACAAGCCAAATGCTCCAGAGGATGTGGCAGCCCTCTCCTCAATTAACGCTTTGTCTATTAGCTTAGGTGTAATTGCATTGTAGGTAATTTAAACTAGTCGTTGGGAGTAGCAGACGAGTAATGGTGAACCTACAGTCAATGTTGATCTCATTAATGAAATTAGAAATGTTTGTGTA
LG21	ref-5308	45.696			ATTTTTCGTCGATAGTGCTGCCATTGAAAC
LG21	ref-53161	46.079	Chr25	10456396	TCGTCGTCTCCTGGGCTCTGTGCAGCTCAACTGGGGCGAGGGAGCGAGCTTCAAGAGTTACGCTTACAGGGCATCTAAGGTGAAACACCTGTTAGTTGCTTTGTGGGGAAAA TGATTCAAGTTGCAGTTCAAATTAAGTACTTAATTTTGCTTTTGAATGTTTTTTTAAATAAAGAGCGCCTTGAATATGGTTACAAGGTGTTTGGCTACCGATCTGGAAGCTGAGGGGATCTTGTGCGTCGCCCTTCACCTGGTTGGGTGCGCACTGATATGGGCGGACCAATGGTGAGTGTATAAATGTGTTTTTAGGGCTGTGTATGGATTCTTGATTTC AATCGATTCTCTTTGTGATTAAGTACCTCGATTCTTAAATCCCAATAATCAACCTTTTAGCCTTTGTTTTCACTTGGTTGAACAAAACCTTCAAT
LG21	ref-1335_15	51.245	Chr16	45481583	CAGATTTAGAAAAGGAGTGAAGTGGAGTGAATATTTATTTATTCATGACATTTTGGAAAGGAATAAAATTTAACAGAGATCATCATGACCTTATTATGGTCAATAACAATGACA AATGCCACCATGCATGTATGCCGGTTAGTTTTATGTTAACGCAACTGTGTTATCCAGTTTCAGTGACAATTGTATCCTATTATGGTCACTTACTGGGACGAT[G/T]TTAGTG CATAGTGTGACAGAATATTGTTGAAGATGGCGAAAAGTTGTTACAGGCACAATATGTACGATTTTGGATTGAAATATCCAAAAACCACTAGAACAGTGTTATATATTTTG TTGACTTATGTACTAACATTATCCCAATGTTTCCAAGATGTTTAAATCCAGAGAAATAAGCAATTTAACCAGAACACGTTGCCTATGAATGACAGCA
LG21	ref-47596_6	54.453	Chr25	2706640	CAGACCACAGGTTTGAAGTATAGGTGAAAGAATCCGAAAGTGTTTTCCCAATCATCCATTACATCGCTGTGGACCAGAACGTTAGTGTTGTCTATTTTCCACTGCCAGAGTT CATGGAGTCATAGAGTCTTTTGAAACAAACAGGAGGGAAAGTTGGTTGAAGTTCAGCAGGCG[C/T]GGGGCAATTGCTTCGCATCACATTCACACTGTTGAGCCTTTGCC ACGTTTGCTTGTAACAGTGGGGCTTTATTATTGTAATTTGATTAAATGGCAAAGTCTTTGTCGGAGCCTCTTCAATAGCGCCATTGTGTCAATGGACCAGAAGTGACTTCCC CCTCTGCTGGGTCTCGAAGACTGCTGAAACCGTCGC
LG21	ref-19870	58.533			GAGGTCGGAGGGATTGTTCTGGCAAGACATTTATAAACGCTCTACATTCAAGTTTTGTACTTCTAGCCTTTCCCTATGACTCATATGAATGCTGCCAGGTTTCCATTTTAAAT AAAAAATGGTTCTTAATTGGGCACTGATTGAATTATGCTAAAAAATGAAGTGAATAAATATGTTTTTGCAATATGATTTTACAATTTAAAAATGTACAAGTGAGCTGCCTA TATAGACAGCATTTTAAGGCATATATATATATAAAAAATAATACATATGCATTTTTTTTTCATTTTACATTATACATTTATTTTCATGTTTTTTTATATATNNNNNNNNNNNNNN NNN
LG21	ref-2610	60.962			TTAAACAGAGCGAAGGCATTGCGACACTTAT
LG21	ref-4526_17	63.19			TTCATTTCTTATGAAGTCACTCAACTATTATGCAAACTTCACCAGTTTGGTTTATTTACAGAAGTGGATTCTCTCACTGGGATTTAACTTTCTACTCAAGAGGAAATCAGATT CCAAATGGAAGTCTGAAGGTCGGGTCGATTCCGCAGCCATCTTCAGTACTGGATTAAAGGTCACAGCATCAA[C/T]CTCGTCATGATGACATCAAATAAGGAGGACGTGA GGCCTGAAATATCCTTTTTCCAGGCATTGTATTGGCGGCGTTTGCTTTCATTAAGAAGTGTGTGGAAGGATGTACCTTTAACCACAAATATACATTCCAAGGTTTCAGACG AGGACTGACATTGTTGTCCAGTAGCCACTATTGTGTC
LG21	ref-58776_5	63.278			ATAC[A/G]CGAATCGATGAATATGCTAATTAGCTC
LG21	ref-34396	66.746			AGAAACACACTGTTAGCTCTGCAGACAGACAGCGTTATGCACTGTTAATTTGGTTCAATTGGCCACACGAGCAGAGCGCGGCGTAGGCAGAATATCAATTTTGAAAGC TTGATGTTCCGCATCGATGAAAAACAAGAAGGAAAAAGGTTCAACCACAAACAATGACACCATCTAAGAGGCATCGGCATCGAAGGAGCCAATCGTAGTGTGTTGCTAACAG ACGGAGCTCGTTGCCAATCAGATGTAGCGTTGATTGAGTGGGCGGAAGGCCAAATGGAGCCCCGTGGGAAATGGGATCATCGCAGGGAGTTCCCTTCATCCGACGGCC CTTAGCAACAGCCTCTCAGTGAGAAATCACCTGTTGCTA
LG21	ref-39835	75.614			GCAGGATTTACGACAGACATGCAACACCACA
LG21	ref-60893	79.096			TGTTTTTAATATATCTTAATTTAGTTTGATATATACATGAAATAAAAAAATATTACACTTATATATAAAATTTTTGTGTATGTTATTTTAATTATACTAGTCAAACGTCT GGCTACACGAGACTAGAAGCCAAGTGCCTTGTTACACAAGTAATAAATCTGGTGAAATCCTGAATTATATTTGAGCAGGAGCTGACGGTCCAAGCGCTTTAAGTGCTCA GCTCATTTCCAAACATTCAAAGCAGCCAGAACAGAGTAAAGATCTCCTCACACGGCACAGCAATTCATTAATTTGACACAAGCCCCACAAATCCTGCTCTTTCATTTT CAGTTTTCATGAAAAGAGCTTTCACTGAGCCTGTCTGGTTAAACCGACTCTAAAACCTGATCTGAGTTCAGCTTTTATGACTAAACGGCCACTTTG
LG21	ref-42635	79.722			TCAGCCGAGTCGATTGCAGTGCGATCTCTAG
LG21	ref-15281	80.489			CTGTTGAAGACGATGGAGGTGCGGATGACGT
LG21	ref-849	80.557			ACTCCTTTAACGATGAAGATGCAATTTTCGC

LG21	ref-67967	81.035	Chr25	2089063	GCTACCGTTATAGTTGTGCTGTGATTCCGCTATTCTTTTATATTTAGACCGATTTTTTTAGACTTATATTGTTATCGTTATCATCCAAGGTGTGAACGGGCCTTTAATCTTAGA GCAAAAGGAGTAAAAACAGGTTTGTTTGGCTATTAGTAAGCAATGCTAGTCTTACACAACAGGCCAGGATTGTGTTTCGTACCAGTTACTGCTGCTCCCTGCTTGGGTTTGGC ATAAAACACCATCCATATTGCTGTGTAAAAATGAATTATGAACATATTGCATAACTGTACCCAACGCGCACAAATTTCCATGCCACCTCCTGTAGAAGCGCAGCACACAA ATCTCCCAGAGTTCCTCTCCCACGAACCTGTG
LG21	ref-47831	81.677			ATGGCAGCAGGTGTTGCAGTAATGAGAAAATCAGTCAAAATCAAATAAAATGTTAATTTAAAAATATATATTATTTTCAGAGTTTCATGTAAGTGTACAGACACACCAGGC TCCTCCATCACCCAATCACAGCGCACTCCTTCACCCGAATACTGATCACGTACACCTGCACCTCATCAGCACGGCAATCACCAGCAGCATAAAAGACACACTCACTCACAC AGTCATCGTCCGGTCTCATTAGCATCTAGACTTACCTTCATGCTCACCTTAAGGACTCCTTTAAGCTACTTACCTGTCTCCAGCGTGTCCCAAGTCTCCTTCGTTGTTCTTG TCTCGTATGAGTTCCTCTGTGTCATCTCCAGC
LG21	ref-69862	83.801			ACACTTTCACCGAGACTCGTGCTGTTGTGAT
LG21	ref-36509_30	85.906			GCCGTTTGCATTACAGTGATCCACATTATTGTTTTTGGACCAGACAAAATTCATTTCTGTTGTGTAATGTGATTATACCACATCAGTAATATCTGTGGTTTTTCAGTTTGA TCGACGTTGTGCTGCTGATTCACTGAAGTTTGTCTGCATCGACCGTCAGAAACGTCACCATCTTTGCAAAGTCCCTCGTACTGGA[A/G]TTGTCCGTCAAACGCCACGCCGG CTTCACTCAGCAGCTCGTCGACTGAGACATAAACATCATTATTATGAGTAATTAGCTAAGCAAGTCATTTCTATGCTGATGTGTTCTGAAGTGTTCCTGGACTGCAGATGTT TTCAATATGCAGTCTTGCATTTGACATAAAAAGTTG
LG21	ref-13907	88.553			TTGTTTCAGCCGAGTCGATTGCAGTGCGATC
LG21	ref-24130	93.175			TTAAGAAATCATTTCATGTCACAACTCTGTAGGACGATGCACACACTAAACTTTAAAACTTGAGGCCACAATAGCAAAATTTTGCATGCAAAAAGGTCTAGTCTCAGTAGC ATAGCGATGTATGTAGTGTCTTTTCAAACCGCTGCTTTAAGTGGGACTCGAAGCCAGGTCCGAGGCATGAGAGTCGCTTTAACAAGGAGGCTAAAGACCGCAGTCTC TAGAGATCAGGGGAATGAGGTTTACACACATGGCTCTTACCAGCCTACATCCGTTACACTACCCCTAAACCTCACTCCCATCCAGGTCACGGCACCAATGGGACCCCTC TTGTTTCGATCCGCCCACTCTAAGCGGGACTCGAACC
LG21	ref-33125	97.551			AGCTTACACACGATGAAGATGCTTTATGATC
LG22	ref-25591_5	0			ACCACTCACATCGATCCTTACTTAGTGTGTTTAAAAATCATCTTTATAATTCTGTTAATAACAGTTCAACAGAAAAAAAAAACAAGCAAAAATAAACAAAATACATTTAA AATATATCATCGTTGTGCCAATACTTGGTTCAAACATCAATGGCTCATGTAGATGATTCAGTATATTTTCAAATACATATTAACCAACATCTCAA[A/G]AGCACAAGCCATGT GCAGTCCAGTGTGTGTTAAACCCAGAGTAATTTTACCTGATTACTTTAATATTATTTTACTGGATTTGTACTTTTCTCAAGTGCAATTTAACTGAATAATTGTAATTTTCTT AATTACATTTCTGAAGCAAACAAACAGTAGCCTACATTTTACTCTTACTTTTCACTCCTGCAAAATATTTTTATTGAAAAGGTTTCATTTTCATGCAG
LG22	ref-689_32	0.468			TGCTGGTAATCGAGTGGTATGCTCTCCAATC[A/G]
LG22	ref-5542	1.64			GAAGAGCTGCCGAAGAGATTGCAGAGCGCTT
LG22	ref-38908	1.936			GAAGTATTACCGCACATTCTGACCATAGCTATTGTTATAATACAGTACTCATCTTTTCCAGTGACTCAGATCAAAATGATGTAATTCTGGTCAGTAGATACTGAAAATTCAG ACGTCTGTACATGGCCTCCTGCTGTTCTTTGGTTTAGAGCTTAGTATTTAATGCATAATAGGGTGCAGCATCACTGTCACTACTTCTTTCGTCGAACAGAGTGTGAAGCTG TGGTCTTTCATCTCTCTTCTACAACAGAGCTCTCTACAATAACTCAGAGGACATTACACACTGTGTCAATTCGAAACAGGAAGTGTGCATGTGGTTATTCAATTAGCTCTA CATATTTACTTGTATATAAAATCAGAAAGGATC
LG22	ref-17907	2.418			TCCATCTGACCGATCTGGATGCAGGTTTCAC
LG22	ref-20484_32	3.02			TAAAACTCCCACACACACAGACACACACACACACTGTTCTCAGAACTCAGGGTTAGGAACAATGACACGCAACCTTGAGGCAGTTTCTCTGCTGTTACTTCAGTGA CAAAATGTCAAGAGCACATTACTGTAACAAGAGAGAGCGTCCATGTAATGCACGAGCACGAATCTCTCTGCATTTCCTTCGCTCTGGCAAAA[C/T]ACTGGACGTGCGCTCTC AAAAACACATTGTTCTCTTATGAATCGGCTCTGCTCTCGCTCAGATATCGTGTGCGTTCTCAAACGTCCCGTGCCTCGCCAATCTGCTCTAGAATTCTCTCTGCATAAACTT AGTCACAATATAGTAAGACTGTGTCTTATGAACATAATC
LG22	ref-689_30	3.042			TGCTGGTAATCGAGTGGTATGCTCTCCAA[A/T]CG
LG22	ref-34428	4.228			AGGGGAGGAGCGAAAAAAGTGCAGCAAGATG
LG22	ref-47208	4.606			TGAAACTGGCGGTTATGGTAAGAGGCGTGGCATTTCCCAAACACGTTAGAAGAACTTGACCAATCACAACACACTGGTCCAGCCGACCAATCAGAGCACATTGTGCTTTTC AGAAGGAGGGGCTTCATAGAGACAGGAACTAAACAGAGCATTACTGACAGACTGGGAAGAGAGGAGCTGCAACAATGTAGCTTCCATAGTGTCTTGCTGATCCAAGCTG GAAAACCTATTAAATATTTGAAAGTTAATGGATTATCACATAATGATCAATATTGATATGCAGTAAACTCTTGATATTATTTAAATACATGCTCAGGAAGTCCCATCAAGC TGTAATAAGGTGAAGAATGCTAACATTTTATTATTTA

LG22	ref-35756_1	6.933	Chr2	41272594	ATCAAAACACAATGACAGGTGAATGAAAAGTAAACTCATGCAAAACATTCTTATAAACGTATGCATTACTTAGCTAATTCATAAGTAATGTCTCTCTTCTCAAAATCTCC TGATCTTGTACAAATTAACCTCAAAACAA[A/G]TGATGTTTGCAACTTGTTCGCTTAAACACCGCAAGCCAAATTAACATTTTTATTTACAACACGCAGCGCGCCTGAAGAA AGCCTGTCAATTGATATCATGATTATTACGCCTGGTGACCGGCTGTATAATGAAGCTGTGCAACTCCTTCAGGAAGATGAATTGTGAAGTTGTTGTGTGTGTCAATGCATAG TATACT
LG22	ref-42919	8.258			GTTGATCGCATGAAAGCAGTGATCTCGTCTTCTGCACACTAACAAATACTTTTATTTTTTATTTATTATTACTTTTTGTTAGTTACCTTTCGTAACATAACAGTGCAAACG TGATATAATT
LG22	ref-11081_1	9.123			GTGCCAGTGCTTTGTTAGGGGGTTGCTAGGGTTTTCTGTTTGGTTGCTAGGGCATAGCTAAGTGGTTTCTATAGAGTCACTATGCATTTGCTAGGGTGTTGTTAGGGTGTTTT GGATGATTGTCAGTGCTTTGTTAGTGGGGAGGCTAGGGTTTTCTGTTTCGTTGCTAGGGTATAGCTAGTTGTTTTCTAGGGAGTCAC[A/T]ATGCATTTGCGAGGGTGTTGCT AGGGTGTTTTGGGTGGTTGCTAGGGCATCACTATTAGTTGCTAGGTTGTTAGGGTATTTTGGATGGTTGTCAGTGCTTTGTTAGTGAGGAGGCTAGGGTTTTCTGTTTGGTT GCTAGGGCATAGCTAGGTGGTTTCTAAGGAGTCACTATGCGGTTGCTAGGGTGTTGTTAGGGTGTTTTGGATGGTTGTCAGTGCTTTGTTAATGGG
LG22	ref-11081_2	9.123			T[A/C]TGCATTTGCGAGGGTGTTGCTAGGGTGTTT
LG22	ref-32892	9.314			GAAGAAATTGCGATGTCAGTGCCGATAGCCT
LG22	ref-59218	10.127			ATTAAAAATGACGAGATCACTGCTTTCACGCA
LG22	ref-4950	10.128			ATAGCCAATGCGATAGTACTGCAGCTATCTG
LG22	ref-8502	10.813			TGATGATGGACGACAGCTGTGCTCTCTTCGT
LG22	ref-35756_23	10.885			AGTGTTTAAAGCAACAAGTTGC[A/G]AACATCATT
LG22	ref-41687	11.216			TGAAGTTTCTTTCTTTAAAAATGGCACTCCTGACGGCTTGGCATCTGTTAAGAGGGTCGGGGGCCGTCAGGCATTTTCAATTGACGAAGCATGCCTGGAATTCGGGCCGG CCAACTTTCACGTTATACGTGCCCAAAGTTCCACCCCTTTTTAGTGTTTCAGGTGGTGAACCTGCAAGCATTGCCCTCGGATGTGCTTACGTAGACAGAACTCAGTGCTTT AGGATCTCAGACCAGCTCTTTGTTTGTTATGGAGGCCAGCAGAAGGGAAAGGCTGTCTCCAAGCAGAGGTTGTCCCACTGGATAGTGGACGCTTTTGTCTTGCTTATCAG GTTCAAGACTTGCCATGCCCCCAGGGGTGAAAAC
LG22	ref-22546	11.225	Chr2	57393016	TAAAGTATTTGCAGTGAATTAACATCTGTGGGTTTGTGCAGAAAACCCTCAGACCCAGAGGTATTTTGTACATAAAAAATGATATTGAATGGCCTTCTCTATATGAAAG CTTTTCATCCGTGAATAAATAAAACACAAACGGCCAGGATCGGTTTAAGCATTTTATGTTCTGCTGCAGCAGGTTCTGCAAACACTTTACAAGTGCAAAGATATTGATGC ACCGAAGGCTTTTGTAATCCATCTTGTGCTGTGAAAACATCAATTTAGTATAAGCCTCTAATAAGGCTCTTTCACGGACACCAAGGGGAATTTGGCCAAATAAGAGGC TGTTTAATAACACATCTGAAATGTGAGGACAGTTGTGTTAAGCTCTGTGCTTAAGGAGAGTGAATCAGAGAGCGCTGGTGAAGGACACTCGAGCGTAA
LG22	ref-15579	11.468			CCAACTGCAGCGAGCCCTGTGCAGACAGCAG
LG22	ref-33920	11.507			GTGTTAAGACCCACAGACCACAGGGTGAGCACCCCTGTGGCCTCATTAACACCTCTTCAAGCAGCAACTTAAGTTTCCAGGAGGTCTCCCATCGAGGTACTAACCAG GCTCAGCCCTGCTTAGCTTTAGTGGGCACAGCTCTGGGCTACAGGGTAATAGCTGTAGAGGTCTACAGCAGATTCTTCGAGCTGGAGAGACTCCATTCAACCACATCATC AGCAGTTATTACATAAACTGAAGGCCATATTCACAGGCATGGTGTACCTGAAAGAATTATTTACAGCTAATGGCCACAGTACAGCTCGCATGACTTTGCAATTCAGTGGGA CTTGCGCATATAACATCTAGTCCGCACTACCCACA
LG22	ref-52967	11.69			TGTACATGGTCACTAGTGGTCCGTTTATGGTGTGCTTCTGTGACACACCACTGTGTGACACATGTGACACAGCAGAGCTCAGTTGTGGTCCAGTTTCACGTGCGGGCAGA AATCACAGAGTCTGTGAAAACATGTCAACATCAGTCTCTGTCTTCCATGACAGAGTGGACTACCTGTTGCTTGCTTGCTTGTGCTTGACTCTCTTCGAAACAGGTGCTT GGAAATTTTCATTGTACATCTGTAAAAGAAAAAGAAAAAAGCCTAGCATGCTGAGAACATATCATTACAAAACTGAATGAAATATATCACGAATAGAGAGT ATCACAATTACAAACGTTTACACTTGAGCATATATACAAAATATTTGTAAGTGACATTATCACCTTTATTTATATAGCGCTTT
LG22	ref-10823	11.835	Chr2	9089650	TTTCAAATATGAAATTTAATCAAAAGCTTGGCAAACAGCTTTAGAGAATTTGATGTTTCCCATTCAAAGAGATAGGAGCTGCACTTGGATGCCCGAGAGGCATTTCAAAG ATGGCCACCGAGTGAAATGACTTGTCTTAAAGGGACTTTGATCAAACTTCCACAATTAAGGTGGAGCAGCACCTCTCTCGAGTAGTGATCCGACCGTAGTCTTTGAAATC ATAGGCATCACAACCACGCCATAGATTAACAGAGTCCACATGGCAATGAGGCACATAAAATCCATTTTTGTATAAGCGCCTTGTCAAACATAGAGTTCACTAAAATAACT TAAAAGTTAAATCAAAAGAGTGAAGACATAAAACAC
LG22	ref-12978	11.882			CACAGGAACACCCATGTTGATGGATTTAAGTCTCCCTAACAATTGCTGATGAGTAGACGTTTTCGTTCCATCCTGCCTATGTCAGGAAGACTGCAGCCTCAGGTTGTGCGAT AAAAAACTGGTGAGTGCGAAAAAGGAACTAAAACAAGCAAAACAGAGGCAGTATTATGATCGCACTGCACAGTCATCGTCAGCATTGGCACAAGGGGTGGATGCCCCG CCACTGTATTGCAATCTATGGACACACAACGGTCATACCTTATCTCCCTCATTATGACCAGGTGTTCCGCCGAATCGCCGACACTTAATGGAACCAATTAATAAATCTC

					AAAAGTAAAGGATCCAGCACCTGGGAACATGCACAT
LG22	ref-48441	11.914			CCGCCTGCCCCGACCCCTATGCCTGTTTCT
LG22	ref-47673	12.072			GGAGAGATTGGTGTGAGATCCCTTCCCTTGGCCACCAGACAGAAACCTATCCTCTAGTTTTGAGCGTTTGGGGGTCTCTTTTCTGTGGCCAGTCTAGCTGTAATCTGGC CACAGCTTGAGTTACTACCTCTAGTAATTCCTCAATGGATTTATCATCACGTGAGGAATGCTCAGAGGCAGCACACTCGTAGAGAGGTTGTACCCCCCTCGCGAACTG AAGAGGTACCAGAGTGCCTTCAGGATCACGCAAAGGGACGCATGGATCAGGTGACAGAACGGGCGAATGGGCAGGACCCATCTCCCGCTCGTCAGCCAAATCCATTGCG CGAGCCCATGAATGTACAGTGGGTGCTGACTCTTTGA
LG22	ref-21083	12.086			CTCCACGGATCGACACTTCTGCAAAATCACCC
LG22	ref-47848_18	12.157			TGAGTTTCTGGAGCTCTTGGAGCTCCCATAGTTCATCGGGCATCTCCTCCAGACCTCGCATGGCCAGGCTGAGCGTGCTGTAGCCCAAATGTCTGGTGGTATGTTTGGCGAT CCGGTCGACCGAGGATAAAATTTCCACGTAACCTGGTCTTCCGACGCAATGGCCTCTTTGAGTCCTCGGAGTTGGACTTCCGTCCGGCGGATCTTGGTGCGACCTCG[A/G]TG CTGCTTGCGTGCTGCTTTGAGATGTTTTGCCTTAAGAGAAACATCTTTCTGATAGAAGTCTGATAAGTTTGCCAACATGAAGCATTTGCACGTACTATAAGTTCTCAAAGTT TCATCCCATGCTCTTGTGTTGTTCACTTTAGGTCCAGTTTGAAGGTCTGAATCTTGTGCGGGCTGGTTAAGGATGAGAATACGAGCGTTCAGAGTGACG
LG22	ref-6321	12.48	Chr2	40955709	TATTATTATTGTCATCATTTCCAACATAAAATCATAAGCGAACCGGCACTGAAGTAAAGGAGTTTTGTACACTAAATCCTATAAAAAATCTTTAATCCATCAAGCTTGTGAAGT TATTAGTGGTACAACCTGTGATGGAAGGAAGTGAGAGATTTAGAAAAGTGTGGGCTTCACAGAACAGATGGACGGGTCTCAGCTTCACCTCCACCTTCCGATTCTGTGCT CCTCCTAATGATTTCAGAAGATTTTCTCAAAGCTGTGATGGACATGAAAGCAGGAAGGGTGTCCGTGGAGGTGGCGGACCCCCCTCTGATAGCCGGTGGATTGATGTCTGG TTGATCTGAGGGACAGATGAGGTCTTCTGCCATGGCTTGTCTTTGCAAAAAGGGGGAACAGAGTTAGATTTATACTTGGTAAATAGGGGTGTAACG
LG22	ref-64022	13.204			TGCACTGGATCGACTACACTGCAAAAATGAT
LG22	ref-73383	13.767			ACAGTCTGATCGACTCCATTGCTGCAGTAAT
LG22	ref-56066	14.499			TGTGGTGCATCGATGAGAATGCACAAAAGTTC
LG22	ref-58555	15.704			TTAAGAGCACCCGAGAGATTTGCGATTGCACA
LG22	ref-49055_29	16.145			TGTAGTGAATGAGACAGTCCACTAGATGTCGCAAATGTGCTTCATTGTGTACTGAGTGTCACATGACTCTTCAGTGTTGGTACAGACACTAACGAACCGCCTGTAAATGTG GGTCACTTTACATCCTTCATCACTAAGATACACAAACACATCAGGAAGCTCACAGTTCAGATGTTCTGCATCCTCCTCGCCAGCG[C/T]TGAGTCTTATGACCTGATAATTA TTTGTCTAAATGTGCGTTTTCAATAGCCAGAGAAATCTGAAACATTTAAGATGAGATGAAATGAATGTGCATGATGGATCAGGACAGCTCTGGTGCTTTTAATTATCCTCTC AAAACATATGAACAAAAGAGGAATAGAGGAAAGAAATG
LG22	ref-66352	16.27			AAATGAATGGAGGCACATTGGAAAAGAGTTACCTTCCTTGAAGGGCTCGACAGCGGCAAAACAGGCACAAAAAACATCGCCAACAGATAAGCCAACTTCCACTAAATAGTG AACCATAGACTCTTCCCTCACAAATACAACTACAGCTTTATCCATTCTAGATGCTGACAAAATGTTCCGAGCACCTATTTGCTACTAATAGCCTTCAAACAGTCTTCAACA GTGATTGATTGTGCGTAAACATTTAAAACCATGCCGGGCTGTTAAGGTAGCAAACCCATCAGAATCTGACGGCATTTTCACAACCCCCAACTAATACCAAATGACAGCAAA CTAAACAACACTAACCTTTCAAAGTAATTGAAAAAAA
LG22	ref-72561	16.86			GAGTAAACACGACTGCTTTGCAACAGTGTC
LG22	ref-9000	17.387			AGAACTGAATCGACTCTTCTGCAGGTTTTTG
LG22	ref-41733	17.807			TTAACTTCACGAATCAATTGCCATGCAGTT
LG22	ref-58649	20.768	Chr2	39169032	TACATTATCAACAGTCAAAGAACACGAGGTTCTGAGTTTTGTAGCAATTCACGAGGCATTTTCTCAGCCTGCTGTCAGGTAGCTATTCGTGCAGACTTCAAAGCCGGCA CTCAGTGCTTAAGGATTTTTTTTTTTTTCAGGATAGAGGATGATAAGCACTTCCTTTGGCAGAAAAGGACCCAGTCAAATACAAATCTGAGCAAAACTCAAACAAGTGC TGACAGCCAGACCACATCCTATACTCCAATCCTATTTTATCTCCTCTTTTTTCTCTGTCTTCTGTTGTCTTAAATTAATTTCTACACAGACCAGTACTATAGTGCTAC CAAGGTACAGTTATGGTATTGGATGATAATAATACCATGGTACTTTGAGATATACCATGGTATGTCATGATTATCATATTCATATACCATAGTTT
LG22	ref-56761	21.634	Chr8	48510220	CACACAAAAAGTATTCTTGTGCTTCATAACATTAAGATTGAACCACTGTAGTCACATGAACTGTTTTAAATACGTCTTTAGTAGCTTTCTGGGCATCTGAAAGTGTTAATT ATCTTGCTGTCAATGGAGGCCTCACTGAGCCATCGGATTTTCATCAAAAAATCTTAGTTTGTGTTCCGAAGATGAACGAAGGTCTTACGGGTGTGGAACGACATGCTTGCTT ACAATTCCTCACACACATACCACTCGAACCTTCCGCAAAAATAATCATTATCAAAAGTTCCGAAAAGGTGAAGCAAATTATAAAGGACATTATAGCGGGCTTCATTGCACA GGATGGCCGAAATATCGAAATGACAATATCACGTGATTGATTGCTGGTTTGAAAAAATTGGCGCTTCACGAGCCCACCTGATGCATAAGAGGGAA
LG22	ref-35194	22.617			CTGAAGGCCGCGATGCGCATGCGGGAATGAA

LG22	ref-10534_29	28.861	Chr2	37991508	GCTCATGAGAGTCCCTGGCCACAAAGTAGATGTCCATTCCAATAAAAAGCCCCGTCAAAACACCTGTAGATATACTAGCAATCTGCACGGCGCGTGTCTGCAGTTGTTCCCGCTGCATTGGCTATCTGCATCACACGCATAATCTCATTGGCGTTTGTTAGAATAGCTTTGCCCGCCATGGCACCATCCTCGTAGATA[A/G]TGTCGAAACAAGGGAAGTCTTGATTGTAGGCATGCTTCTTAATCTTATTACAGGTTGAAGTTGCGTAGGTTTGTAATGCCTTGCTTGATGAAGTTTCATGCATTTGTTAAGGTCAGCCATCTTCGCCTGGTAGTCTTCTACAATGCGCTCCACCTTCTTGCGATCCATAGAGTT
LG22	ref-44417	32.187	Chr2	33140618	TCATTCAAAACAAACAAAAGGGGCTAATAGCCCCAGCATCTGTGTCCAAAGCGGTGGCAGGTCGATATACACACTGATAGATGTGAGCCACAAAATTGCTGGTTATTATG GCAGTGAAAGGGCCTTGCTCGGTTTAAGTGGTCAGTAGCGATCATATCTCACTCCCTGAGATTATCCACCATAAGGCAGAGCTGCATTCACTTATCGGAACGAAGACTGCGCTTGAGAAAATGTTCTGATAAGATATATTGGGTTATAGCAGAGCTGTGAGGAAGCAAATATCTAATATTATATTCCAGTTATTACACTATTTTGGCTGTACGGCATTATCTGAATCCATTTTGTATCTGTTGTAAGTGGCTCCAAATGTCATTCCCCATAGTGCACATATTCTCACCGGTGCTGCTCGCTGTCTTTATTGAAAAACAC
LG22	ref-61845	34.583			TTTATCTTCAGTTGATTTCATCTAAGGCTGTGGCTGAATTCAGTTGTAGCTCTTGTGTTTCTGTGTTTAGTGATTCTGCTTGTTAACAGGCTTGTTAATGCTCAGATGTTTTTA TAAATAATATATAAAGATTTTGTGGCTCAGATAAGGTCTAGTTCCGGGTTTATTTCTTTGCTCTTGGCAGACATGTTGCATTGCTATGGCTGCTTATGGCTCAGATCTGGCA AACAGGAGTGCTCCGCCCAAGTGCCATCATTTACGCCACATGTGGCCAGATCATCATACCACACGTGGCAGATGTAGGCCGGATCTGTGCTGGCACAAAGTTACTATCT GGGTATGAGGAGTTATTTAAATAAACCTGTAA
LG22	ref-19539	35.928	Chr2	29836152	TAGTAGTGCTTTATTTTGGCAAACCACATGTGCTTGTATGATTTAATTTACAGGAGCAGTGTTTTGGCTTGTCTGCCTCGCTTTCAATAGACTGACATTGGCATAATGAGAA AGGGGAGTGTTGCTCACCTCATTTCAGTAAAGATGTTATTTTGTGCATATACTTTACACATGCTGGCAAAGTGATCGTTTCATGCATTAGAGAGCAGTAAAGCAGTCATC TCTGTTTAACTCTGAAGTTTGTCTCTAGTAGGAAATAAAATGTCTGATAGCTTTATGGTCTGTTAAAAACACTGCAGCTAGATGCAACAAAGCCCTTCACTATGAGGTTTT GTTGTTGTTGTTGGGGTTTTATTTTTTATTT
LG22	ref-20931	37.407			GGACTACTCTCGACTCCTCTGCAGTGTGAGGTG
LG22	ref-19553	38.274			AAGTGTTACAGCCCATAGTCTAGCTATCAAGGTATTAATAGGGACAAATATACAGTGGGATGACAATTTTTGGAAATGTTTATACACTTTAGAAGCAAAATATTAAACCAA GTGGCATTGGAACAAATGCTGCTAGAGCTTTTACCAGAATTTCCCATTTATTTAATAACTTTTAAGCAATGGCATCAAGGTGATTTTAGTGATAAATGAACTCAGTTC TCCCCATTAGAGTAACATTTTATAGAGCTGCACGATTAATCGTTAAAAAATCGTGATATCAATTCGAACCCCAACAATCTCATTCTAAATGACAACGATTCCGGCTGCATC TATTAACCTTTTGACAAAATCACACCGGAACATT
LG22	ref-42993_32	39.454			TTCTCTTCTTTTGTCTTATCCCCTACAGACTGCAGAGAGCACACTGGAAGGGAGATGGACAGGCGGATGATCTGAAATGGCCTCCACTAATGGCTTCAAGAAGGAATT AATATCATTCTTTACACCCGGTGACCCACACTTACCGCAACTTTGTCAAAACACATTCAAGCGCCCTGCAACACAATCGGACAAAAAGAA[C/T]CAAATAAATGAAATTA GAGAAGCCTAAGGAAGCTGAGTAAACCTGGCACTGATGCTGGCCTCTTTCCCTTTAAAGTTTCAGTGTTACCACAGAGGCAGTCTGCCTCATACCCCTCTGCCTGCTTAT TATCTATCAGACTCCATTTAATGAGGCATCAGAAGAAAGG
LG22	ref-54081	39.785			CACAAGTGGACGAGGGAGATGCCCATTTACA
LG22	ref-52933	41.577			GGTATGACAGTGAGGGTTATCGGCTTTCCAAATGTAAAGTGTGAGTAGCTGAACTGCACGGCTATCGTAACCCCTACAAAAACACTCCTGACCCTACATCTGCATTACG ACTGACAAACTGACCTAACTGAGCCCTTTTGACGACAACCAACTATGCAAAGGTTATGTTTTACAAAAACCAGGTGCATGGGTAAAAAACTGCATTATAATAATATTGAA AGTGGATTTACTTACTTGGTTCTAC
LG22	ref-71997	42.168			TCTGAGTCTGCGACGGAGTTGCAGCGACGAC
LG22	ref-52168_31	43.612	Chr2	36255933	GATGTGTTTCTGTCACTGTGGGCTGCAGGGCGCAGTAATACAGAGCAGAGTCTGATACTGCAGCAGAGGAGATCTTCAGATACACTTGTTTATCATTCATACTCATTTC TCATCCATTCCGGGGATACTGGGATCTGCATATGTTACATGTTTCGTTTGTGACTCCATGACGAGGAGCACAAATTCAGGTCTGGATCCAGGATACTGTCGATACCAATGCA GACTGTT[G/T]GCACTGCCATTATATTTACATGAGAGAGTGACCGGCTCCTTCTCAGTGACATGAACATTGTATTGCAATGGTCTTATTGACTGCGCAAATGTATCTGCATAG AATAGAAAACATTTCAGTTAGGATGAACACATTGAGAAGAAGTAAATCAAATGGCAACTTAATACTATGAACTCTCATAAAATACAATTAATTACTATCC
LG22	ref-37198	44.938	Chr2	34823128	AGACACACACACACAGGAATTTACAGAGTGTGTTCTTCAAATACGGTACACTGAGTGTGGGTTTCCCCCTGGAAGTTGTGCTCGAGGCTGTGCTACAGTCTTTATCCAGAA AGTCCCTATGGTACTGCTGCCAAAACCCCTATAGCTTGTTGAACAGCGGTGAGTCAGCTTTTTTAATAGCAGCGCCATATCTGTGTACCATAGCTTTTGTGAGCAGAGTGCA AAGAAATTAATATTATTCAAACATTTTGTGACATCTTCATTAATACTATACACAGGCTTTTATAGGGCATTCCAAACAGTGTACCCTTGCCCTACTTCCACCCCATATATT GTGTGCATTACCAGGATTTTATTTGATTTCTGTCTTATCATCATGAGACTTTCCACCTAAAAACACGTGCCCTTTCCTAATTACTTTCTCTCTC
LG22	ref-40562	48.722			ATATTAATAATGATGCAACAAAAATTTGGCTACCAGAAATATTTTTGGTTTTAAAAGGCTGAAACCAATGACCAAAACAGTGACTTTTAATTAGCGCTTTTCCAATTACAC ATTTTGACCATATCAGTGTCTATTTTGTGCATGCTATTTGGATACGCTACAACAGGTAACATGACAGCAGTCACATTGTGGACGCACCTTACCATAACCAAAAAGGATGC TAGAGTAGCTAAATGTAAAATTTGTTTGGCTGAAATATCGAGAGGTAGCTTGTTGCTGGGTTAATTTATCACCTGAGAAAAACAACCCAGAACAGCATATATTAGCCAAA

					TTTAATTACTAAATTTAAGCTAGTTGTGCAACATC
LG22	ref-46998_8	49.426	Chr2	32600495	GCTTTTGGATAAAAAGCTAAATGCATAAATTTGTGCCACAACTGCATGCTCAGATTCTACGAGTGCATTTTTGTATAAAACTCATGTGCCATTTTCTCTCATGGCAGATTTCTTGCTGTGGATCGACAGCACAGGCCGTGTCTCCCCATCAGAACAGGCACACCAGCAGCAACAT[A/G]AGCAGCAGGATCGACTCCGTGTGTAGTACTGAACCTTAAATCTCCAGATGGGTCCGGCTCAGTCACGGCCCTCACTACTGACTTCCAGAAGTTCTCTCCCTTTGCCCCGTCCTGAGGGAAGGGGCTGACAAACAAGGCGGAGAGGAGCCTGCTTCTCTCTGCTCACATGCGTCTCCAGCAGCGGCAGG
LG22	ref-27194_24	50.347			AATGAAGCAATGGAACGGCAGGTGCCTCTTGCCAAGAACCCCAAGAGGCAAAGAACAAGCTAAAAAGGTTGCTGGAGTAAAGCAAGCAGATACCTCAGTACTAAGTCTTAATGTAAACCAAGAGATATAGACCTGGAAGATTTTAAAGAGCTTTTGGAAGATGATACCTAAAGAAGCAATCACATCGA[C/T]TCTGCAGAAGGTTTTTAGGAATGCTACTGATCCCCATTCTGCTGCACTGGGACTACACCAGGTTTGAGAGGCCCTATTCTTTTGAATGACCGAAGATATAGGACAGATGAAAATAAAGACAGAGAAAAACCAACTGTGAGAAGGCAGTGCTTCTGACTCATGGAAGAAGTAGATTCT
LG22	ref-30410_1	52.666			TGTCCTGGGGGCATCGATTACAAAGGTAGTCAAAGAAAACTGCATAAACAGAACAGACTGGAACGCATGCAAGCTACAGCGACAATGGAGGCCTACGAGAGATTTGTCAACTGTAGCATGAAAGAATACAAAGATGTTTACATGGGTTTTAACTCATGGTGAGAGATTG[C/T]TCAAAACCGCATGCGTCTGAATGCAGATAATGAACGAACGACAAAGGAAGCACAAAAAATGAACGTACAGTACACAAGAGTAAATACAAATAAGAGTTTGTGTGTAATCGCCAACAAAACAGCAGCTCCAGACAATCAAAACCCAGTATTACTTACATGAAAAGGAATCAAAGCAGCCTCCACGTCTGTTTTCAGGCCT
LG22	ref-33594	54.481			AGGTCCTGCGACGCCGTTTTCTGTCCAGTGAAGAGTCTGGGCCTGATGCCGATTGGAAGAGGCAGATCTATACGAGTTCTGTAAATGCGTAATGTTTCAGGCCACATTTACACGCTATATGGACATTCGTCAAATCTGTGTCTGGATCAGCTGCGAGAGGACTTTGAGAAGTTTGATGCCTTTTTCCCTTTACTAATAGCCCATGTGCCAATTGGCTTGCTGGGAAAAACCAAGAAATTAGAGAGAAGCTGACAAGATTTTCTACCTCATAAAATGGCAGAATGGGAGGCTCCAAGTGAGTTCATACAGAGCCGAACAGCCCTGTTCCAGCAGTATGATACGCTTCAGGACAGAGATAAAGCAGGTGATTCTCTCATATGCACACACACACAAAACGTACAGTACACAATCAGAAAGTCTCAGAT
LG22	ref-37479	55.42			TGCGGTTTAAAGGGGTGGGAAAGACTAGACCACGTGCTTTGCAATCTGCATTGGGAATTCTCTTTGCATTCACTTGTGAAAGGGTTGTTTCGATCACTATGGAAAACCGCTATCAATATTGATCGCACAAATCAATAGATCAGCGCAAAAAGCATCATTGCTGCTCAAAGTAGCTGCGTGCCTTCAACTCGACGCTTTCCTGCACATCCCCGGCTACACAGATAGCAGCCGGTAGCCATGGTTACAGCGCGGTAGTATATTACATCATAGCGTTAAGTACTCATAAACAGCGGCAATATCACAAAACAACAAGTCAATTTTATTTAAATAAAACTCACTATCAACAAAAGAATGAAGTTGCATAACCA
LG22	ref-1965_25	55.586			TTTATGTCTCAAAAAGTTCATAATGAGATTATAAACTAATTTTCGTTTTTGGGTGAACTAACAATTTAATAGATTACACTTTCGTAAAAAGTATTTGCAATTAGTTTGTAAGCTGTCTATTATAGCCTATATGCTTGGGCTAAATTTTCATTGCATTTATGTGTTCAACTTGAGCTGTGCACACCAATCGGT[A/C]CATGAGTTTTCAAGATGCCACAACATTGTGCAGCCTCTGGTTGTAGAACTTATGAGATTTAAATTCCTGAAGAAATGGGTAAACCTTTCACAGGTGAGAATGTGTTGGTTTGTGTTTTATGTATATGGCCTATTAAC TCAATATTACAGTTTTTTAACTATAGCAACGTTTT
LG22	ref-49577	56.196	Chr8	22294871	CATCAGATTGAAGATAGGAGATGTATCTATTTTCATGTAGGCCTATTTGTTTCTATTATTGTGTATGTATCTATTTGTATCTATATGTATCTATTGTATCCTCATAGTAACGTGCTGAACACACCTCGTTTTTCAGACCAGCACGCCCATGGGCGCACAAATGGGCACAAATGCATTTGCTATTTAAACAACGTGGCGCAGGACGTGGAAACGATAACCGCGCCGGGTGAAACTAGCAAAAAACACTTGCGTCGCATTGCGCCAGGTGTATGATAGGGCTCAAAATCTCCATTCTGAAATATCAAATGTCCAGACAGTGACTCAGCTTTTATGATCATTGAAATATTGGTGTATGGGTATAAATAGTGTTCACAAACAGCTGTTAATATACTGTATTATTCTCAATTGGCTTTATTTTAGTATATCTTAC
LG22	ref-9847	56.428			TTCGTTGGCCAATGGTGCGGTACAGGACGTAGCACAAGAGTGTCATCAAGACCATACATATGCATCTGAAATAAACGTCATCAGCTTCGTCTTCAGGAATCCGCATGTTTGTAGTGTATGTGTGAAAGAAAGAAAGATAGTGTTTGTCTACCCTGTTTCATTGAATGAGTAAATGTGAGAGGACAACCTTTTCTGAGTGGTGTGGGACTCGACCTCCATGCAGGCACTTTTGTCTCCTGCTCGGGTCGAGACCATATACAGACATTAAAGGTTAGTTACCCAAAAAATTAACATTATGTCATTAATTACTACTCCCATGTTGTTCCGTAAGACCTTCGTTTCATCTTCGGAACACAAATTAAGATGTTCTGATGTAGAACCTGGAAATGCTGAAAGTCAGACAGCTCCAGGATTCATCAAAAAATATC
LG22	ref-68578	56.53			AAGGACGTTAAGTAGTCTGTAAAGCGAGCAGGCTGAGTGTGCGATCTGGTAGGCCTGCCTTGCAATGCTGAAGATGGTGGTAGGGTTGTTGCTTGTGGAGTCACTGGATGCGTGCTGGGATCTGAGGGCATGAAGAACTGAGCAGAGAGCAAGGAAGCACAGCGTCTGGGTGTGATCTGCATCAGAAAGGACAGTACTTCTCAGTCGATTGGCATGCCAACGGGAACCATCTGGAATGTAACCCGCACCCAGTCCAATGGGAAGATCCTGGGAATCCAAGCCTTTTTCTTTGCATTGAATCTGCTCTGTGCTTTGAGCTGTTGTCCACATACCCTGGCTTTCACCACAGGGTTTGACCGTGAGAAGTGGTAGGGCAAAGTCTGTGCAAGGGTAACCTCAGCTCTCGCCCCAGCATCAGTTTTGCT
LG22	ref-23272_28	56.588			ATTTACCAAAAAATAACCATAGAAACATATTCATCAAATATAAAATACTTCAGAAATATTATCCATGATCAGTTATACAATACGGATTAATAACATGACACAGCTGAAACGAAAAACTTATCTTACC GTTTTCGGAGATCAGGACAAAAATGGCGTCTACTAAACGAGAAAGGTGCTCTTTGCAAAATGTGCGCAGCA[C/G]CGCTAGTGTTTAGGATACCCTCCTTCAACAACCTGTATATACCACAACCTTATCACATCAGCCTAACACAAACATAACGCTTCATAAACCATAACATAATCTTAATTCCTATACTAGTGTAGCTAATTTACAGGTATTTAATCAATTAGCTCAAATTATGGGTAATATATATAT

LG22	ref-40981	56.887			AGGAAAGTTCATGGGGCACGAGGCTGGATTCTGGGACCGGGGCAAACCTCTGGAGTGGACTCATGGACAAGAGCGGGCTCTGAAGAGGATACATAGGTTGGAGAGGGCTTTGGAGCGGACTCAGGGGCTGGAGCGGGCTCTGGAGCAGACTCATGGGATGGAGCGGGCTTTGGAATGGATTACAGGGCTTGAGCAGACTAGGGGACTGGAGCCGATATGTGTGCAGCCAAACACACACCAAATGGCTGTGGCCATAATGGCCAGCACTGCAATCTCTGAGGGCTCAGGCGTGGCAGCCATCTTGGCTGAGGGCTCAGGCGTGGCAGCCATCTTGGCTGAGGGCTCAGGCGTGGGAACTATAGGGCAGGAAGATGCATAAAGCACAGGGCTAGCAACCCTTAAACAGGACATGCTGGTGATAAAGCTGGGCCA
LG22	ref-24053	57.006			TGCTCGCGCATTTGATGCGCTCTCGACATTTGTCAAGTAAATAACGCAAATGAAACCACCTTAAATGAGCTATTAAAGTGAGAAGAAACTCATGTCTGAAAGTTGCAATCAATTTTTTATTGGTTAAAATGAATGGAGAATATCTCGTGTTTTTCTGATGGTGTGACCACTTCCGTGCGTGGCACTCGAGCATCCACGGGATCGCGCATGTTTCGGTGGAAATATTTGCCATTAGGATGGATGATTACATGCTTTAATTTGGGCAGCTTTGAGCAGCTCTGAGGTTCTTATCCAGTATGTGAAATGAAATCCTTGGTGGTGATAGTTGTGTTTACCGACTTGTGAGGCCCGCACTTAGCTATT
LG22	ref-71765	57.011			GATCCTTCGTCAACAGCACAGGCATGTGCCATGGTGCTCATGTGCACAGCGTCAGCCAATACCGAGCCAGAATTATGACGTAGAACCTGGAAGCGCTAAATAAAGTCGTTATTGTTCATTATTCTCATTGCTTCATAACATTAAGGTTGAACCACTGTAGTCACATGGACTATTTAACGATGTCTTTTCTATCTTTCTGGGCCTTGAAATGACTTTGCTGCCATGTGTGGTTTAGATACCTCTCAGATTTGATCAAAAATATGGGTTTGGAACAGAGGGTGAGTAATTTATTGACAGAAATTTCAATTTTGGGTGAACTAACCTTTAATGTTTCAGGATTTCAGAATGAGCCATTTTTGCTGCTTAGTTTTATTATTGGTCTTTTTTCAATGGGTGGAACGTTTCAGAAAGTTCATGGCACATTTTAT
LG22	ref-3034	57.137	Chr6	10043079	AAATATAATACAGTAAGTGCTCATTTACAAAAAAGATATCAAAACTCTGGAATAACAATTGGTAAGTACACTCTGCTTTTTGTTATCATGCTGTGAGGAGCTGGCTTTCAAGTTTCGGGGATTATTCAGTTGGAATAATAATACACTATATAGGTTGTTGCTAATAAACTAGTGTCAGCAAAACTTTGCACTGCAGAGATGACAGAAGTTGCATCTGAATAGCATTTAGCCATTATTTACAGAGACTATTGGGTAACACTTTAGTATAGGGAACATGTATTCATTATTAATTACAACCTTTCCCTTAATAAACACCTAATTTACTGCTTATTAATAGTTAGTAAGTTAGTTGTTAAATGTAAGTA
LG22	ref-3030	57.139			GCGATTTTTTGCTTTTATGATACTAACAATGCTTTGTTTTTGTGATGCTATGATCTTTTTATGCTAATAATCAGGTGTTTTTAAAGAAGGAAGACAAAGGGTACTTCTCAAAATGGAAGGCTGCATCTTATACGTAGGCTGCATATCTCGGCTGCTACGTCATCAACGTCGCTGAAGGGCATCTCAGTCGGAAGGATCCTTGAAGGTAGCCTTCGTTTCATGTCCTTCTTCGGCTGTTTTGAAGGATGCATTGGATGTATCCTTTGTGGACATAAATGACCCACAATCCTTTGCACAAGAAAATAAACTGACAGTAAATGAGTCCGTACTGAGCTTGCTGAGTTTATTATGAAATGTAAGACCA
LG22	ref-68826_29	57.41			TACCAAGACAGAGACTAGTAAACACTAATAAACTTGACCATGTACTGCAGCCAAGGATTTAATCTCTTAATATCTGTTTGTGATGATTTTGTGTTTGTATTATTTACAGATCAATGCTGAATTTTCTGAGAATTACAACCTTAAACCATGATTCCTGGCTTTCTTAGACAGGCACCACAGCAAGCTGATCGAGATCA[A/G]CAGAAAACAAGGGAGGAACTGGCAGAGAGGTCTTAATATTAAGTCAACAGCTCTATCAGCCTCATCAAAATGCACCTTCTGCACTAACATATTACAACAAAGTAAACTGCTGAAAATGTCATACTAATGCATAGGCCAGCCAACATGTTGTTTGTCTATTGTAATAAAACCAA
LG22	ref-45313	57.65			AAACTGTGAACGACTCTCATGCTAACAGTTA
LG22	ref-62557	57.752			AGCTGAGACTCGAACGTGTTGCCTTGTGAGC
LG22	ref-21913_9	57.96			TTTCTGTATGTAATCTAATGTAATAACAACAGAGGATTTTCATGCTACTACTGTAAAACAATGTGAAGCTGACTGTTTAGACATTGGCTTGATTCAGTACATACATAAAACAACAATAAATGATTTTGTGACAAAGAATGTCTGACTTAATGTCTATCCTCGCATATCAGAAATCACTA[C/G]GGCATTACTGTGCGGTGCATATATTTGCATATGCATATGTATCAGTCTGTCTGAAATGTCTGCATTGAATTGCGACTGGTTTACAAAGGAATCCACAGTGAAATGAACCAACCAAAACAAGAATGCTCTACTGAGACATTCACATAGATGAAAATAAACAGCTACTTTCCTAGCATTAGCAACCTTTAGAAG
LG22	ref-15837	58.173			TGACTTTTGAACGTTAGTGTATATTAGTAAATCTGGGGATGGCGATTTAATGCATAAATAAAAAAGAGTACAATTATGATTATGATCAATCAAACCACAATTATCCAGTGAGTAAAGAGTGATTACAGTCATCAGCCTCATGCTCATTCTCTCCAAACAAGTACATAAATGCTCCTGCACTACAATCCAGATGCACACAAGGTACTTTAAATCTTACTGTGATTAACAGATTATATAAGAATTATATTTTCATTCTGGTTAAGCTATTATGTACTGAATGAAACTGACAAAATCTGGATTGAGTAGAAGAGACGGAAGAGCTTCTGGGTGGAGATATTGGAATTTGAGATGATCTCTATAATC
LG22	ref-36005	58.327			GCATCTGACACGAAGTGCTTGCTAATTACAG
LG22	ref-61415	58.642			ACTTTCCCCCGATTGCTCTGCTATCAGGAG
LG22	ref-71853_2	58.688			T[A/T]AAGAAGTTCGATGTGTATGCTTCGGGGTGT
LG22	ref-38147	58.699			AGCGCCGAGCGTGCTTACGGTGTTCCTTCTGCGGCCGAGTTAGAAGCTAAAAGAGCATTCTGCACGCTGATGATGGGCACAGTGAATGCGTGCAATGTCTGGGCAAAATCCACGCAGAAGCCGCGCTCACTGAATTGACCTGCTATGAGACTATGAGTCTCTCTCTTTGCGCTCGCAGATAGCGTTCTTTTCAGAACGCGACTCCGCCCTCGTGCCCTCCCGTTTCTTCCTCCCAGGAGCCTGTGAGGAAAAACAGCGGGGCAGAGGATCTCAGCGCTCGGATGAAAGTGATCTCACGTGCGGCTCAGGTCCCATGTGCCTCACTTCTCCACAAAGAGAGCCTTCCCCCTCCACCAACTCGAGCGACCTGGTCTCGTTTCGGGGGATCTGAAGAAGAGCCACTGGATGGCAGCATGTCCCTAG

LG22	ref-20064_6	58.842			GAAGCGGCCAAAGGGTATGCGGGGATACCCCCAGTGAGCGCTTGGTTGTGATGCAGTTGTGTTCTCAGAGCACCTCCACCTGGAGTGGTGATCCCAAGCTCCCCTCCAAA GCCTGTAAGTTCTCGTCTCGCTTGTGGCCAAGGCTTACAGGGCTGCTTACAGAACACACCCTCCAGGTCTATCAGGCCAAGGTGCTCAAGGAG[C/T]TACACGAGAGCAG TGCTGACCCGGGAGTCTTGCAAGGAGGTGCGCACTGTTACTACTGCATGCTCCTTGGGTCAAGTGATGTCCACTTTGGTGGTCCAGGAGCGCCACCTATGGCTGAACCTGG CGGACATGAGAGAGTCTGATCGGACTCAGCTCTTCAACTCTTCGACCTCTTTGGCGAAGCGGTCGAGAGTTTTGCCAGCAATTCTTGGCCGCCAGAAGCA
LG22	ref-26077	59.017			ATTGAAATCCGAACCTTGTGCTGTGTCC
LG22	ref-41216	59.276			TGCACAACCGCATCAGCTTGCCAGGAAGTG
LG22	ref-24400	59.331			TCATGAAGGTGAGTGCAGTGCCACGCAGAA
LG22	ref-71296	59.439			GCTTCTGTGCCTGCAGCAAGCACTATATGTGAAATCGTGTGCTCTATTTATTGTTGTCTGTCTATCAGTTACAAGCACAACATATATTATTATGACAAGCAAAACAACAATT CAGAAAGTGTGTTTCATCCCTGCCTTCGTTTTATTACAGGTGGGGATACACACCAGATGTGTGCTGTTTGGTTGGGAGTGCAGCACGCTCAACACCTTTCGAGGGGGCTGCTT GTGAGCACTGTGAGCTTCTCCCACTGATCCCTCTTTGAATTGCTCTGCGAATTTCTTCGCCTCTGGTTGAGACAGCCACAGTACAGTTATCCAGTTCTGAGGAATTGGATGT TGTTAGTGTGGCAACAGGAGAACTGAAGACTCGTCACTTGTGGAGGTTTTGACTGTGCTGTGGCCAAATTAACACTGAATGGCCAGCCGAGA
LG22	ref-62672	59.572			TGCCAATGTCTATATTGTAACCAATGCAAATTTTCTAAACTAATTTGTGCGTAAACAGGCACGTGTTTTCTCCTAAAATACATTGCAATAGGAAAGTTTGATAACCGTGTA CATTGTTTTTGTAGTATATTCAATTGTCTTCATGCCTTTATTTATGCAAGTCTTTTGTAAATGTGTGAAACAAACAAGCTAAATGTGTATTGTGCTACGAATAGCATGCACC AGGCCAGAATTCCAACAGTGCATCTTCTCCACTTGAAATGTTTGAGCTAGGATTTTAAAGTTCAAGGAAATATGACAAAGAACTACACTGTGACTGCTAGGAGGAGAC TCAAAAACCTCCACATGCACATGCTTAACCTGATAATGCATGTGGTCACGTAAACGCGTTAACCCGTTTCTTTACAGTCTAAAGTCATAATCAGCCA
LG22	ref-6554	59.624			GGCGCTCAGCGAGAGCGCTGCATCACATCA
LG22	ref-71853_14	59.996			TATTTAACCTAAGATATTTCAAATTGATCCGAGAAAAGCTAATTTAAATAGGTACGTTTTAAGACGTGATTTAAAAGTAGCTAGACAATCACTTTCTTGTAAGATTGTGAA AGAGAATCCAGAGATGAGGAGCAGCACAGCTGAACGCCCTGGACCCCATAGTGAATAACGAAACAGAGGGTACAACAAGAGAAACAGATAAAGAAGTTCGAA[A/T]TG TATGCTTCGGGGTGATAGATATGAAACAATTCGGAGAGATATGAGGGTGCAAGATTGTGAAGAGCTTTGAAAGTGAGAAGCAGAATCTGTACTGTAGAGGGCACATAAG TCTGAAGTAGTGAGTTAGGTATAGGGGTGCAGAGCCAGTGGTCCGTCTGTAAGCAAACATCAGTGCCTTCAATTTGATGTGAGCGTCTATTGATGAAGAGAGGT
LG22	ref-4496_28	60.536			AAATATATAAATGATTAAGAAATCAATAACATGTATTAGAATTCATAATGAAGAGATTAGTAAGATTATATAAAGGAAAAATTAATAATCGAAATAAATGAAAGACATT TCTTTAGTATAATTAATAAAAACTCCTGCATTTCTGTTTCAGTGATTGATTGCTAGTCTATAAACGTGCAATATGCAAAATACAAAACGTGAATAATTGATCCGAGGCATATGC ATAGA[C/G]TTGGTAAGATACATAGACTAAAGTTAGTCTAATGTATGCTTCTGAAATGAAATGGGGAGTTCACCCCCCCCCCAAAAAAGAGATCTCTGTTATCATTTACT CACCTTCATGTTGTTCCAAACCTGCGTGACTTCTTCTTCTGTGGAACCTTACAAGAAGATACTTTGAAAAAATTCACAAAATGGTTTATTTTTTTGTCCA
LG22	ref-62029	61.129	Chr2	51352616	ACCTGTGCTGGGCAGGAACACCATGCTGGCTGATGTGGTGGAGAACTAAAGAAGACAGGACTGCATGCTGGGCCCACCTCATCCGATCCAACCCAAGCTGAACCCGGGG ATGTCGAATGTGATGTGTGCTCTGGGAAGAAAAACAAAGCCTTTAAATCCTGCCTGGTCTGTCTGGCGTCTTATTGCGAGACTCACCTTCAACCTCACTACGAGTCTCCTGT CTTTCAGAAACACAAGCTGGTTTCTCCTTCAAAGAAGATACAAGAACAGCTCTGCTCTCGGCATGATAAATTGCTAGAGGTGTTTTGCCGCACAGATCAGCAATGTATTG TTACCTTTGTTTAACGGATGAGCACAAAGGACATGACACTGTCTAGCTACAGCAGAGATGAATGAGAAAAAGGTAAAATTGTAGACCATTCTAGAG
LG22	ref-35444	61.964			TAACAACACCTCATCTATTATGATGATGCCAGCCTGTGTGTTTTCTCAAGGGACTTCCATGAGTACGTAGAGCGGTTATTCTCAACAACAGTTCTCCATTACCAT CTGCGAGAGTGAGGAGGAAAAACAGCGAGCCAGCCGTGCCACCAGCCAGCGACAGCGACGCGCTGAGCCCACCACAGATCATGAGCCTGAGTCTGCCTTGATAGAGGTG CCTGAGCCGAAGCCAGAGCCACAGATTGCCCGGATTATGAAGGGGTGAAGTGGAGAAACGCTGATCGACTTCAAGAGTGAGTTTGTATGCCTGTTTCCCCATGCACGG ACCTCTTTTCGTCACTCAGCACAGTGCTATTGATGTCTGTGTTCCCGCCCTGCACTCCCACCGCCTCAGCCTGTCCGCGTCGGCCAAGAGAGACATTCA
LG22	ref-16202	62.826			GTCTGCTCTTGTACTCATCAGCAATATTGTAATATCCAGTTCACCTTGATTTATCTTCATGGCATCTGTGTTCACTAGAATTCAAACACCCAACCTGTGCCTCTTGAGTCACT TTTGAAATTATTCACTCATCTGCTCAAGGGAGAGATTGATGCTTGATTTTATTAATAAAGCTGAATGCAATCATATCGACCGGCACATCTCACCAGAGCATGGACAGCAGT GAGCATGAAAGCAGAGTGAAACCACGAAACACAACTGTGATTATTATTTCTTTTAGTTAATTTCTTTCACTGCCAATGCATCAAAGTCTTGATTTTGTGTTTGGGTGAAC TAGAATATTGGGTCTATTAAAAGATTACAGG
LG22	ref-13338_4	63.407			CCT[C/T]AAACTGCGAAGAGCCTGCAGTCAAAAAG
LG22	ref-70964_5	63.767			GTGT[G/T]ATAATCGACACAGATGTGCCCATAAA
LG22	ref-35957	64.523			CAGAAAATGTCGAGAAAAATGCCCTACGTTT

LG22	ref-1667	65.039			ATACTTTTTTCTCAAATTCCTTGTGTTGTGTACACACAGTAATGCTAAAATAAAATAATAATGAAAATATACAATAAATTACACAAATAGAACCAAACAAAATGGTCA TATATAATTTCAAGCTTTTTTCCCATGCTCTAAATCTGCTTTCTTGATATTACCCACAACCTCTTGCTCCACGAAAGAGGAGGTGTATAAGACAGCCGATGCGGATGCA TTGCGTGTGTTGGGGTGTGCCTAGAAAGAACTGAGGCAAAATTTATAATAAAATAACAGTAAATTAATTTGCTACTTATCAGATTGTATTTTATTAACGACTACACCTACC CCCAACCCTAAACCTACCCTTACAATACTGCAAATACAGTTATTAATAAAATAAAATAAATATTTAAATGTCCAGTGGCCGTATAGCTGTATCCCT
LG22	ref-37485_2	65.19			T[G/T]TCGAACCTCGAAAACGCTGCAGACCCCGTT
LG22	ref-4448_10	66.717			CATAGAGGACACCTTAATGAACACATGAGAATTCACACTGGAGAGAAGCCTTTCATATGCCATCAGTGTGGACAGGGTTTCACACATAAAGGCAGCCTGACATGGCACAT TAAAATTCACACTAAAGATGGACTTTCCACATGCCATCAAAGTGGGAAGAATTTTATAATGAAAGAA[A/G]GCATAAGCGTCGCACAACAAGTCACTCTGTAGACAAGCC GTATGCATGCCATCAGTGTGGAAAACACTTCATTCATAGAGGACACCTTAATGAACACATGAGAATACACACTGGAGAGAAGCCATATACATGTCTCAGTGTGGACAGA GTTTCCGACATAAAGGAAACCTGACGTGGCATATGAGAACTC
LG22	ref-44085	66.914			CTGAACCTCAAATGTGATTATATATGTCCCGTGTGCTGCATCTGATATCAGTCATGCTGAAGTCTTGTGGGTGTATTAATGTGTGTATCCAAATGTTTTATTTCAGACA ATTAATTTCTGTTAATGCTGCATATGTTAACAACAAAGTTCAAAACCATTTTTCCGGGACCCATCTGATCTGGCCGTATGAGGACGATATAAACCATGCCATGTGATCGCATA CGTTTCTGACTCTCTAGCACAACTCGGGAAAGTTTTATGAGTTTTATATGCTAAACTATGTAACCAGTGATTGTAACACCAGTACTTTTTTAAATTCGTATAATTTAGTCT AAACTAAGCAGTCGTGCATGTCCAAACCAAAATGCATACAGTCAGTCTTCTCTCTCTCTGACGCTATTAAGTGTTCAAATCAACAGCT
LG22	ref-9386	68.24			GATGGCAATCCGAAATCCTTGCCGTTGTGGG
LG22	ref-32524	69.975			ATGTAAATTAATAAGTATATCCTTTTATATAAAAGTATATCCTTTTATATCCGGCAAGTTTGAGCGCGGAATCTTGGGACATGTGGTCTTCACCTCACAGCTGATGGAAACA ATCGGGATAGGACTCGGGAAGAAATCATGTTCAAGGATGAGATTATTAACGTTACTGTAGTATGAAGCAGAGCAGGACCGAGTGTTGTGGGAGCTGAACGAGGCGATTGC ACAATACATGCCTCAGCAGCAGCAACTTTTATTATGTCACAGTCAACGGCACCGCTTCCGCTTTTCCGGTCATGAGTATGAGGTAACACAGCTCTGTTGATCATATTAGA TACATTTGAGTGTGTTGAAAATTATGTTATAACATTACACTGTGCGTTCGCTCGGCGGCTGCTGTGAGACAGTTGTTGAGACACACTGCAGTAAGC
LG22	ref-17772	70.771			CGCCCAGACTCGAGGCTCATGCAGGCTCAGC
LG22	ref-3791_1	71.013			CTTGCCCTGAGAAGTGCTCTACAGAGGAGCTGTCTGATTATCTTCTGGCTTTGTACAGTTCCTTCAGCGCTGCTAACACATGCATCTTACCTTCATGAGCTGAGTACAGAG TAACCCAATGTGTTGTATGTATATATATAGTAGAGATGCACCGATACTGAATTTCTCTGCCAAAACAGATAACCGATTATTCAGAA[C/T]GATATCGGCCGATGCCGATG CTGATAACATTGGAACATTCTGAGGTAAATGTGACATTATGTGTCATATTGTTTACTTATTGACGTTTTTTCGAGGTTACAGATTAAGTGATTACATAAGACATGAGA CATTCTGGTAAGTTGCACTGTATCTTTCAACATACCTTTTGATGTTTATGCATGTTTTTCGAGATATAACTTGATTAAAGTGGAAGGAAAGACTCGCG
LG22	ref-7726_17	71.672			TCAGAGAACGTTTAAGGTCCTAAAAGTGTCAACAGAATAATTCGAAAATCACTTCTGGGTCTGTGACCATGTAAATCAGAGAACGTTTAATTTAATAATATAGTAACACAT ATGGATGAAAACAATTCAGACGATTTAAAAGAGTTTTATGTTTACATGAATGTTTTCAACCCTCATCTCGTGCCAGCTCTCTGTAACGTCATTACACGAGACG[A/G]CT GCCAAGCACTGAATCAATCTGCGTCAGTCATGTGAACAGCAACATGTTTCAGAGAACAAAGAGTCACAAAAAAATTCGATTAAAAATAAAAACCTTTGGTACAAAATC AGTGATTTTtagccaatgcatagaactgttatggcaaggttttaccctactcactcataacagaccttcacataagtttagtttcagtctgctaactatccca
LG22	ref-66955_28	72.36	Chr2	1260720	CATGCAGCACTATTTTATGTAATGAATGAACCTTATGTCATTAACGCTGAACCTTGACACTAACAGCGCATATAAGGTATTACATATGTATAATAATGGCATATATTTGTACAA TACCAGTGATATAATCGAAGAGTTCAGAGTCGATCTGTGGAAACTCGTTCTTCAGTATCTCCACATACGCCGCCATCATACACACCCGGGCCGAAACGAGGCGCATGCG CACA[G/T]GCGCATCAATAACACGTGGACGAACGCCGCAAGAATAACTCGAGAAGTGCGTGTTCTCCAGTGAGCGATCTGCGGCTCAGGAAGAGTTGTTAACATTCAAAT CTCACGACATTGTGCGCTAGATAGTGCACCTCGTCTAATGTACTAAATCCAAAATTGGAGACTGACATACAAGTGAATGTAATAATTCTCTATAAACGCCCT
LG22	ref-46703	72.678	Chr2	57217488	CGGACGAGTGAATTACGACTTTAGAGCCATTGCCGTGACAACCACGATCCGGGGTGGGGGGTGCACAGGCTTGTGTACGAAATTCATAAAAACGACAAGGGACAACAC AACAGCGCACACTGTGAGTACACACACTACTGACAGAGCAGAACCAGCAAAACAGGAAAGAATTATTCAAGCACTACCGTCGCTCTACTGCAGACGAGCTGCTCGCACAC AATGAGGACGGAAAGTTCATTACGAGCAGCGTATTTATCCAAACACTCAACAATAACGCCACTTCCTGTAGCCAGTGGATGATCATCTAGAGGATCGCAGCCATAAGAAA GGCTCTAGTGAGCTCCCTACTGAGACAGCATCCACAGAAT
LG22	ref-52850	73.218	Chr2	57719999	ATTATTGTGAAGTGTGAGACACAGTTTACACTCATAAGACCCCAAGTGTTTTTTCATGAAGTATGGATCTTTATTGATGTCTATCGTCTCGAGCGGAGCTGCCGAGTCGC TCACGCCGCTCTCGGTTGCTCTCAGACGACGAGGCGACGCCCGCTGCCGTTTTCCCTCCAGCTCTGTGCTGGAAATCCATGATGGCGGATCCTCACAATACTGCTGCTG CTGAAACCAGCAAAAGAGGGAACACATTTAAAGGGGATGGAAGAATATGATGGATTCTTGATCTCAATTCATGCACGGTCCACTCAGTCACTGAATCGGAAATCAAATA CTTCTCTACAAGAGAAAAACAGTATGTGACAAAAGTAGTACGTCCAATACATTGGCTGCATCCGAAATCGAATACTTCTCTATTATATAGTATGCG

LG22	ref-34366	74.185	Chr9	10957919	AAGAGCGATAACTATACAGATAACTATAAAGATAGTAACGATAATAGCATCCACATCAACGTAGGCTACCAATGTCCTGTTTAATATATGCGTACGTGGCGGCCGCAGTCTGCAAAATGATCGACTTGTGGGCTGGGGGAAAAAATCGTTCTGAAAGTGATTCCAACATATATCGCTTCTGTATTGTTATCGTTATGGTGTGGACTATAAGAGAAGTTGGTGGGGCTTGTCTTTTTGTAAATAAAGTAAAGACTATCCACGTAGACTGTTTTCTTAAAGCTGCAGTCCTTAAGTTTTCTCTTTGTGCCATCTCAGTTTGAAACCTGCAATTGCAGTTATTTGCAGAATTATCATCTTTACTTGGG
LG22	ref-23608	74.83			AAAATCGCTCCTCTTACAAGCAAGCGGTAAGAGGAGCCTCTGTTTCAGCAACCGGTTGGCTACCCAATTACCACCTCATCGGCTGCTTTCTGGAGCTACTCTGTCCAAAGGTACAGTTTACCCATTGTCCATCCCGGAGCAGAAGGCCATGGAGGAGTACATCCAGGACGCACTACAACAGCAATTCATTCAACCTTCCACATCCCTGCCGCTTCCAGCTTCTTCTTTGTACCAAAAAGGACGGAGGCTTGTGTCCATGTATAGATTACAGAGCCCTTAACCTCCAGATGGTGAAGTACAGTTATCCTCTTCCTCTGGTCCCTGCAGCATTAGAACAGCTGTGTGGGGCTCTCATCTTCTCCAAG
LG22	ref-3576_23	77.177			CAGATTAGCTCGAGAACAGTGC[A/G]TAGAGAGCT
LG22	ref-39120	77.552			GTTAAGACTTCATTTCATGACATTTCAATTTCAAGATTCATGACATGATGTCTATAGGCTACTCACGGTGATATAGCTATATGCTGACGTTTGGTACTCTAGCAATTATTAACAAAACCGTATGTAGGCTATCTTGTATCCATCTATGTAGCCTATCTGTGGTACTTTGTCATCAGTTGGCATCCCATTCGCTCTAAAATAGTCCGAATATAAACACTTATAGGCGTACCGTAGTGATTGAGAATAAGAAATATACACGCTTTGGAAGATGAATTAATGAAAAAAGTTAAAAAATAAGTTAGTGTTAAAAGTTAGTGTTCAATTTTACATGGTTAAATGACAGTGATAATTCAAATAATAATTAATGTGT
LG22	ref-47936	78.776			GGAGTGAAGTCGATCTGGTTGCCATGGAGAC
LG22	ref-70089	79.454			ATAAACCATTAAAGACAGATCTACTGTAAGCTACAAGGTTGTTAGTTGATGGCATGCTTTTGTGAAGTCATCAGCCTCCATTATTTCAACTTATTTTAAAAATAATGTTTAA CAATGGAATCCTGAAACTAAATTACCAATGATTCTGCAAAGAAATCTCCACCAATCAGAGAATCGAGACAAGCAAGTCGCACCAAAAGACATCTTTAACGCTAACCCATTCCCATGAAGAATTGCAAATGATGTAATTGAGTCAATCTCCCTATGTTCCCAAACCACTTAATATTTGTGCATTCTTCATGGGATTGTAGTTCTTTCCTTCATCAAAGCCATT AAGTACACAGCCCTATTGTCAAATATTTTAAAGT
LG22	ref-15803	79.808			TAGAAATGTATTCATATTTAACAAAGTTTATAAAGGAAAATATCTAGCTTCCGCCAGACCATCTCCGTATTCAACTACGAAAAAGTGTAATGCCTCTCGCAGATCAAAACGCTTACGCTACATCCTACGCCTTCCGTGTTCACGTATGAAACAAGCGTAATTGACGCGACGTCAGTTGCACCTTCTTCGTAAGGCGAATACGGAAGGTGCTGGCGGAA GCTAGATATTTTACTTTATAGCTTGTTAAATAGGGATATTTTCTAACACAAATGCATCGTTTGCTTCAGAAAGCCTTTATTAACCTCCCTGTAGCCATGTGAAGTACGTTTATGATGGATGGATGCACTTTTTGAGCTTCATACTC
LG22	ref-34258	81.559			GCAATGTCAGCGAGGCAGCTGCCTAGGTTTT
LG22	ref-51985	82.392			TGCCCAGAGACGACCACAATGCATCCATGCA
LG22	ref-37968	82.697			TTGGTTGTTACGACGTCATTGCCTGTAGAGG
LG22	ref-8293	84.22			TGGTTTATGACGATGCCTTTGCTGTAATCGA
LG22	ref-66812	84.262			AGAATTCGCCCCGAGCCCCCTGCAGATGGAGA
LG22	ref-20518_10	85.11	Chr3	48325475	TGTTTCATGTTGATTTTTATTTCATACAGTAAAGCATATGTAGAACAGGGGCTGGGCTGTCAGTGTCCAAAATTTGTTCTTTTCCTAACACAAAGCTATATATGAAGTCATATGGCTTCAGATGATTTGAATTATTCTATGGTCTGTCTGAATACTTGATTCTAATTGGCTGGATGGTG[A/C]GCAATAGAATCGTTTAATGCACAGGTAGTTCCAAGTCAGTTTATCACCGTTCTATATTAATCACTCGCATCAACACACACTCTCACACAGAAACTCAAACAAATGTAATCTTACACACTACTTTATCTGTTTGTCTGATTTAAAGTGGGCAGAGAGCTACATCTAATGAGCTGTAAGTATGAAAAATAAC
LG22	ref-29824	85.306			GATTGACAGTCGATCTCAATGCCTCACGTTC
LG22	ref-14112	85.444			ACGTGCAAACGATGGACATGCACACCTGGA
LG22	ref-46031	85.482			CGGGGTAGACCGAAGGTAGTGCAGAACTCCG
LG22	ref-13071	85.557			GTGAGAGATACGAGGCCGGTGCAGCACAAAGG
LG22	ref-61765	85.637			GCCAGTTTCACGAGGGAGATGCTTATGTGGT
LG22	ref-33980	85.728			AGGGACAGGACGAACTGGTTGCAATCGAGGG
LG22	ref-3432	87.909	Chr4	41088559	GGTGCTGTGAGCTGTCAAGAACACGACGGGCACCGACTTCACCTTGCCAAGCAGGTCCCCTGTTTCCGGACTGGCACATTATCAGAGGGGAAAAGAGGCAGTGCTAAACAGTACCAGCTCCCTCTGAAGAAATCATACCTCCCCACTAAGCTAAAAGAACTTGCTCCAGCCAGCCACAGATCATCTCATGGCTTGGACCTCAGAGACCTCGACAAGCTTGCCAGGAACATTGGCAATTTACCCCAATGTGCCGGGTAGTCCAAATGTTTCAGAGTTATCTGCAAGATATCGATTCCATCTGGAATGAGACCAATGTCACCTGACAAAAG

					ATTTGCTCCGAGCCACATCCAGCTCTGAAAGTGCAGCTTCTTGACCGGCAGCCTGCCCATACAAAGACTGATGCTCCAAGTATACAAACCTGCTCCG
LG22	ref-32544_31	89.536			AATGTTGCGGAAATTTGCTCTTTAGAAATGGCTCTTTAGTAAAGCAACTGTGTTGTAAAAGGATACACCGAAGTGCCTCACTTGACGCTGCAGGCGGCTTGGGGGCGAAGTGCTGACCAGGCTGCAGAGTTGCTTGAAGCGGCGAGCTGATCTGGCTGCTGTGAAGCAGCGGGCAATCAGCGCTGCACGAGAGCGGCAATCTGAGCGGCGAGAGAGCTGCAGGCTGCTC[A/C]TAGGCAGCGGCTGCTAGAGAGCAGCGAGCTGCTTGAGAGCAGCGAGCAGAATAAAGAGCGGCGAGCAGGTAGGCAAGCTGACCAAAGCTGCTGCA GAGCGGCGAGTTGATCAGCGGCGAATTCAGCTGCTTGCAAGGTGAAGGCGGCTTCAAGTCTTGTAGATCAAGTGAAGAGATGATATCTGCGTCGTTGAAGGAGAA
LG22	ref-53360	90.751			TTATGTAGTTGCTGTGGAGTTGATTCAACTCATCGACTAGCATGTGACATCATGTTAATCTTTTGTTTTGTTTTGTTTTGTTTGTGAAGCAATCCGGCGTAAAATGACAGCATGGCAACAACAGTCTACTACAGTGGTCGGCAATAGGTGGCCCGTGGGCCAAAAGTGGCCCGCCAGCAATAATATCGTGGCGCCGTTAATATTATCACCGTGTCTATACAGACACAACCTTTTTTCGAGTCGCATTGCGCCGCAACAGCTAAAAGCTGTCTATACTGAACGCGACAAACCAACCGATGCAAAGCACTTTGACTACGTCAGAAACAGAATGGGGAATCCGTTTACTGACGGGAATGTGTTGTGTCT
LG22	ref-17667	99.839	Chr2	53012617	AATTTATTTGAAATATATTACTTTTTATTAGGGTCTCTTAGAACATGTTTTGTTTTTTATTAAGTCCCTCATCTTCTGTTATTCAATTAAGTGGGATATGTGAAAGCATTTTAACATCTGAAACACGTCACATTTATAAAGTTTATTGCACCTTCTGGCTGCTTTTCATATTGGAGCAAAACAAATGATTCCTCTACTGTTTCAGTGTGACTTTTCATGCCATCTGGAAATGGCTCTCAGCGCCCTTGATAAAGCCAAGAAATTTTTGCTTTTTGGCTCTAACGATATTTTTTAATGAGAATATTTGGCAGAAGGTGACAGGTCTTTAGAGCTAGTTGATTCAAAGTCCAGTTGATTTCAGGCACGCTCTCATTACCTTTCCACCCACTTCTCTCTCAGCAATGAGCATTTTCATGATCAAAGGATG
LG23	ref-38331	0			AGCCTCATTTTCACCTCAAACCTGTGATCATCTGATGTCTCCCTCAGTGTTCCTGTCTTGTTCAGTAACATTATTAATCTTGTCTTTGTGAAAACTGACCTGTTCCCTGCTGTTTTCTTAAAAGAGAAAGACGGCAGATCCCGGCGAGGAGTTTGGCAGGCGTGTGCCGTCACGGCAGCAGACTCGAGTGTGTTATGGATGGAAGAAGAACAGTAAAGGACACTGTGAAGGTGAACAAGTCCAAATTAACAACCTCTTTAATTAAGAATGCAAGTGTGAGTGTGAGAGAAATTTTCAGTTGAATGTAAAACATGGAAACAATGGGAAATATTCCAACCGTACACTCTTGGTTTGGTGTCTGT
LG23	ref-17934_6	0.423			AACTT[C/T]GTGCCGAGCGTGATGCATGTGCACTG
LG23	ref-8754	1.504			AAAGTTGTCAGAGTTACAGTTACGATAACTCCCAGGTGGATTAAACAACAGAAAAGCAACAGAGAATCTTCTTTTGCACAGCACAGCGAGAGTATATATATATCCATCACATGAGCATGCTTTATCTGAACTACATTACCTATGATGCATTTCTACTAAGGACTACAACACCCGTAGATATGTTGCGTTCATGTGCGAAAGATCGTATTACGAGCTGAATGCACATGAACGCCACCACAATATCGTAAATACGAGTGGGAGCTCGGGATTTTCTTTAAGCCCCGATCTGAACGAGTTGGGGGCGTGTGAGTGAGAAACATGGCGAAATACACAATACTTATAGGTAATTAGCAGTGACATTGTCAAGGCTTTTCTATTTACAACAAAATAAGCAGATTCCCAGCAAAAAATACGATAGCATCATAATATA
LG23	ref-29550	1.985			GTGTCCAAACTTTTGACTGCTAGTGTATGTGGCAAGGTATTTGCTCTATTGTAGACTTTAAAACAACACTAGTCCAGTGCCTCAATCCTGTACTGCCACTATGCCCGATAAGTTTAATCACT
LG23	ref-70593	1.989			AGCAGAAAAGAGGTATGGGGTTTCAGACCCTCTCCTCATTTTCGAAAATCGCTTTATTTAAATATTCCCTCATGATATTCCCTGCAAAATCGTGGATAAGCAGTTGTTTCCTTCCC TTGCACTGGAATAATGTAAAAAGGAGCACGTTTCGGGACGTTTGTGATGACGTATCACGCACGTTGTCCGCGGTAAAATCGCTTTTCTCCCAGTCACAACCGGCGAGCAGTCGGGAAAACTCTGAAGTGAAGTTCCAGCTCTGAGGAGGATCTGAGTGACAGCTGCAGGTTACGCGCATCACTGCGCCTCTTCCACGCGCGATGGTTTCTGCTGTTTTTAC TCCCATATAGAGTGTCCGGAGGATTTCGGCGCGAGT
LG23	ref-45844	3.095			TGGAACGTGTCTTTGTGCTCGCTCGGTAAGCCATCACAGCATAAGGAACCATAAGATCCCATTCCCAATGACATCGCTCCAAGGTTGTGGCTAGGATTCTGTGTAGAGTGGCATTGAATCGCTCAACTTGCCCATCCGACTGAGGCTGGAAGGTGTTGTACGGGTCTTGTCAATGTCTAGCAACTCACACATTGTTTGAAGACCTCCGAATCGAAATTGGTGCCTTGGTCACTATGGAGTGTAACAGTACCCATAACGGCAGACCCATTACGCGACTATGACCTCTGCTACAGTGACAGCCTGGTTCGTTGGGCAGGGGGTAGGCTTCCACCCATTGGTAAATAATCGTACACCACAAGAATGTAATGATTGAACCATTCGTGTTTCAATTCATGGGGCCCATCGAATCGACAGCAATCCTTTCCATGGGG
LG23	ref-68827	4.511			AACATCTTTTATGTGAAATATTTTATTTCAGGAAAGTACTAAAAAAAATGAATTTTTAATGTTGATCATATATTATACGAGCGAAAAATGATTTTTTAACAAACATTTTGCAGATTCCGCAAGGAGTATGTGAAATTTTCTGTATTCTTAACAGATTCCCTTGCTCTAATGCAGTGGTTGCATAGAGATCGATTTAAGACTCAAA
LG23	ref-53341_6	6.893			CTAGCCACATATATGTTGCTGTTATATTGCAGTATATTGTTTTATCATTATTGTTTATATTATCATCAGCCAATCAGTGTGATGATGTCATCTTCTGTGTCTCCAGAGTGATTGATCATATGACATTATTGTCTCAGGTGATTGGCTCAAAGCAGTGGCTGCAGATCCGAGCATCCGTGAGGAAAGATGGGAGATGATCTTCAGAAC[C/T]GGACGATACGGATGCTGTCTCAGGTTGGTAAATGTGTGCAGATCATTAAACCACTAGTTTAATCTTCACTGGTCGAGTGCAGTGCATTGTGGGATACATTAGTATTGTGTTGATTCTGCACATGTAAACAATAAATAGCAGTAAGTCATTTCGGGTGTACAAAAGAATCTGTTTTAATTAATTTGTTTAAATTTGTTCTTAATTTTGATGAAATTTAATGAGTTA
LG23	ref-3759	20.29			TCAGGCGCTGTATTAACAAACAGGACAAGTCAGAAAACGTCCCAAGCGTTTAGCGTGCACCATCTGACCTAATAGAAGAAGAATGCGCATTTAATTGAGTGCAGCGCTGCAGGCTGATGGAGGAGACACTGCTCTTGTCCGCATGGGGCAATAAATCCACACCAACAGCGATGAGGAGATGCACTCGGATCAGAGAGAGGCTGATCTGTTCAATTAATGAAAGAAGGATTTATTGTTGAGCTGCATTTCAAATGTGCGGCATGAAACACTTGTTTATTGAACGTCTCTGGCTGCAAAATGCATCATTGTCTTGGTTGTGTCCATCACTGCT

					TTGACAGCTTTTATATAGACATTCATTGACTAATAAA
LG23	ref-68527	20.835			AGACCGTGACGACACAAGTGCTAGTTTCAG
LG23	ref-72911	23.901			CGGAGGCTGCCGACATCAGTGCCTGACCTCA
LG23	ref-47126	33.285			TATTTTATACCGAGCGGGATGCCAACCGCGG
LG23	ref-55996	35.832			GAAATCTAAACGAGAGTTCTGCGGCTTTTAG
LG23	ref-44738	38.001			GTCGAATATGCCTAATCTAAATATCAGATTTGAGAAGAAAATTGGATTTCATGCCAAATTGAAGCATAATCATTATTAGGGGCCAAGCACCGAAGTTGCGTAGGCACCTTAT TGTAATCGTTGGCGTTCTTCTCCGTTTCTGCTCTGGGAGTCTGCTTGCGGGACAGTTATGAAATTTGGCACACAGATCGAGGCCAATTTGAACTGTGTCCATAGCAAATTT GGAGTCTCTAACTCAATCCCTCTAGCGCCACCAACTGTCCAAAGTTGCACTCACGTTTATGCTAATAACTTTTGAACCGTAATAACTTTTCCGCCATTTTGAATTTTCCGAA AAACCTACTTTTTCGAACTCCTCCTAGGCCGTT
LG23	ref-38832	40.871	Chr9	14811125	ATCCCTCCTAGGAGTATAAAACCATGCTCATGTACGTCAATGGCGACAGCTGCCACGCCGGCGCCACCTACCTTTACGAGCGCTGTGATCTGGAGATAGGTTTAT TTCTGTGAAAGGGTATGGTCGTCCTCAGTCTTTCAGTTCCACCATGGTAACGGTATCACCAGGAGGTTTCATGCATGCGGTTTGAGTGGAGGAATACAGTAGCTAACAGGCCGCC GCTGTTCTCTCCTCCATCTACATATGAATCACTAAAAGGCCTTTTTAATGGAAGTTCAATCATCTCCCCTTTGATTCCCAAGATGCAATGTCCTGATTAAAGATGATTGGATG AATGGAAAATGGCATGAATATGTGATTGGGTCTGT
LG23	ref-65353_25	42.833			TAAAATCGATCGATCTTACTGCAG[C/T]GTGCAAC
LG23	ref-39695	43.188			GATGATGAAGGTGATGATGATGGCAGCACTGGTTTCTGCTGCCATTTATCCTCTCTGTCTGTTGATCTCATGGGAACAGAAGTGAAGTACTGATGCTTCTAGAAAATACCAACACC AAGTATGAGCATATAACCGAATTGTAGCGATCATGTAATCTCACACTTTGCATGTTTCTCACATTGTATCTCACACTTACGCATTGACATACTTGGGTGCAATCCTGTGCT TGTACCTGAGACTTTTGAGATCGGTCTGTGAGGAACTGTTGATTGAGACGTGCTTGGGGACTCTGATGTGGCTTTCTGCTCACCTGTCTTTTGAAATCAGTAAAAAGGAAAT TTGAATCAATTACAAAAACAAACACCACAAACACAATATACACAACTGTACTAGATAGTATGAGTCCTTTAATTTTAAATTTATAAATGTATAAAT
LG23	ref-69008	43.977			AGTGTGGATATACGTAAAATGCACAGGGGAACCTGTGATGAATCAAACATCAAATAAAGCAAAATGACATAAAACAGTGAAGTAGTCATTAGGTGCCATGTTCTGTTACAGC AGCATCTCGGAAAAGATTAATTAGCAGAAGTTATTACTCCTCCACCTGCGCGTGATGTCTTAATGACAGTCCTATATTGTTGAACCAAGTTTGGTTTAAACAACAGAGGTG CAACCATGTTAATACAGTTTCAGGAAACAGTCATGACCGGTTGGTTAGTTTCTCCAATGATGCATCATACTATGGTAGTTAATCAGCGAGTTACATCATTGTACGGGAAAC GCAGCCCTGATCACATTTAAACATTGTTTCCAAGAGAAGTGTATAAAGTTTATAAAACCATCCAGATTAGAGCTTGCCAGATAAAGAAAGTTCCTGCCA
LG23	ref-73247	44.213	Chr9	50785266	CGCTTTTGATCTCAGGATGTATGTCAAAGAAAGTAACAGTAATGAAAAAAAAAATGTCAAAAAGAAAACAAAGCGAGCAAATGGAAGAGAGAACTGAGAATAAGAAA AAAAAACTCTTGGCAGACAAATTCACAGAGCTTAAGGGTATATGATTAACCAACCTCTCCATTCTCTGAGTCCCAGGAGAGACGCGGAGCCTTCAGGAGTCGGAGGAG CTGCGGTGAGAAGCCTGTGTAGTTGGAAGAACAAGCAAGGTTAATGAGTAGAAGTAAAAAGAGCAGAACTGACATTAGTTTAAAAACAAAGAGTAGAAAGAACAGAGTCC GTTTGGAGAAGACGAGCGCTCGCTAGTCCTGTGCGCATCAGAAATAGACACGGCTCATTCTCTTTGATTCAACTCCCTCATGACAGTTTTAGCCGCTGTCTCAGA
LG23	ref-60593_28	45.478			ATGGCATTATATTTAGATCATGGCATGAAAGGTTGCAGAGATGAAAACCTGTGTAGCCGATCACAGACATGTTGAGGGCATGAAAGCAGTGATCTCGTCATTGCAACTCAA TTTCTGTACACTAACAAATGCTTTTATCTTTACTATCAGTGCAAACGCAATATAACTAAGAGATTTCGTTGAATTAACCTGGAGTTTGCACCTCAGTCACGATAAACTTGCG CTGTTT[C/T]ATTGACAGCTTCAGCGCGTGCTGCTCCAGCAGCTCTCAAAGGGAGCTTCTCTGATCACTTTCTTTATATAATTTAATCACCGTTAAATAACAGATTATTTTCA TCCTACTAAGAGAAACACGCAAGTTGACGTTTAGTCACGGGTTTGATTACTGACACACAGACAAAGAACATCTGACTGTACATGAATCATTAAATAT
LG23	ref-9392	46.384			ATCCTAGGATCGAGCAGAATGCCACCTGAAT
LG23	ref-18085_23	46.668			CACCTGGAGGCGACTGAGATGC[A/T]TTGGCTTTA
LG23	ref-194	46.716			GCCGGTTTTGAATAGCAATTGGGCTGGTTTGTATGCAAATCTGGCAACCCTGATTCTAAGTGCGCACGGCAGTTTTGTCATCTACCCTTTAAGGGGCCATTACATATT GCGTCTTTTGCACGCTCAAATTCGTTATTTCAAAGGTAGGCACGCAGCAAGCGCGCTCATAATGGAAGCGACGGGGTCGCGACACGAATGCGGTGCATTTTCCAGGTGCAT CGAGATGAAAAAATTTTCAACTTTTCAAGATGCCGCAAACACACCGCAGGTATGTGACAAGAACCAAGCAATCAGCTTCGGCCTTCTGTAAACAAAACATCGAAAGCTC AGCCGAACAGCTGATCATAGCTGTACAGGGCGGGTT
LG23	ref-36021	46.904			CAGATCCACACGATATGCATGCCATTTGATA
LG23	ref-51794	47.783			GATGTGCTGCCGAATCCTTTGCTCTTGATAC

LG23	ref-18085_14	49.138	Chr9	23478264	GACATCACACACCCGTTTCATAGCATCAAATAACTAACTAAAACCAAACCTTATTTAAAAAAAACGAACACTTGAACCTTACATCAGTGTGATAAAAACTGCCTAAAAATGACAGTAACCATCTTTGGCAAAAAAAAAAATATTTTAAGTATAATTTGATTGTTAGTTTGGCGGGGTTATGACCTATACTGCATCCAGCCACTTGGAGGCGAT[C/T]GAGATGCATTGGCTTTACTTTTCAGGACTTGTGCGGTACACCAAAGACTATAGATATAGAAAAGACAGTTCACTCCTATTAGTTATGAATTGGAGAAACTGCAATGCGCAATATAGCGGAATATGTCCCGCTTCTAAGTATAAGAGCCAATCGCTGATTGATAAAGTCATTGCGTCACTGCAGCTGCTCTTAGAAGCTCCGGTTCCTATAGAAACAT
LG23	ref-39915	49.769			TTTCAGTGCCTGATAAAAAGTGCAGTACTCCC
LG23	ref-29308	50.845	Chr9	16846527	CCTTGCTGTAAACATTAACATGCTATGCAATAAAGCTCATTCTGATTCTGAAGAGAGTAAACCAAACCATTGTGCAAAGTAACTTGAAAAACAGTCACGTGAATACGAACCCTATAAACACATTTGGTCCCTAGTTAGTACTGACAATGTAAGTGAAGTGTACAGTAGGTGGCTGCAACTTACTTGTAAGGCACTGGCCAGACCTGCTTTCCACTAACCTAGAAAACGACCAACCCACAAATCCAACAGTGAAGCACCGCGTAAATGAAGTGAACGGAATACTTCATCTCAGCACAAACAAAAACACTAAAGTGCTGTCTTTCTTGCAGCTCTATATATTGTTTTGTCTCACATCCTTGTTTTA
LG23	ref-55857	51.023			TAGTTGATTTAATTATAGAATATCAAATAGGTTGTGATTGTCGTCTTAAAAAAAATCCTCATGTTTTAATGGTGACACGTTTCATGTAAACCAAAGAGTAGCGCGCGCTGCCAATAACGCACCTAAAAAGCTGTCAATCAACTCTTAGACAACAGTAGAACACAGACTAGCGTGGCATATAACAGAGACGTTAAAAATCAGTGTTTACACGCACACAGGTGCCATTACAGGCTGTTCACAATGTTATAACACGTTTAGGCAGCCTAAAAATCAATATGGCTTGAGGTAGGCTTGCTGCGATAGTCGGTGTTGCCGGTGTTAAGGAACAACACCAATATCACCACTTTCCACCGCTCCCAAAATTGGTGCTAATTTGAAAGTGAAAGTAAAAATCCCTCGGTCACTTCATGGTGTTGTGTCCACTGGTGAAGAGCG
LG23	ref-23182	51.548			ATTTGTGCATCGATTGTGCTGCAGTGTTTCAT
LG23	ref-20490	51.666			TAAGTAAACAGCACTCACTGACTGCCTTGAGTTGTCAATCAGAAATTGACTAATACAATCCAGGGGAGGGGAAACAAATGTTGGACTGGTTAGCATGATTCAGCTACTGTATGTCCAAACAAATCATCTTGCTGCAAGATGATGTTTATGTATTTATGGATTGTTGTCATGATGCTTTTTTGGCATTATGGAGACTGCAAGTCTCGAATTGGGTGTATCCGATGAGGTAGACATACAAAATGTGCAGTGGTAGGGAGTCCCAAGATCAGGTTTGAGAAGCACTGTTATAGGACACTTTGGTGGGGGAAATCTGTATGTAAAAAAAATAAAAAAATGGTAAAAGCCTATTTTATTCTATTTTAAAGCAGTAAGGTAGAAGAGGATGCGACTATACTGTAGTGGTGTGTTAGCTTTTTACCCC
LG23	ref-68183	53.174			TCGCATACTCAAGCAGTTCATACTTGCTGAACCTAAAATGTTGTAAAAAGTGCAAGCATTTCCTTGACACAATTTGTTGAGAAGATAAGAATAAGTGGTAGACTACTGGAAGAGTTTTTCTATGAAAAGCTGCATAGAAAGCAGTACTCAAGAACATAAGCATGGTTGTTTTGCATGCAAAATACTTGAGAGTTTGTATAGTTGTATAAACACAGGATGGAGTAGGAGTTTCCCATGAGTGAGTAAAGGGGAAAATCAGACACAGATGATGTCGTGACTATTTCTTTAAGTCCTGAGTCAGTGACTTGTGTCTGTCAATTAACCTTACTAACATGCGCTTTGGGGAGTTATGAGATCCTCCTCT
LG23	ref-7127	54.044			CTTACATTATCCCAAAAGTTCCCAAAATTTGTAATCTAGAGAAATCCCCATTTTAAATTATGGCTCGTCCCTTGTCATTGTCTATCAATGACGTAATATCCGCGCTATCCTTGGTTTCCGCTTGTAAGAAACCATGGCAACTCACACGGACAAATGCGGACATGGTGTTATACAGCATCTAGCTTGTTGTGTCGTTTCAGTCATCGTGGATCACGATTATTCATTGGAATAACAGAAAATCCAAACGTAGATCAACTGAGGTCTCATATCTCTCACAGAGGAGCTTCGGAAGCATAAAAGGAGAACCGACCACAGTGAAGGGATAGAGAGTACCAGGCCTTGACTAAAATTTAAACGTAGATC
LG23	ref-60208	54.078	Chr9	44324510	ACATTGATATGCAGGGGAGAGAATCTACTATAATAAAGCAAAGCTACATTTTTCACGTTTCTGTAGCCATTCTTAATGGAATCTCATCACTCACCGAGAGTAAACAGTGTCTGTGCAGGGATACACACTATAGCAAACATCATGGGACCATATGCCACAGCATTAGATGGTCTCATAGCATCAGTATCAGCGTGTGTCTAACAAGAAAAAGCTTTATCACAAAAATCACCTGCACGGAGAACAGAATTGATCAAAATAGAAAGGCTGCCTTGTTTATGGAATGCATAAGTCCATTTAAAGGAACCATTACCCAAAAATGCAATCCAAATCTGTATACTGTGTCTATTGAAAAATGGCTTTTTTGCGT
LG23	ref-8684_9	54.553	Chr15	43152812	AGGAATCAGACTACACTGGTCACGCTGTATGATTTTGATTCACTAAAAAGTGAACGAGTGATTCAATCAAAAAGAGACACTTGCTGAGGTGCGAACCGCATACTACTTTTAAATTTCTGCTATAGAAAGATATGATAATGGTAATAGCAGTAGTACACTAGTATGCAGTTCGGAAT[C/G]AGCAATTCGGTCGGGAATCACACCAGTGTGCCAGATGTACGATAATTATCGTATTTGTACGATAATTTTGACCTCTATACGATGTACGATCAATAATGAAAAAAAATCCCATGATGTACGATAATTCAGTATTTGTGACACTCAAATGATGGTCGTTATAAATCGGCTCATTGATCTAGATGTGTGG
LG23	ref-46283	54.656	Chr9	43707798	CACTAACACAGCTAATTGACGGGAAATCTGAAGAACCTAGAAGTCTAGGTGAGGACAGACACCTCGTGCCAGTAGCCAATCAAAAGGAGATCAGCGAAAGCCAGTTGAGACAGGAGTTTTAAGAGGCAGTGTGTGGGCAACCTGATTATGGAACCGAATTAGCGGGTGACAGTCACTGAGTCTTACTGAACTGCTTTCTAAATGTTAGAAACGAATGAATATAAATTAGATTTTATTTACATTTCATGTCATATCCTATGCACCAAGGCAAAATGAAAAACATAAATCAGCAGGACCAATATTATGAGGTCTATAAATAAAAAATAATAAATACTCTATTGTATATACACTACCATTACAGAGTT
LG23	ref-63406	55.235	Chr9	38883390	GCGGTTGGCTAGTAAGGGACTTGAAAACCGGGTCATCAACTGTGGTGGCTACATCTTCAAGCACTGGGGGTGACAGTAGTCAGGCCCGAATGGTGTCTCTCTCCACTGTATGGGTTGGAGACCTTCGGATTCTCACGGCCAGTGAGCTGACAGATCCGGTTGAAAACCTCAGTGGAAGCACAGTATCCACTGAATAAGTCACTGTGGAATCACTGCTCTGTTGGGATGTGCTAGTGGCATTGGTGTGTTTCGCCAGAGGTAAAGGGTGGGATAGACGAAACAGAGTACCGGTTCTGTATAAGATGTCTCACTGCTACCAATGTGACAT

					CTCTATTGATCACTGTAAGAGGGGGTGTGAATTG
LG23	ref-37852_18	55.561	Chr9	39748153	ATGGTGTGCTATATGTTTACACTCTCTCTTTAAATCTCTCTAAATCTCTCTTTGTCTAGTCTGTCCCTCCTCCTCTCTTGTCTCAACCCCTCTGTGTGCTCTCTCAACT GGAACAGGTGGAGTATTAATTATGCATTAATAATACAGAGGACCAACTATGATCCACTCGACTGCAGCCC[A/G]ATCGTTCGCCTCATCTCATCTCTGTCCATCTTTCT TTCTCCTCATCCCTGTTTCTCTCTCCATTCCACTCTGTGTTGTGAATTGCAGGAGTTATTTCCACACTGAGCACGTCTCAGGGAGTGAAAGGGGATTTGTTTGTGCGGCAC ACTTCCTCTACCCCGACACTCTACTGCTGAGA
LG23	ref-69365_32	55.689			GTAATACAAACGAGTCAGTTGCCTTGGTAAT[C/G]
LG23	ref-66839	55.696	Chr9	21063555	AGACCTAGACCACTATTATTCTGTTGTGCTTACAGCTAAAAACAGGAGGTAAAAAGGTAAAGTTCAAACATCTAAGAGAAGGCCTGATGTCTCCAACATGCTAAATATTCA GTCATTATCAATGGGTATGTTTAAATTAATGTGCTTTTCCATAAAAAACACAGCTGTGTCTGATTAGTGCATCCTGTTTCGATGAGGATTAACACAGAACATGTTCTCAGGCG TTAACTTCAAACCTTTTCTGAGGAATTTTAATATTTGGTAGGTGTGACATTTATAGCTTTGAGACCCAGACTGGTCTCATAAAATGTGCAAGCCTTTTACGGCTTTATAA ATATACACTTCATTGTCTTTTTCATTACTGTT
LG23	ref-23548_23	55.924	Chr9	23024523	AGGTCTGTCCACAGTCCAGATCCACTTGTCTTGGTGGCCTCGTACTTCTTCTTGTAGTCAAGCTACAAGGAGAAGAAACACAAATAATGATACGCTTGCTTGTGATTCAAC TTCACAGATGCTCAATGCAGATCAATGTAGACTCACATTGCTTATGTTCTTGTAGGCCTCCTTGGCGGCACGGATGTCG[C/T]GAGCGTCAGGTGCCATGTTGATGTGAGCC TTGTTTCTTTCATACACTTCCTTGATTTTCAGCTGTAAAAAAAACAACAGAAAGTTTGAAATGAAATATACAGACATAAAAAAGTCTTGAATTTGGTTCCTTTCTGCAAAATGAA AAGAAGGGTAAACTTACATTGCTGGTGATCTCCTTGA
LG23	ref-22345_5	56.73	Chr9	24014438	CGACATGAAGGTGAGTAATAAATGACATAATTTTCATTTTGGGTAAACTAACCATTTAATGTTTATTCAATAAAAAAACAATATGTTTACAAATGCGCATGCTCCCGTTG AGCTTCGCTTTTTTGAGAATATGCTAATTATTCATTTTCAGGTGCCAATCAGTTGAGGCGTT[A/G]TGACGCATGGCACTCGGGCAGCGCTTGGGAGGCGGAGTCAAGTGCT GAACGCAGAATAAAACCACTGCAGCCCGCAGCAGATCTCAGTGTGAGGAGAATCATGGACGTAAACTAAACAGAAAGTTACCATGATAAAAGTTAGGCATTTCTTTCAA ATTACAGCAACAACACCCGTTTCCCTTGTAATCAACAA
LG23	ref-9359_27	57.221	Chr9	24523353	CCCTCTTGTGGGTCTGGAATAGCTTAGTCTCTGAAATGTTTTTACAAAGGCAACCAGGGTGAATCTGTGTCTTGTGTTGTGATAAGTGGAATATTAAGTCATTTCCATTTT CAATGTTATTTTCAATTTTGTTTTTCAATGTTATTTTCAGTTATGTTATTTACTCAATTATATTACTACATACTACCTCCTAGCTATCTACCAACTACGAACAGCATGCTACCG [A/G]GCTAAATAATAGCTCATTGACTAAAGCAATGTTCTTTATGGACCAGAACTGTTCTAAATCAAATCATAACTGGACATTAAAGCCTACTACTATAACTTATAGAATGT TTGTAACCAAGCAGATTTATTTTCGGGTAAACTATCCATTTAACTTGGTTAAACTGAAGCTACAAACAGAAAAAACATTTTTTGCACTTTATGA
LG23	ref-22008_3	57.255			TCTATAAATTTATATTCAGTTTTTTGTGTTTTGCCTTTATTATGACAGGACAGTACATTGACAGGAAGCGGAGTTGGAAAGAGAGAGGGGGAAGGGAGTGCGGAGTTGGA AAGAGAGAGGGGGAAGGGATCTGAAATGGTCCACGAGCCAGGACTCAAACCTCAGTACGCCCCGAAGCGCAACTGTGCTATACATGTCGGCGC[A/G]CTGCCGACGAGGCTA TTGCCACCGACATATAAAGTTAGATTAGTTTATGAACTTTTAAGAATTTTGTTCGTTTATTTTATATTTATGAAGATTTTACATAAAACTGTGGGTAAATGACATCAAA AAGTGTCAAAAATGTTTCGTGAGAATACACTACAAATTTATTTTTCAAAATCGTAAACAAACCTGTGTGGTGCTTTACATGTCGATCTGGCAGACCTTC
LG23	ref-18359	57.356	Chr9	25990786	ACCAAAACAATATTATCATAGAAACGTCTATCCATTATATTTCTTACTTTTTAAACATGCTGAGATGTGAAATCTGCGCTCAGAAATGTAGATCCAAAAATGAACTTCACT AACAGGGCATGCTTCTGTGCCAGCACGCATAAATTACATCACATACAAACCAGTTAATATTTTACAAAGGGAATAAAAAATAAATAAATGGAACCGAATTCTATGC CCTGGACCAGTGCAAGCCAGTTGCAGAGATTACAATACATAGTAAGGTCTGAAATGTGTTAGATGTGAAACAAAGGGTTCCTGCAGTCAGCCTCTCGGAGGTGAAAGGT CAACCCGGCACATCTGACATACTGCACATTAAGATGTGTGGGCCAGGGAGCCTTGAGGTACTATTTGCCACCTGGCAAAAGATCAAGTCGTAATGCTTTG
LG23	ref-19862	57.532			TGTGAAGCATTTTTTTTTATCACTATTGTTGAGATTATATGCTGATTCTTGATGTAATGTCTGTATGTGTGTCTAAGTGATGCAGTAATCAAAAAATTTGTATGCACTACA CGGTTTTAAAAATATTTCAATACACCTGTTTGTGCAACACTTTGTTTTAAATGACAAAACATATGAGCAGTGTCTTTGGATGCAATCCAAAAGTCTCACAATGACTAGATTA TCACATAAAAAACAGCTAATGTCTGCTCACTGTAAGGCACTGATCTCACTGCTTTACAACAAAAACCTATGCATTGTTGCACAGAAAAATCTAACACAGAAATTTAGGGT CAAGAGCCTAACTTAAGCAAACGCTGATCCTCA
LG23	ref-16952_30	58.074			GGGGTACTCTGAGGTTCCACAGTTGGAAGAATGTGATTTGGTGCACCTTGAGCCCCCAAAACACTGCCCCGGGAGAAATTGTCAAAGCCTTTCATCCAGGGCATGCAAGT TTACCTCATCTCTGAAGGTGAGGGCTTACAATGCCATTGGTCAGACCGCCTCCGCTTGTATGCAAAGGCCATCTGCAAGTTTATCAGGCCAAAGTACCGAAAGATCTGC ATGAGGG[C/T]AGTCCCGACCCAGAAATGATGCCGGAGCTGCGCTTAGCAACTGACTATGTCATACAGACAACAAAGGTCACAGTGTTCCTGCATAATTACTGAGTTGGGA CTGAGTTGGGCGCTGAGGTAGGTGATGTCCACACTTGTGGTCCAGGAGCGAAACCTGTGCCTCAACCTTGCAAGGACTGGGGATGGGCCTCACTCCTGGTT
LG23	ref-26125_8	58.311			GAAAAAATCTGGTCCAGTTCCCAAAATGCAGAGCCGCTTGATGCTCCACCAGCCAGGAGAACTCTTTGCGATGCCTGATGGTGGCACTGGATGCTCTAGGTGGACGGC CTTATTCTTCTCCATCCGGCAGCGAGGCCCATCTCTACAGCACCTGCTCTCCCATGCTGGCAGCTGGATGCAAGCCCTGACATCGACACCTT[C/T]TTCGACCCGACTG CAGCCGCCCTTCCATGGTTTGGTGGACAGTATATACGTGGAGGCGAGTATATCCGTCCTCTCGCCTAGCCTTCCAGCTCCACCACCTTGAGCGTCTTGGCGGCAGATTCTG

					CACAATTCAACTCGATGGCACCGCGACTTCCCTACAGCAGAAATGGAGATGACAGCGCATCACTTCTTCCTTCTGGGCACCAATGTAACAATGTTTGAA
LG23	ref-66368	58.698			CTTCAGCCAACGAGCAAACCTGCCGCAAATGA
LG23	ref-8287_9	59.023	Chr9	29852843	CTAAACGAATCATCGGGGTTTGCTGGTCAAATAGTCACAAAGCGGTGCCAAATTTTAAGTCATTATCCGAATGATGCAGTCGGCAGTAATCAGAAAGGGGCGGATTGAC AGATGGGGCGCAGTTTCTTTCTTCTCCCAATCAACCTTCACGCTGCTGGTGGTGTGAGTGACGCAGC[A/C]CGCAGTTCTCTCGCTGTCTGCTGCTGTAGTAAAGCACAGGG TCTGTTGTCAAGCTACTTGTAGTGTGGTCATTTGTTTCGTCTTCAAGGGGAACATCGACTAACGTTCCGTTTCATTAATGCATTTCATTTCAAACCTGGTCTTCATAAATGAA TCTTAAACGCAATAGCGTTTCATTTCTCTTAAAAAAC
LG23	ref-19953_17	59.43	Chr9	33709172	TCTTTCTAGAGATTAGATTGTGCCTTTAAGAGTAAAAAATAAGGTGGTAAATTGTATAGTATTGTGCGGAAGTAGAATTTGAAACTACTTACGTCAGTTGCCGTGTTGTGTAT AGTCCTTTATTAGTTTCACATGCTGTTTTATTGCTGAATGACATACATACTTGCTTATTGTGAGAGAGCACAA[C/T]GCTCGTCCTCTGTCTTTCTGCCTCTCTGTAAAAAGAC ACAAAGGTGACTTGACTGGCTCAGAAATGTAGACGTTAAGCAGCACTGAGACAAAACATGTTTCTCTGTTAGCGGGATCAGCACTGTAATCAGAGCTGTGCCATTAAAGT GCTTAGCAGTGTAGAAGTGCCATTGTAATCAAGTACT
LG23	ref-46675_31	59.601	Chr9	26335140	ACACTTTGGATTGTGGAATCCACCCAGGAGTGTGTGTGTGAGTGTCTGTGTGTGCGTGTGCGTGCCAGAACCCAACAGAGATCAGAAGAGCATCACTCTCAAGTTAAGA TCGATATCTTACCCCCACCTTCTGAACCTCTACACCTCATAACACACACACAGATGGATATTGTGCATGCTGCTCGTGAGCACC[C/T]TATCTCAGGATTAGACTGAAT ACGAGGACAAAAATTGTGTGCTGAAAAATGAAATAATAAGGAACGGGAAGAAAAAACTGGATGGGTGTAATTGCAATTTATTTCCACTTCAGAGCCTGTGGGGTAAAAGA GAGAGAGAGAGAGAGAAATCCTTTAATATTACAGCCTT
LG23	ref-2507_3	59.761			AT[A/G]CAGAGCTCGAACCTCCTGCTGTGTAGCCT
LG23	ref-71508_1	60.037	Chr9	31928512	ACATTTCACTGAAAAATTGTTTGGCATAAGAAATCTTGGAGTATAGAGGCAACATCATATTGACTTCTTTTAAGGAGCTTTTCTTTTGTACTTTTGATGGTGAATAGTGA ATGTTCCCTTTTCAGGTGAACATTTCTTTAACTAATTCCCTTTTGCTTAGTTTTATTGGACAGTCACAACCTGCTATCCATTTTTTTG[C/T]CAGTACCCGATCAAGGTGCAA AACTGAAACCCCTGAGTATGTGCCACACTCTAAACAGATTGTGTTTTTTTGCTCAGTGGGTTTATTCTCTCCTACGGGCCTGTGCTATAATCAGTGTCAATTCGGTCTGTA TGAATACACCCAAGACCTTTGAGCACTACCCGCCCTGCAGTATGTCACCTTACCCTGGACACACTGCTGATGTTCCCTACACTGCAGAGATG
LG23	ref-6737	60.319			GGTTTTAAACATAATATGTCCAATCACATTTTCAGCATTGTATGCTTCAGCATACGTGGAGCAGAACTCGTCAGGTCCTTTGCACAACATATGAATGAATGAACAACAAA AATTCAGCTAATACAACCTCAAGATACAACATTATTAACCTGATAACGGACTATTAGGCTCTCAAGAGCACAGGGTTGAATCGCTGTACATGTTGCGGATTAGACACTG CCTGTCAAGGCCTCGTTCAGTTATCAGATAAATCATCTTGGTTTAAGCCGGTCAAATAATTACAGTTTCAAAGATCACATATATTTAACGACACGAAGCCAAACAACTCG TGGTTTTTCATACAACTACCAAGGTTTTCAGAATGT
LG23	ref-63101	60.878			ATGTGCAGCTCGATTCAATTGCCTTTTAAAG
LG23	ref-9473	61.053	Chr9	35993735	TCTTTTCTACAGCTTGCCATGTAGAGGGACCCGGACTACTGGGATGAGCTGCGGTAATGGGGAGCTGGATGTGATGAGATGTCAGGTCAGACTCCTTCTCTAGAGATGTC ACAAGACTTGTCTGTAGGATTGCCGGTGACAGGGCCAGTGGGCTGCACCAAGCAAGAGGCAGGTAATGGGACTGGCTTAATGGGACTGTCCTCAGGCGAAGTCATCG CAAAGGTCTCACTGAAACACAAACAAAGAAATACGTACACTCGATGGACGATGGACACAGGAATATCTGAGAAATCTAGTTCTGTAGCATAAACACCAAACTATCAGTA CAGATGCAGAAGCAAATAAATGTGCGACCCAGACTAGCCTAAAGCCAAACCACATGTGATGACTTGTATTTATAAAATTGCAGGGGCTGCACAATCGATA
LG23	ref-5830	61.894			CATTCTGACACGACATGAATGCACTGAGTTG
LG23	ref-57380	62.225			CAATGTGGTGCGACCATTTTGCTATGGTTTC
LG23	ref-27068_32	62.322			ACTTAGTACCCGAAAGCACTGCACTGTGTTT[A/T]
LG23	ref-46385	62.572			TCCTCCGAAACGAGTTTGCTGCACAAGTCAC
LG23	ref-65214_6	62.801	Chr9	14453681	AAGTGAACCCCTCTATGAGGTTGGAGTGTGAGGACTCTCACACACACACCTCCTGCGAGACGTTGTCACTGTTAATATAATACAGAAAGAGAAGAGAGAATTTATGGTC GCATAAAAGTGGACACGATCTCCCACAATGCCTGACTGCTCAGGCTGGGTTACAGAAAGCCACA[C/T]GACCGCACTGGGGTCGCTGGAGAAGAAAGAGGTGTTGCGTTCC CCGCCCTGTCCATCTTTCCCCGTGTCTGTCTTTTGTCTTTTCGTTCCCTCCATCTCTCGCTGCTTTGCATTGGCTCGCTGCCACACTTTTTTTTTTCTCTCAGACTGATGGGGC CGCTGGGAAATGTGGTGACGCTTTCACAGCTCTGCTCG
LG23	ref-27068_18	62.929			ACTTAGTACCCGAAAGC[A/G]CTGCACTGTGTTTT
LG23	ref-54099_18	62.997			ACGAGGTCCTTTTGGGGAGTTATTGACGGCGAAGGTGGGGTGTGGGTAGGGTTAGTATTTGTTGTAGCATTGTGTAGGAAATCAGCACTGTGATTGACATGACCAGTGAA ATCTTTGGAATGTCCTGCGGGGCGAAGTTTGCCTGAACTGGTTTGTTTTACGGGGGGAATAAATCATGCATATGTG[C/T]CGTGTTGTGTTTGTGTCATGCCCCGTTTGTAGT TCCTCATCTCTAGCGTTGTGTCAGTGCGCAGTGGTTTACCTGCACAACCTCTCACTAGCTGCCCACTGTAACACACGCAATGCGAGAGTCGCTGTCTGTTATCACAGCTGAC

					GTGCAACAAAATGCTTCATGAAAAATAAAGCGCAGCTG
LG23	ref-54099_32	62.997			AAACACAACACGACACACATGCATGATTTTT[C/T]
LG23	ref-65214_8	63.273			TCTTCTC[C/T]AGCGACCCCAGTGCGGTCGTGTGG
LG23	ref-32696_15	63.881			AATAAGCCTTAGGAACAGCAGACATATGGGCCCTATCTGTTGTACAACACTTGGATAAGAGACACAACCTGCTCTTTTCTCCACAGACATTGCCTTGCAGAGAGCTCGGA CACCCGTTGCTGGAATTTCTGCCACTCATCTGTGCTAAGGTGGGTATGTGGACGCTCTGGACAATGCAT[G/T]AGAGTCGATGTTCAATTCGGCTGGCTGTATTTCAGA CTGAAATTGTAGGTGGTAAGGGCTGACAACCAACGGTGACCAGTCGCATCAAGTTTCGCTGACTTCATTATATAGGTTAGAGGATTGTTATCAGTTCTAACCTCGAACTGG ACACCATAGAGATAGTCGTGCAGTCTATCCACAACAGC
LG23	ref-32696_4	63.895			GAA[A/T]GAACATCGACTCTGATGCATTGTCCAGA
LG23	ref-67455_32	64.146			CTTCACATGCTTGTATAACGTAATTACAGCGGGTCAACTCGTAATTTTCTGTGAGCTACGACTTGTACCATGTGGCCGCTGTACCACCTGACCACTGCAGATTTAAGGTGTG TTCGACTTGAAGTGGCGCTGTGCCAACCAATCGGTGTATGACATCAAAGCACCGCGAGAGTGATTGAAAGCATTACAGAGCTTTATTTACGGTAATTACGACATGGCTGCA TGACTTAT[A/C]GTTTAAACATGTAAGTACTAGTAGCCTGATGTTAGCCACTTTACATGGCCGCTTGCTTTTACGTTAACGATAACCTAGATAAATGTGCACTAATATTAGG CGCATATCCAAGTGTTCTTGGCGAGTGTGGAAGCTAAATTAGTAGCACGCTTACTGCACGACATGTTTAACTTAAATTCCATGTCCATGCCATCAGAAT
LG23	ref-33266	64.434			CATGATTCTAGTCATAAAAGTGATTTTCTTTAACTACACTTAATTGCGCTTTTAAATTCATTAATATTATATCATCTGCAAGTACAGTTTTTTTAAAAATATACTTTTAAAGATTC CAAAATGCACTACAAGTTCACATTAAATACAACATAATTGTGCTTTTTTTTTTTTTTCAAAGGGTAGGCAGATCACTAGGTTTTGGAACAGAGCTGCCAAGCACTGTGCTTTG AACCTGGGATTTGATTAACACAGTGGAAGAGGTTATAACTTCACACAATCCACAGTCTACATTCTACACATGGCATCTGTGTTTACACTCATGCTGAACACAATGAAC AAATAGAAGAACAAGGAGCCCTCTGCTAATTAGGCCATGAATAATAGCAGAAAGGGAAATGCGTGACACATCCCAAAATCAGTTACAGGAAA
LG23	ref-24605	64.791			CAGGTCTTAGGATTTTGAAAACTGAAAAGCTTGTAGGTAAAAATATTACAGATGAACCTTCAATATATGGACTAAAAGGTGTTTCAAAATTGATAACTGCATAATCTATAA AACACATATACCCACGTATAGGCATATTCAATGGTATGCCTCAGATATAGTCAAAACAATTTTGTAATAATTAATTTTTTGCATGAACATCTGTAGAGCGATCTGTACGCA GCACAATATGAGCAATATTGTGAGCATATACAGACCACAATCATCATGTTTACAGATGAAAGAGGGAATGATGCTCACTCAGAGGATGCTGCTGTGCCATGGTTACTCTG GGTTGTTCTTTGCGAAGGATAGTGCAGATATAAAGGGGGATGTAATTCGAAGTATTATCATACATCGCATGCCATCTTCTGACACCTCCATTGTC
LG23	ref-18100	65.071			CTGCAGAATCCGATGAGGCTGCCTCGCACGT
LG23	ref-14028_18	65.531			TCTCTTATATCGAAATCTGCTGACATTTCCGTTTAAAAATTTCTCGTTTTAGACTTCTAATTCATGACCGGTGTTTTGCTGACTTCGTCAAAATAGTCCCTTCATCATTGCATCC AGGTCAAAGGTCGCTCTTTGCACATTCTACGTACGGTCGTGTCAGCCTTTAGCCTCCTTGTTAGAGCGTCTGACTTCCACGCCGGAGAGCCAGGTTCGATGCC[C/T]GTGCA GAGCGTGGTGAGTAGGACCTGGGGAGAGGGGTTGTGTTATACAATTTTAAATATGGATATTTTGTGTACAAAACGCATCGTTTCGCTTCAGAAGGCCTTTATTAACCCA CTGGAGTCGTATGGATTACTTTTTTTTTTTTTTGGATGGATGGATGGATGGATGGATGCATTATTTTACTTCAAAACGCAGTCCCCCATTCAAC
LG23	ref-19813	65.545			ATTGATCTATCTTACTGCTGTGTGCAGCAAGTGCTCATAGCAGCCACCAAGGGAACGCACGGAGAAACGCTATAACATCATTTTCAACACAGTCTTTAATATGACAAACA GTGCTGCTTTACCCACATACTCTTGACTGGAAGAAGCTGAAGCGGCGACTGTGGCATAATAAAAGTTGCGCTGGTCTCGAGACGCGAGTCGCACTCGTCTCTCATTAGCA ATTGCTCCAGCGGCCCTGTTTCTGCTCGCACAGCACTCGGCCCTGCTCTGGTTCATACTACATTAATGTTAATAATCTCATCATGAACATGATTTCTGCCAAGTCACGTTGG ATTCTATCCCTGGCTGTGAGGTGAAGACGTCAT
LG23	ref-49298	65.977			AAAGCTGCGAATTTTTAGTGCGAGTGCATACAGGCATGTCTGCTTCATAATACAACATAAAAGCTACCTTTTAGTGAGCAAAATGTGTGCCCTCGCCGTGTGGTGTCTTGG ATTTCCAAGGGGAATCGGATATGCGTATTTTGACGTAGGTTCGCATGTCCAGAGATCGGATACGTATTTGGAAGTGGCTCGGATCGGATGCGAAAAAATCGGATCTTGTGC GGATTTTTGTGTTTACACCTGTGCAACATAATCCGATCTGTGTCAGATGTGAGCAAAAAATCTGATATTTTGTGCCAGTGTAATGCAGCCAACGAGTGCCAGCCCCGCCTA AGTACGGTGTGTATTCACTCAACTATGTTTGGCT
LG23	ref-17467	66.341	Chr9	17372029	CAAGCAAACGTGAATGATTACCTGCGTACGGGCTGGGCAATTTTACTCCGTGTGGCCCCACTTGTCCCAACAAAGGAAGCAGGTGAGAGCTGCGACTGGAGG AGGGGGTGTGGGTTTGTCTGGGGAGGGGGATACTGCTGCTGGAGAGACAGTTGAGACTAACAGAGGAAGGCATTGTGGTAGAACTCTGTATCGTAGGGCTCACATACGCT GTGGCTTTCAGAGGTGGCCGTGTTGTACCGGAGAAATCCCCACGCTCTGGACCCGCTGCTGTAACTGCCAGGAGGGGGAACGTAAATTCACAGAGAGCAAACTTGT GTTATATAATCCACTACAAGATAATTATCATTATATTTA
LG23	ref-69351	66.449			CGCCCGATACCGATACCGGTGCAACCTAAT
LG23	ref-59696	66.611			GCGTACTAAACGACCAGCCTGCAGCGAAGGT
LG23	ref-20011	66.789			TCATCAGATTTCGATGACGGTGCCACAAGACC

LG23	ref-17922	66.841				TAAAGAGAACCGAAGGGATTGCATGCTGTTA
LG23	ref-3419	67.166				TGGTCGTATTTAATGATTAGTTAAAGACAAAAATTCCTTTCCCTTTAATGGTCCTCAATGAAGATGATGTGATTTTGTTGAGCTAGTGCTCCGTACTAGTGGTTCCTCTTT CTTGCCATGGACATAGAGCCTGAGGCCACACCCACTTCAGGCCAGAGCCAAAGCCCATGCCACCACAGACCTCTGCCTGTGGAGATTTCGTCCTCCGGAGCTAGTGCCT GAAGCCATGTTCCGCCCTCTGCTGGATCCTCCCATTTGCCTGGCTCGTCTTTGTCTCCTGAGTTGCCGGCTCTCCTCGGCCCTTCGACCTGTCAGCTCCACCATGATCCA TAATCCCTCTGGCATCACCGATGTCCATCACACTCCTGGCTCCACCATGGACTTCGGGGCTTTGGCTGCACCTGGGCCCTCAATTACTTCGGT
LG23	ref-7862	67.331				TTACAGGAATCGAACGGCATGCATCCCTCTC
LG23	ref-40161	67.421				TAAACCCAAACGAACGAAGTGCTCTTGCTCT
LG23	ref-35612_19	67.503				ATATTTTTTTCACAGAGTAACTGTTTACAAACAGTGTCATTTTCTATACCGCAAATATGCGGTCCATAATGAGTTCGTCTTGACGCTCTTGATATGCTTGCACTTTCTTT GATTATCCAACAGGCCCGCATAGCATTAGATGTGTCATTCTTTTCAAACCTTCTCCAGTTATCAGCAATGTT[C/T]TCGTCAAAAACCAGCGGATCGATACGGCGAAGTC CCTGGACCATTTTCTCCCACTTCTTACACCATGTATGTTTTTGTATATAAAGGAATCACATCGAATCAGCCTCGATCCAAAACCACCGTACTCTCTTTTATTTACGCTCCTC TATCTTAAAGTAAACCACACATAATGCTACAAGT
LG23	ref-39198_9	67.521				CTTCAAGA[A/G]CCGATCTTGGTGCTCTTCAAGAG
LG23	ref-25886	67.709				AAATGTCCCCGACGCCACTGCCTTCAGCGT
LG23	ref-54025_15	68.174				TGTAACCAAATTACACGAAAAAAATCTGAATTGGGGTTTAAAAGACAATTAATATTCAGTAATATTTTCAATCTGACTGTACTGTGGCCCTGTTTCCACCTGCGATTGGT TGATTGGATCACAAGTTGACGACACTAAATTCAGGTGTAAACGCAGGTCTAAAACGTTTGTAGCTTGTCACCTTTCAATTACTTCCAGAGGTAGCATTTCGAC[C/T]GGATTG CTTTGTAGTGTAACGCCTCATGTGATCGAATGTGTTGAACGGCCACAAAAGACGCCTACTGAATGCGCTCTAGCCATACGGGATTTAAACTTTGTGCGCTGAAGACCCA AGTTTGGTTGAAGATTAAAAAACGTACCAAGCACAAATGATCTCTCATCTTCTGATTCTTAACACACACTCACAGCGGTCGCTGTTGTGTGAAATA
LG23	ref-54025_26	68.185				AGGTAGCATTCGACTGGATTGCTTT[C/T]GTAGTG
LG23	ref-2629_30	68.245	Chr9	44902283		TTATGCTAATCTAACCACCAACAGCTCTTCAGTGATGTTGTGAAATAAAGAGGCTGAATTCATTCTCTTAATTGCTCTTCATTGGCTATAAGACAAAAATCTTTAATTGCTT TCCTCGCAGCCATCCAGCACGGTTGGCAACCAAAACAACAGCGAGCAAATTAGCCCTCAATCTGCAGCATCCCAATCGACAACGC[C/T]GAGAGGCCCTCGTAATGAATTC ACCGGCTTTGTTCTGCCCCTCAACCCCTTTACGTCCAAGAGGCTTGAAATAAAATAGTAAGATTCAAATCATTATAATGCATTCTCTAAAGAAACAAGACCTCTGATGAC ACTCTATTAAATATTGTACAGGGGTTGCCATGACAAAG
LG23	ref-10182	68.845				ATTTCTGTGCGATTTTGTGTCAGTTTCAGG
LG23	ref-47690	69.431				ACGTCATCAGCGAGTTGCATGCTATGCAGAC
LG23	ref-47415	69.874	Chr17	49099704		TACTCTTAAAGGAACATATCATAGGTCATATCCAGGGCTTGACATTAACACCCGCCAACCCGCCAAATGCGGGTAGATTTCAGCTTTGGCGGGTAAGACAGCCCCCTCCCTA GCCACTTTGGCGGGTTAAATATAATTTACGCCTACAGCCTAATCAAAGGTAGCCGAGCTTGTTGTAGCACAAAATTACAATTCAATCACAATTCGTTTTCGATGAACGTGC AGGGATAGCCGGAATAGCGCTGAATGACACAACCGAATCCGACCCGATTGGATACAACACGATCAGTTCTCCTTGCGCCTGAATAGTCAAATAAACGCACACACAGATGT CAAAACGTTCTCTCGTGTGGAGTATCTCGCGTGAATACAGTCGGTTATGGCTTAAGTGGACGTAAACAGGTGGGTAAAACTGGATATGTGTCAGTATAT
LG23	ref-52189_3	70.44				TC[C/T]GCAGTTACGACTGTAATGCACTCCGCAAC
LG23	ref-29357	70.713				GATTGCTTCCCAGTCCAATGCCTATTCTTT
LG23	ref-28771_15	71.417	Chr9	47028046		TAGAATTATAAGGGTGACATTTGACAAAAAAGTTGAGTAGTTTGTCATCTACTAATTGCATACTACCACACACTCATTACCTGTTTACTTTTGTTCAAAAACAGATTAATTC AGGAAAGGTAGCTGAGAGACACGCAATGGTTCTGCAGTGACTTTGTTTCTCACTATTTCCGTTGGCGGCAT[A/T]AAAAATCGATTGACAATGTTAATTAATGCTAAAAAAA TGGATCAAAATTTAAATATTGATTTATACAATAAAAGAAACAACAGTCTTACCTGCTTGCCTTTGAAGAAGCCCTTCTGTACAGTTAGGCAGGTAGAGGAAAGTGAAG TGTCTTTCATACCTTGAATGATTCCATCCAGCTTCCTT
LG23	ref-54099_30	72.23				AAACACAACACGACACACATGCATGATTT[C/T]TC
LG23	ref-54099_31	72.364				AAACACAACACGACACACATGCATGATTTT[C/T]C
LG23	ref-26335_30	73.786				CACCGAAGCTCAGTCACTATTCGATTGTTTCAAGACTGCAGCTTCCCGGTTTGGGCTCACTATTGCTCTAAAGAAGACAGTCATGCTTCAAGTGGTGAACAAGTTAACTCT CATCCGCTGCTAGTTACTGCAGGTGACACTTTGCTGACAGCTGTTGACAAGTTCTGCTGCCTCGGTAGGATTCTCGCAGCTGATGCGACAGCGGACTCCGACATCAGTGCC CGCATC[A/G]CAAAAGCTAGTGTTACCTTTGGTCAACTGTTCAAGTGAATATGGGACGAGCACACCAACTGGTTGGACACAAAGGTGGCAGTATATAAAGCAGTAATCCTC ACAGTTCGTGTTGTATGGATCTGAGTCTTGGATCACTTATCGCCAACAGA

LG23	ref-25596	74.055			TGCCATGGTTCGATTCTTATGCCTCTAATGT
LG23	ref-13093_26	74.455			GCTCAGGGTTATTTGATGAACTGAAAAAAACTTTTTAAACAGAAATGTTTTGTAACATTATAAAATGTCTTTACTGTCACTTTTGATCAGTTTAATACAGAGTCCCTAAA GGGACGTGAGGATGGAAAAATATAAGATGGGAGGAAAAATTACATTTCAAAGCTTTTACATTCTTTCCGCGAGAACGCAAAGTTTCTTGGAGGAACACGAAACATTTGC GAG[C/T]GAACGTAAGCTTTGAAATTTAATTTTTCTCCCATCTCATATTTTCAATTTAGGGGCTGGGTAAATTAATGCATCCATGCTTACCGATGTCAAACCTTCTGAAC GATAGTGTATATACTGATCGTGTGCATATGGCTTGTTGCTGGCATTTTACAGAACAAATGGAGGCACATGTGTAGTCATACGGCTGTGGTAAAATCACTGC
LG23	ref-57329	74.663			GTGTTAGTTTCGAGTCGAGTGCAGCTTGAGT
LG23	ref-12705	74.777			AAGCCCAGACCGACATGACTGCAGATGCAGC
LG23	ref-41884	75.081			GAATAGAGAACGACTTTAATGCAAGCCTGTG
LG23	ref-62100	75.639			AGGAGACGACTAGATGGATGACGCTGCCCTGTCTTTAATGGGAAGAATAAATGTGATTAAGATGAACATATTACCAAGATTTTTATATATCTTTCAAGTTGTTACCACTTC CCCCTCCTCCTGCTTTTTTCCAAAAAGTAAGTAAGCTTCTTTCTAATTTTATTGGAGTAATAGGAAGCCTAGACTTCGACTTTCCCTTCTGTACCTGCCTTATGACAGGGGG AGGGTTACAATTACCAAAATTTGTTATGGTATTATTGGGCTGCTCAAATGAGGGCTGCAATGTTCTGGTTCTCAAAAGATACAAATATACCTTGGTTACAGGTTGAAAAAGTT GGCTGCAAAAGGCTTGACAGCTTTTTATATTCA
LG23	ref-23764_1	75.99			CACATTTTCCCATATCTGGTGTGTTTGTGATTGACACTGATGATTGTTTGTGTTCTGTCAGTGTGGGAGTCGTTGAAGATGCCTGTGGGATACGGTGTGGTCGCTGTGTGAT CGTTGCTGTCTTCTCAGTGTCTGTTGGTCTTGTCTGTCGCCACTGCTGTTTCTCCA[A/G]GAACCCCATGCACACGCCCTCGCCCCGAAACAAGCTTTTGGACATGGAGATGG ATTAACACAGTCCACCATCCTAGCGCTGTGACCCGACCCGAAACCACTTCAACCAACTTTGGGACTGGATGTGGATATGCACATTGCTTAACACGAGATGGAGAACCTGTT TATATGCACTCCGAGGATTGGGCCACTCTGACTGAC
LG23	ref-65002	76.658			GTTTAAATTTATATTAATATAATTAGCTGAACTTTAGAGTGCTTGACTTAAATATATCTTTATGTAATTTTATAATTACTTCTGTTGAAATATGGTTAAAGTGTACTGCTG AATGTACTGACAAGCGTTTATGGTAAACTAAAATATACTTTAATGTCTTTCTACTGAACTTTGTCATATTTAAATATATATGTAATGCACATCTGCAATGAAGTTGCAAT TTAGTACATTTAAATATATGAACCTTTAAATGTAAACATAAAATAACACTAAAGTGAAAATTATAATCAAGTACTTTTACATGTGCTTTAGTATGATAGTCAACACATCAAA ATAAGTGTACTTCTTTAAAGCACAAACAAAGATTATTAACATAATGATTTAAATTTACTTTAAATAAACTTTTAAATTTGACATTATTACA
LG23	ref-8009	76.893	Chr4	64827513	AAACGGAACCTTAACGCCTGGTTTGGTTGTGCATATTATTGGCCTGCTCTGCTGGGTCAAATGTATCCCCGGCAACAGATATGGCTGAAACAAACAAGGTCAACTCTA AGCCTAGGCTTAACCTGACTTTGCCCGCACAAGGATTTCTCGGCGAAATGTGAGGCTCAGCTCCACGCGCACGGAATTTAGACACTGATAAAATCTGCGACCAGCCCCGC AGACAGGCTCGGCACCCGCCCGGCTAGCTCAGTCGGTAGAGCATGAGACTCTTAATCTCAGGGTCGTGGGTCGAGCCCCACGTTGGGCGTATCTATTTTCTCTGTCTCTCT TCCCAGCGGCTTCTCGGTGTCCAGCGTGCAAAGCAGCGGATACTGGCTGGCTCACCAGCGGTCTCTGTGGCGCAATCGGTTAGCGCGTTCGGGCTG
LG23	ref-46592	77.566			ACAATCCGCGCGATCAAGCTGCCAAAATAAA
LG23	ref-20657	77.665			ATATAAACATCGATGTTAATGCAACCGCAAT
LG23	ref-54738	78.241			GATCTTCACGTGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCCCTCACACGCGACGCGTCAACTCATACATGCGCTGCTCCTCGTGCCCGGCCGGCGCGCTGATGACGCCACGGAG GCGCGTCGCAAGTCTCGTGAACGCCACTGGATGGCAGCACGAGCACAGTTCTGTGTTGCAAGTCAAGAGGCTCGATCAGAACGAGCCTTTTCGGAACTTCGAATCAGTTGCT GCTCAAAATGATTCACTTTTGGAAAGCGCTCGAATCTTCTGCTAGCCAGAACTGTGTGAATTCACCAAAACATGCATAAAACACCTTTACAGACCAATCGCAATGTTTT ATTGAAAGTGCAATCTATTAATTTGAAAATAACTAAGCATTAAATTTGAAGTGTCTTTATTATAAGGGTCTTTTATTAGTTTTCAGGGCTTGTTTT
LG23	ref-26593	78.705			CTAGCCCTGGATTTCTAGATCTGCTAGCATCTGGGTCGAGTAGGTCCTTAAAGAGGTCATGAACTGTGTTGTATTATTGTTTTATAATGTTTCTGGGGTGCATTAT
LG23	ref-59488	79.925	Chr4	67089835	ACAGAGGAGCAATTCTCACTGGAATTTCTAATCAACGAACAGGCTTCTGCTTCAGGAGTCTAACAGTGCACCTAGCAGCTCTTGCCATGGAGGAGCCGTGCACCATCACCGTGA GACTTGCGTCTCTTGAGAAATCAGAATCAGTGGTCTCCAGAAATGCAACGTTTCATAGCTCCGATATGCACGTTTCTCTGCAAACCGTAACGCTGCGCCAAGCGAAGGCC GTGAGGTATCATCGGGGGCCACCGAAGGGATGGCCAAAGGCCCTGGATGGCACAACCTCTCATCCAGAAAGCTAAAGCAAAAGGGGCAAGCCGGCCCGTAGTCGGCAGGGT TCGAACCTGCGCGGGGAGACCCCAATGGATTCAAGTC
LG23	ref-2887	80.545			TTTATTAATTTGAACTATTGGAGATTGCCAAAGGTGTCCCCCAAGGATCTGTGTTGGGGCCCCCTTTTATTTACTATTTACATAAAATAGTCTTGATTATGACATTCAGGATGC TAATTTTCACTTTTTTGACAGACGACTGTCTATGTATTGTAGTGCTTCTTCAAAACAGCAAGCCCTGCATAAGCTTCGATTAGCTTTTGATGTCAATTCAGTCGTGACTTTATA AGTTAAACCTGTTTTGAATGCTGATAAAACCAAGCATATGTTATTTCAAGTTCACAGAAAATGGTAAATAATCTAATTTCTCTCCAGACCTTATGTGATTGAGTCAGTAA AACAGTATAAATACCTTGGCATCATTGTTGA

LG23	ref-72508_19	82.166			GGCATGTATTTACAGCACTGACTGTGATATTTGACCTCCATCAAGTTCTCCTCTATTGGCTCCAGACATTCAATATGGCAAGCAATGCCATTTTCTTGCACTTCTTTCGCTC CTCTGGCTGCCAGCTGACAAAAGCATATTGACCAGCCGGCCTTCTTGAGCTCTGACTTATGGTTCTGCATGACG[A/G]TCGTAGTCGTTCTTTCTCCGACGAGCTAATGTGT TGTTTCCATGTTTCATCACAGGTTTTAACTACTACCTATTTTTGTTCCATCAGCCGGAGCATCAGTAAAGCTGTCTGGGTACTGTTTAACAATGTTCTGCTCTACAATCTGACAC ATATCTTAAAAATATGTCACTGCCATTGTTTTGTGTC
LG23	ref-57670	82.695			ACAATTTTGGCGATTGTCATGCATGCATATT
LG23	ref-6326	82.983			GGGACCAGGCCGAAGTGTGTGCTATTTGGGA
LG23	ref-41267	84.033			AGGAGCTCGACGACGGCTTTGCAACGCAGAG
LG23	ref-20268	84.656			AGACTTTACCCGACATGGCTGCTGCCATATT
LG23	ref-42207_4	86.408			CGC[A/G]ATTCTACGAAGAGCATGCCAAAATGGAC
LG23	ref-42207_3	86.573			CG[C/T]AATTCTACGAAGAGCATGCCAAAATGGAC
LG23	ref-29298	89.039			ACGCTTATTTGACACGCGTGCATTTTCGATG
LG23	ref-55867	89.248			CTTTGAGGGCTGGTAGTGCTCACACCATCTACAACGTCACCAAGGTTTGCCCCAATCGGCCTGACGGGGGCGCTACAGAGGTCAAAAGTACGAAATGGCTCTTAACTCCTA AAGCATTAGGCGTAGGCTCAAGTGTCTTATATCATTGGTGGCCTTGGCTCAAGACGGACAAGATGCATGCCTTGGATTTCGTTTCGTCATTCTTGGCGAAATTTTCGAGTATTT TGGAATTTTTGAAAACCTACTTTTGCGAAATAGTCTAGTTTTTTTACCCAATCGGAACCAAAACCAGTGCAGCGAGATTCTCTTGCACGAAGGGGCTAATGTTCAAAGTGG GTGGAGCCACTTTTACTAAAAATAGCTATAAECTG
LG23	ref-38677_3	89.895	Chr9	1020674	AAGTTTACATTTTTATGTATATTTTCTTGIGTAAAAATTATGTAATAAGTGTATAAACATTGTATGTAATATCTGTATATAGAGTGAGAAATTTGATCTTGTTTTTGTATG TAAGAATTAATAATTTGTGTGAATTTGCTCAGTTGTCACTGCCGTTTCGATTGGTTCAGCTGTTATCAACACACTCAAGCCCTTTCAGCAGC[A/G]GGTTAAACGACACTGGTGC TTCTCAAAAGATACTAATATGGGTCATCGTAGTGGTGATTCTCAGAAATGTATGTTAGTCTGATTTCGAACCTTTAGCACAGATTATAGTTGTATAATCCACAGGACCTT CTTTTACATAAGACCGCATTAAAATGCCGTTATCATTAGGTGCAATCAAAAGTGACTCAGAACTACTGGAGAAACAGGAAGCACACAACAAAAATGGTT
LG23	ref-25363	90.401			TTTGTTTGGGCGAGGAGCGTGCACGTTTCAGT
LG23	ref-66904	91.124			AATTTAAGATGAGAGTATCCTGAAAGTAGCATTACATTTACAGGAGATGAAGAGTGCAACAGCCTGGAAAGAACTAAAAAGTCGTAAGTACTGAGCAGGCTGATGAAAGGCAC AATTTTGCCAAGCAATTAGAGTCCATAGTATCAAGGGCCCTACATTTACAAAATCTTAAAAGAATGGATAGCACAGTGTTTCGAGTCAGAATGTAGAGATAAAGCCCTTAA CACCTGCAGTGCTTAAAAATATAGCGTGAAACAGCAGAAAAAAATCTCGCCGTCATCATAATGAAATACTCAGTCTTCAGAAGATGGTGGAGAAGAGAACCGATTCTGGC AAAGTTTTCCAGACGGTGCTCCTGCATCCTCGAGGAGTGA
LG23	ref-18028	91.171			AGCCGCTATGCGACTTTGATGCGCACTTCAG
LG23	ref-22375	92.949			AGGGTCATCTGCGTCTCCCATCCCAGGCCTGTAAGTTCTCTGCTACACTCACAGCCAAGGCTTACAGTGCTGCTGGACAGGCCACCTCTCTGCCCTGCATGCCATGGCCTTC TTGCATACCTTCTTGATATACCAGGCCAAAGCACTAAAAGAGCTGCATGAGGGTAGTTCTGACCCTGGGCTGACAGAGGAGCTGCATACAGCGACGGAGCGAAGCCAATGC TCGATCCCTGAGAAAGACAATGTCCATGCTAATGGTTCAGGAACATCATCTCTGGCTGAACCTGGCCGAGATTAAGGAGGTCAACAAAGCTTGCTTTCTCTAGTCCCCCAT CTCCCAGGCCGGCCTCTTCGCCGGAGCTGTCAAGAACTTTGCCCAACAGTTCTTGGCAGTACAGAAGCAGATGGAGACAATCAAACACATCCTGCCCC
LG23	ref-30007	93.453			TGATGAAAGCCGACTGTGTTGCAGAGATGGA
LG23	ref-19426	93.845			ATGGAATGTAAAAAGATCCCCCTTGAGACAAAACAGGTAAGGCCATGAGTTCTTTAGTTTCAGACAGTGGCAGAGGTGGAGTGGCATGTATTTACAGCACTGACTGTGAT ATTTGACCTCCATCAAGTTCTCCTCTATTGGCTCCAGACATTCAATATGGCAAGCAATGCCATTTTCTTGCACTTCTTTTCGCTCCTCTGGCTGCCAGCTGACAAAAGCATATT GACCAGCCGGCCTTCTTGAGCTCTGACTTATGGTTCTGCATGACGATCGTAGTCGTTCTTTTCTCCGACGAGCTAATGTGTTGTTTCCATGTTTCATCACAGGTTTTAACTA CCTATTTTGTGCCATCAGCCGGAGCATCAGTA
LG23	ref-1927	94.004			AGAGGCTTTCACCTACAGGGAATACTATTAATGAAAGGAATAGTAATGATGAACACTTGTCTAACTCTGTTTTTAACTATCTAAAGTAATAATGAATCAGATATCTT GATCTGATCTTGATCTTGGTAAAAGGATGAATGTCTCAGTTTGTGCTCACTGGCTGTAATTGTACTAGCATGCCTTTTCGGTCCGATTTTATATTAAGTGTCAAAATAGTTAT GTACTAACACATAACAGGATCAGGTATGTTTAAACACCCACAGGGTCCAATCCTGCTCCTGGAGGGCCACTATCCAGCAGAGTTTAGCTTCAATCCTAATTAAACGCACCT GATCCAGCTAATCAAGGTCTTCAGGGTTACTAGA

LG23	ref-71269	94.263			GCCTACTCCATCCACAATCAAAGAGCTTCAAAGATTCTCGGGTTTGCAAACCTTCTATAGAAGATTTCATCCAGAACTACAGCTCCATAGCATACCTCTGACAAGCCTCCTC CGAGGCAAGCCCAAGTCTCTGTCTGGTCACCAACTGCCAACGAAGCTTCAACACCCTCAAGGAAGCCTTACCAGCGCACCGCTCCTCGTACACCCCGATCCAGGTGCT TTCTCAGCAGCAGGGGAATCCAGCCCAACTCCATCCATGCGCTTCTTCTCCCGCAAACCTCAGCCTGGCGGAGAGTAACTATGACATCGGCAACCGGGAACCTCTAGCCAT CAAACCTGGCTCTGGAAGTGTGGAGGCATTGGTTAGAGGGTGCCAAGCAGTACTCACTGACCACAAGAAGCTTGAAGTACTTAAGAGACTAAATTAAC
LG23	ref-43155	94.327			CAAGCAAGCTGTTTCAGGTGTGTGGCCTTCACAGGCCCTCCCTTTAAGCTTCCTCTTCCCGTTTCTGGGTGTTCTCTAAGCAGACTAGCGCATGCTGGCCTTTAGCAAGGTGTC TGTAATATATTTCTACACATGTAGAATTTGTGTCATGTGGCAGGTCCCTCTTGGGCCTCCATGATTTTGTGCCTACAGTATGCTTTATCTGTTATGTGAGCTCTGTACTCC CCTCGTTTGAAGGTTGTTCTGCATAGTGCTTAGCTCCCTAAGCTGGTCAGTGGTTGAAGGATCACTCTGAGGCCTCCCTATTGAGACAGACAGGTTGTTGGCCAAGACTAG GTTTCTGTAAAGTAGACCAGGTCAGGCCTCCCTGGTGGAATCAGGGTCGAGTACGTTCCCTTGACAAGTGACTGGCTAGGGTTCCCTCGGGCCC
LG23	ref-25719	94.6			CACAAGCGTTTCGAGAGGTATGCATGTTAGTT
LG23	ref-10029	94.817			CTGGTCTTTTAAGCTGCACAGATTCTCTGACAGACACTTGATGTGACAAAAACATGGGACAATTTGACTTCACCTATTCACACTAATGTGTTAATTTGGAAATTATCCAAGAC AGTAAGTCATGAGTTAACCCCTCACATGAACATTTATGAACAGGATGCATTAGATAAGTCCGCAACAATTTAGCTTTTTCTGTAAAGTTTGGCACGATCTTCATGCTG AAGTGGGAGTGTGAGGGGATTGTGTAGCATGGCTCAAGCACTTTTAACATATTTTTAAACCCATTGTTTGACACAATGGAGTATGGCCTCATGTCTGCAGCGATAAAAAATC CCGATAGATTTGGTAATCGCTTTAGCCTGTTCTGATTCTGCTGCAAAAGAGCTGTTTAAATGCAGCAGTGAGAAGCTGCTGTGTTTGGGTCTCTGTC
LG23	ref-47877_28	95.083			CCCTAACATCCTTTTAAACATCATGAATCACGTTAAGAACGCTGTCAATTTTTGTAGCAAAGACACTTCTCATCATGTCCAACTTTTGAATCACATCTAGATTCTGGCCAGT GTTGGTACAGATTTCTTCGGTTAGGGGAGCGCTGCATGCATTACCTGTTGAGCTAGCCACACTCCTAGCATCCCACTCGTCATCT[C/G]GTTCCCTGAGTGGCGAAGAGTCT GATTTGTGTTTTATTTTCGATGGCATTTCGATCCTTAGTTCACCTCAGAAAGCTAGTGAAATGAATTAACCTGTATAAACAAAAAGACGGATAACATACAGGATTTTAAG AGAATAACGCCAGGAGCTCACAAAAAGACGTGCACTCA
LG23	ref-37411	95.612			TTAGTCTTTGCGAGGGACTTGCTCATCGTCA
LG23	ref-20437	96.253			GGCTTCATGGCGAGCACAGTGCCATACACTC
LG23	ref-63066	97.417	Chr4	1799980	GTTGAAGCTTTATTTCTCGTTAATTTAGCCACTGTATCAAATAAATACCTAGGGCTGCTTTTGTTCATCTAAAAGAGTTGAATAGTAAGCAGATCTAGCAGTTTTTCAGG CCTTCTGTAGGCAGAAACACTATCCTTCCATGCATTGCAAAAATATCTCTAGTTTGGATTTCTTCCAGCAGGGGTGTCCAACTCGGTCCTGAAGGGCCACTGTCCTGCAGA GGTTAGCTCCAACCTCACGGAAAGTTTCTAGTATGCCTAGTAAGACCTTGATTATCTAGTTCAGGAGTGTTTATTTGGGGTTGGAGCTGAACTCTGCGGGACAGTGAACATC CAGACACCACTGGTCTATAGTTTCTGTTACAAA
LG23	ref-49506	98.481			CCTTCTGAAGCGAAGCGTTTGCGTAAAAAAA
LG23	ref-61422	99.935			ATGTTTTTACCAGTACATTGCGCTGTGGAA
LG24	ref-44382_10	0	Chr13	18501911	GGGTCGCTCTCAGGAGCTCAGTGAATTCATAAGTCCATTATAAGTCTTCGTGAAATTTCTCACTACTAAATATTCCGCGGTCAACTGTTAGTGGTATCATAACAATGTGGA AGCAATTGGCAACAACAGCAACTCAGCCACGAGGTGGTAGGCCACTTAAAATCACAGAGCGGGGTC[C/G]GCACAGAAGTCGCCAACTTTATGCAGAGTCAATAGCTGCA GACCTCCAACTTTGTGTGGCCTTCAGATTAGCTCAAGAACAATGCGTAGAGAGCTTCATGGAATGGGTTTCCATGGCCAAGCAGCTGCATCCAAGCCTTACATCACCAAG NN
LG24	ref-49159	0.377			TCATGTGAACGCAATCGTACTAAATCGCAGAAGTAAACCACTATTAATGATGTATGATTTGATAAAAAATGTGTGTTGTGTGTGTTCACTCATTTTTCTGAAGTGTGTGGC TGGCATAATGCAAGCAGAGAGCTGTATGTGTCGTTTTTGCTCGCCTTCAGCGATCTTTAGAGCATTTGCAGTACATTCGCGGCAGAACAAAACCTATAAAAGTGAGGTGAGC AGGTAATCAAACCAAGTGTGAAACCACCCTAAAATCAACTTAACCTACAATGCTTTTGAGAAACAGCCCATACTGAATACTAAAAAATAAAATTGCAATGATTTTGGACT ATAGGCAGAGACAGACAGCACGACACACACAAAAAA
LG24	ref-44382_2	0.894			A[G/T]AAAGTTGGCGACTTCTGTGCTGACCCCGCT
LG24	ref-10225	11.596			ACAGATTTTGCGAATGGGATGCAAAATCGGTG
LG24	ref-1553	12.993			CAACTCAATGGCACAGCGACCAATGGGCACTCGTGTTATCTTCTCGACTGCTGTTTTCTAGAACAATCTGAAAAACGAAGCAAACAGGCCAAAGGCATTATCAATGGG GACTGTGAAAGAGGACAGAAAGGGAGAATAGGAAGAGGAGATGAAGATACAAGTGACAGCAGACACCAGAGCTTGTGCATCGCCAACATCATAATGAAATAAAGCAGAA TGAATTTAACATCTGTATTCCAGCTTCACACAAACAGAACTGAAACATGATTGCTTGATGGACTTGATTGCGCATCAAGCATGTTTGATCTTTCCGTTTACCATATTTGAT AAGCTATTAATAAAATCTATCCATCATATAAACTGAT
LG24	ref-62574	14.167			AGCATGTAGGCGATTGTTGTGCAGTGAGCAG

LG24	ref-60535	17.364			GGTAAGCCTCCGACTGACCTGCAAGGAGCAT
LG24	ref-65177	17.579			TAATGTTTGGCGAGCCCAGTGCCCTTGCGCT
LG24	ref-6999	20.646			ATGGTCGAGTAGAATCTCATGATCAACAGTGTACACTTTTATGTTCTAAAACCCTGGTCATCACATATATGCCTTCTGAGAATGGGCAAAGTGAAATTATATTGGTGCTTT TAAATCAAGAAGGCCTACAATGCCTGGAGAAAAGTTATCCATTAGTGTCCCTGCTGATCTCCCACTTGCTTTACAAGCAAGAAATCTTCCAGAAGTAGACAACCCCTTGCT GCCATTTTTTGTCAATTTGAGGCAAATATCTACTAACCCACCTAGAATAGTGGCCAGTAATTCTATAGGAACAAGAAAATTACCTTATGACATGCTGAGATTGCTGATGATA CCCCACAAGAACATGCAGTCTTAAACCCTTTACCATTCTGAGCTGTGATGTCAGAAAAAAAAAATTGCTTGGGGATATGGACGTGCAATGTTCTTGC
LG24	ref-60994	23.472			TTAAAAATATCCTGGCTCTTCCAAGCTTTATAATGGTATGCATCCATCCATCATAAAAAATAATCCATACGGCTCCAGGGGTTTAATAAAGGCCTTCTGAAGTGAAGTGATG GGTTTTTGTAAGAAAAATATCCATATTTAGAAGCTTTATTAATAAAAAATAATTAGCTTCCGGCAGACGGGCGTATGCATCGATTTGCAAAACACTAGTCAATAATTAGAAGT CTAAGATGAGAAATTTAAAAAGAAATGTCAGAGAATTTCAATATAAGAAAAGAGGAGCTTGAGTTTGTCCAAGCGTTTAGTCTTAAAGTGACAGTAGCCTAAAAATACCT GTCTGTGTCATTAATGTATAACAACAAAAGATGTTAA
LG24	ref-25087_5	26.498	Chr11	2943217	GATACACTTTGAGCTCATTATACAATCCATATAGTTGAGTGTGCTTGCTTTTGAAGACTGTTTTTACCTACTGTAACTAGACATGTCCTGATTTTAAACGCAAGCATTAAAT TATTC AACATCTTTTCAAAAAAGCTTGAAAGGGATGTGGTGCAAAGATCAAACCTTGTTGATTGTTGATTTGTATTGCTTCTGGGAGACTTTT[C/G]AGCGGCGAGGGGAATGC TGTGATGTTTTCCAGGTGCGCTCTGGGGTGGAGCTCTCTTGCATTGTTCCTTTATGATTTTGTAAATACTTTATCTGTAAGTGAAAGATTCACTGGAATATGAGACTCATTG TTGATATTTGCCTCCAGAGATCGTACCAGGTTTATTACCCATGCCGCTCAAGAGATAAAAGTCAACATACGTGCAATACGGTTCAATATGCAAAGAA
LG24	ref-48229	28.554			CATGGCCTCCCGAGTGGCCTGCACCTTATTA
LG24	ref-41841	30.94			AGAGCCCAAAGACAAAATCCAACTTTGAAATAAGTCCATAATGGGTCCCCTTATATGCTGTCTTTCTGATTGTGAAGTTCCTGTTTATGTGCGCTAAATATCTTGAAGTGA GAGAGTGAAGAGTGTCAATGTTCTCTACAGGTTGATTAATTGTGGTGTGACAGGTGAAGGTTGTGCTGCGCTGGCTTCGGCTCTGAGATCAAACCCCTCACACTTGAGACA ACTGGATCTGAACAATAATAAACTAGGAGACTCAGGAGTCAGTTTGCTCTCTGATGAATTGAAGAATCCTCAGTGTAACTGGAAACACTGTGGTAAGGTTTTATAAATGT GCTTCTCTATTTTCTTCCCGTGGTGAATAATGAA
LG24	ref-56151	34.005			GTCTGGAGCTCGAGCTTTATGCGTTATATTG
LG24	ref-55821	36.097			AGAACGCGCCCGATGCTCGTGCACCTTATCG
LG24	ref-22698_3	38.813			CAACTGTAAAAACACACAAACTGTAAATGTGTTTTATTTCCCTCTTAACTTGCTAGTCTCTTAAATGCTGAATGTACCAAGTCATGATCTTGCACTGTCAATTTGTGGCGTCATA CCAACTACTGAGCAGTCGAGCAATCCATCCAGTCCGTTTCCATAGTGATGAATAGGCTGAAAGCAGGATGAATGGAGGAAAGTGAAGAA[C/T]AGATTGCCGACACCTGT GCTTGAAAAAAGAGCCTAATTGCAGTACAGCATATGTCTGTATTCTGTTAATTATGTCATTGTGTCATGACACTAATCAATATTAATCTTAAATGTTGAAAAAGTCAATAG GTTCTCTACAACACAGCTCCAGCATGATTGTGATAAAAAACCAGATGATTAAATGTCATTAAACGTAGGTACTGTCACGTATTGGTGGTTACAATGATAA
LG24	ref-53333	42.043			TGAAGCTTCCCGAAGCACCTGCCCATTTGTAA
LG24	ref-46694	45.945			AAAGAGGTCTGACGCTCTTTGCAGGCCTCTGAGGGCAGTCCCCGCTGTGGTGGAGCGACAATATCTCGCTTTTCCGCGGAGCCCTCAGGAAATCGATGTTTGCTTCCCAC TGCCTTGTGCACCTTCGGGATGCATTGGTTTCCAGTGAACGCAAAATCGAAGTGTCCGCTGAAGTCATTGCAGCCCTGTCGAGTTCGTTACCTCAGATGAGGCCTGTAGAAA ATCTTGTTTGGTTTTCCCTGACGACCAGCCGCTTCAGGGCACCAAACTTATTTACACACAACACCCGAGGTCAGTCTCGAAAACTGATCCCCCTAGTAGAGTATGTAA AAGCTTGTAGGAGTCTTCAAAATATATCTCAGCGGG
LG24	ref-59758	48.544			CTTTTGTAGCTACGATGCCATCCCTAGAAAGCTCCTGCCTACTTGGTTTGAAGCTTTATTTGAAGCTTTTATTTTATTGCATTATATCAGTCATCATTGAACACTGATCTCTTAGA GGGTTAGTTCACCCAGAAATGAAATTTCTGTCAATTAATTAATCACTACCCCTCATGTGCTTCCAAACCCGTAAGACCTTCGTTGAATAAAGTCGTTATTTCTGTTTTGTTTTGTGC ACAAAAAGTATTCTCGTCTCTTCATAACATTAAGGTTGAACCACTGCAGTCACATGACTGTTTTATCAATGTCTTTAGTACCTTTCTGGACCTTGAATGTGGTAATTTCTTG CTTTTATGGGGATGAAAAAAAAAACCA
LG24	ref-50914_1	50.177			ATGTGCTCTTAGCCATTTCTTGTTAAAGACTAAAGGCTAAAGGGTTGAGTTAGGCAGGTCAATCCACCAGCAGGGACCAATCCAGGTAAAGGTATGTAAAAGTGCCTCTTT GGAATGGCACCAAGATGCCATGCACTTGTAGAAGCTGAAGCTTCTGGAAGGCACATATGTCTGTAGTGGTAAGTTCTATAGGCAAAC[A/T]TCACTGCCTCGAATTAGA TGCAAGCGGCTATTGGGAACAGTGGAATTTGATGAAGAGGTGTGACGTTTCATTAAAGACCATTAAAGAAGAGAGGTGTGACATCTAATAAAGTTGCAGAGGTTTGACAG TACACACTGGAAGGCCTGCCAAGAGAGTATTACAATAGTCCAGTCTGGATAGAACAAGTGCTTGGACAAGGAGTTGTGTAGCATGCTCCGATAGGAAGGGCCT
LG24	ref-50914_31	50.317			ATCACTGCCTCGAATTAGATGCAAGCGGCT[A/T]T

LG24	ref-43404	50.564			AGATAATATGAAAAGCTCACAGTTTACCCATATGTGAACTGAGGGCGAGCTACAACCTGCCACTAACTTGACAGAGATTGGTGTGCCGTTACATCTGACCGCGGGACACGATAGCAAATACTGAGAAACCTCAGAGCGGCTTTGATCTGAAGCAGATGTCGGCGGGCGGGGGCTGATGCACCGGCTCCGCTTATTCTGTATTCAGAGAGCAGATCAGGCTGCGTTTCCCAAAAAACAGTAGATGCTTTCGGGAAACGCAGGCCAGGTCTATCTGCTAAAAGTCTGAAGGACGATGGACACAAATACATGCTTTCTTTCTTTGTGATGAAAAAGTAAAGGTACGCAAGAGAAAAGCACTCGAAGCATT
LG24	ref-72663	51.305			ACAGTCTTTACGAGACAAATGCTCATTAGCC
LG24	ref-28381	57.924			GTTATGAAACATGGACGCGCATTTACGCCGACCCCTAAACTCACTCCAACGTACTACCCAATAGTAGCATATGTGTCACTTCTGTATGTCACGATGGATTAGAAGTGAACAAGGCCAACAAACGCAACGTCAAAATTGATGGACTCTCAGAGTGCGCATGCGCTCCTCTCAGGTGAGCAGAAAAGTTCGAATTAGTAACGCATAAAAAGTTATTAGCTGTCTACTTGGTTATTTGCGTTTTTTTTCCCCCGAAAGAGCCTATCGGTATTTTTTCTGTGAGTCAGTTTACGTCAACATGCAGCTGCTATAGGCCTACTTGGAGCTGTGGTTATCACGTAAACAAATAGCATAAAACAAGCGAACAACTT
LG24	ref-45716	61.48	Chr11	17630830	GTTTATTGAGCACCAAATCAGCATATTAGAATAACTTCTGAAGGTATCCTATGATACTGAGGATTTAAAAATAGAAAACAGTTGTTTTAAATTAGTATAATATTTTCATAATA TTACTGTAGTTTTAATCAAGTAAATGCAGCCTCTGTGAGCATAAGAGAATTCTTTCAAAAAATCTTACCGACCTAATCTTTTGAACGGCAGTGACGGCGATGGTTATGCTGTAATTTTTCTCTCTTCAACAGAGGTTACAAGAAGCAGAGACCAGAAAACAGGAACCTTAGCCAAAGTGTTACGTACGAAACACGGCCCTCTGCGGCAGATAGAGAACCTC CAGGCCACACTCGGTGCCAGACAGCATCATGGGAAAAACTAGAGAAGAACATCTCTGACCGCTTAGGTGAGACTTGCTTGTTTGAATGAGCATCA
LG24	ref-55042_18	62.161			AGGTCATGACCGATACA[A/G]CTGCAAGGTACACT
LG24	ref-55042_14	62.179	Chr9	45427355	AGGTTTCAGGTTCAACCTTTGCTCCATTTTCTTTGAGCACTTGAACAAAGTAAAATCATTTCCGAACATCATTTACAACATATATCCTACTGCTTCTCCATTTAACCATTTGCTG CTGATACGTACCTTCTGTTTTTCTTTACATTTGGCCCTAAAGCTCAGAACTTCTGAGTGTACCTTGCA[C/T]TTGTATCGGTATGACCTTCACATCTGCTAGAACCTTTGCT AACCTAACAAAGTAAATAAAAAACAAGAAATAAACACAAGAAAAGTGTATAATTTAATACATTACTGTTAAAAAAATTTGGTAAACACTTTAGTTTAGGGGCCAATT CTCACTATTAACACTAGTTGCTTATTAGCATGCATATT
LG24	ref-42871_16	63.173			GTATTAATTTCTTACTGAACCCAGACATTTGAACAGCAGTGTATGTTGACCAGCATTAGATTAAAAAAAAAAAAATAAATAAATAAATTAGTTGTGATCTGCAATTTAAGAG GGAGCATCTATCATTTCTGGTGTGACATTTCTGTGCAAGAACATAATAGCATATTATTTTCACATTTGTGCAATG[A/C]CATCGTGTGTACGAACACCTTCCGTTTAATCACT GGAAAAGGTTATGAAAGAGAATTACTCTAAGATGCCATATGGTGAAGTGCAGTGAACATGCCTGCTCAGCTGTGCAGCTCGTACCTGTTAGCTACTCCCCAGGGTGAGATGC ACGATTCCCTGTGGCTGTCTTGTTTTCCACCTGCATATC
LG24	ref-17344_27	64.023	Chr11	9740766	TACTTTTCAAATGCCTTTTATGTATCTTAGAATCTTGTGTATCTTAGGGGTGCTCTCCTACACCATGGATCCACAGGAATCCTGGCTGCTCCCTGGCCCTTCCACCATTAGAC ACAGAGCCTGCGAGCATGTACGCGGCAGCCAGCCAGAGTGTACAAAAGAGAAAAGTGTGCTCGGCGGCAGCGCTCTCGCGAA[A/G]GTCATTTAAATTCATCAGCGGCCG ACAGGCAAACACACACGCACGGACAGACAAACAAATCGCACACAGAAGCAAACAAACAACTCCAGACTCATTTTGATAAGCGAAATTAGGAGGAAGGCATGGGTGTTTT GTGCAACTATCATAACACGAAAGGGAGAAAGACAAGCAGAG
LG24	ref-12964	64.761			AATCTGAAAACGCATCTTTGCGTTTCCATC
LG24	ref-52404	65.658	Chr11	11049886	TGGCCCTTACCAGCTGCCCCATAAATCCTCCACTGTTGCAGAACACCCTTCTTTACCACCCTTTTGAATCCACCACCGCTAGCTTATTATTCATCGCTCCGTACAACATGC TTCCCCCAGAGCGCCACCACATGGTTGGGAGGGAAACATCACACTCAAAGATGCCACGTGAGGTGCATCTTGGTTGTGTTGATCCCTAGACATCGATTGGTGCCAGAT TGTAGAGACGGTGCTGGATACCCATTTCCAAAGCAGGCCGGCAGATGGGGGGTACAGCTGGTCAGAGATAGACCGGATGAGTTTGCTGAGAGGCAACGCTCTGCGAT ATACTTTCCAACCGGAAAACACCTTTACCTGAGTC
LG24	ref-45570	66.261	Chr11	10736578	AAGCCATATGTGGCTACTCTTTTCTTTCTAACCTGTTTGAGCGGCGCTGCATCCTAAATGGCACCGTCATGCTGGACATGAGGGCCAACTCACTGGAGGAGATCGCAGGT ACAGAGTCAGAAAACACTGCATCCAAAGCAATAAGCCTTTTGATTATGAAAATATTGTGCTACAGGTGCTGCTTGATATACTTTTTAGGGTGGATTTTTGAGATCTGTGCA TGCTTTTCAGCTAATGTGCTAATGAATGCCAACAACTCCAAACGTAACAGAAAAGGAGTTTGTGATGGTTCTCTTTCAGCCCTGAATCTAAAAATTAATAATCATAATAA ACTTTAACAGTGAAATTAGCTAGATGCTAGTGTGTAGTCAAGACCACCTAAACCGAGACCAAGACCAGTGTGTGTCGAGACCAAGACAAGACTAAG
LG24	ref-4302_16	67.368	Chr11	10661588	ACAGAGTGAGAACGAAGATAGTGAAGTTGGCATTATTGAGCGTACAGTATTTGTCATATATGACATCCATATCAGATATACCACACACTGAGATCCTCTTAAAAATAGAGT CCAGTAATCAGATTACAGCAGATGCTGCTTTTATCACGCAGAAATTATCTGAAAACACAATACACCTTGACACA[G/T]CTGTGCGTTTTGTCTCATCTGTAAGTAAGTAATA TTAGATCTGTCTGTCTGCCTGTCTGTCTTATTTATTAGCATTAATAATAATAATGGCAAGTAATAATGGTAAATAAATAAATAAAAAATAAATAAATAAATCCCATG ATTTCCAGATATACAGCATAACATTTTAAACATTTTAA

LG24	ref-5578	68.016	Chr11	7729026	ACCTTGGATGCAGGTGTGCTTTCTGGGTGAATATTGATTATGAATTGCCTTGCTGATGGCGAGAGAGTACCAAGCGACTAAACGAATGGGTGATCAGGGCAAATGATTTCTCTGTGGTTTATTTGGCCTTATTGAGATTCAGGACGAGTGTTACATGTAGGGTTATAATATAGGGCATCAGGGACTGCTCAATTTATATGACCACAGTTACGAATAACGTGCATTTGAATGATCTTTTTTACACAATTATATGAAGAAATTCAAAGATTGAAAAGTACTTCAGGGTGAATCGAACATTACAGGAGTAACAAAGCTCAGATTTTTTCCTTTCAAATATTCAGCAAATAAATGATTTTTTAGTCTGCACATTGATCGCAGTGTGAGATAAAAGACAACCTCTAAATTAGAACATCATCAAAGCGAAATCTTC
LG24	ref-39438_2	68.541			G[A/G]CAAAAAAACGATTTTGCTGCTATGTGAAGA
LG24	ref-72002_10	68.656			TTCGGGGAGGCACAGTAGACCTGTTCTGCTCACAGGAATGCTTTGGAGATCAGCAGAAGGCAAAGGCTGTCTCCAAACAAAGAATGGCCCATTTGGATTGTGGATGCCATTCTCTGGGCTTATCAGGCCCAGGGAGTATCATGCCCCTGAGGTGAGGGCTCACTCCACCAGGGGTAT[C/T]GCAGCCATGTGCGACTCTGGTGAACGATGCTTCATTAAGACATATATAAGCTGCGTGCTGGGCTTTACCCATCACTTTTGCAGAGATTAATAATCTCTGCATGGAAACAGTTTTGTCTCGAGTCTTAGGTAATAATGGGTAAAACCTCGACTAACCGCCCTCTACAAGGCGCGCTTATGCTTTGAACT
LG24	ref-33267	68.882			CTCTCTCTGTCTCTTTCTCTCTATAAAACACTTTTCATACCTCTGTTCCCTCCCTTTAGTTTTATGGCTGTAATCTGACACAGTTTCTGTGTCTATCAGACCAATGACAAATAAGCCCAACAGCAAACCACAGTATGTCAAGTAAATTTCTCTGTCAAAGCTAAGCCAATAGGCGGCGAGCATTAAATCACACATGTACATTGGTGGCCAATGGCATTGCGAAGGCAATATATCTGTGAGGAAGCAGAGCCTCTTAATGAGTGCTGCATTGCTGTGAGGAAGCATGAAGAAGGAAAACGGGTGAAAACATCCACTGCAGTTTGGCTTGTGTTTTCTCTGTGGTTTAAAGGTTGAGCTTATTTGATCCAGTGTGTGCCTAATAACAACAAAGTTAGGATTAGAAAACCAAGAAAGTGTTCCTCACT
LG24	ref-70918_9	69.091	Chr4	50725650	ACTTAATGCACAAGTGTTTGTAGTACATAAACCAATCACAAAATTGTCAAAAATATAGGGGAAAAATTAGATATTGGTTATTGTTCAGCAGTGTATTGATTCTTATTAAAGCAAATAGAAATTCAAATTAAGCAAGAGATGAGATTTAAAAAAATCTATCAGTTAGACAAAGGTCAGATGAAAAGTGGTATTACACCCGACA[C/G]CCGACATTTCTGCCCATCACTTCTGAAATGATGGCTACGCCCTGTTCATGTGCTATCAGAATTATCGTAAATTGGAAGCTGAGGGATATTGAAAAGTGAAGTTATCTGTTTACTCTGAGCAAACTTACCCTGGTATGTCACATAACCTGCTTTCTGGAATACCCCTAGGTGTTTCTAGTGCTACTGTTGAGCTACAGAAATCTGGAGAGAG
LG24	ref-51901_19	69.363	Chr11	17073927	ACAAATGTTAACATATTTATGGAGGGGAAGCTGAGATTATGGCCAACTCATGAGTCTGGTGACAGGTACTCGTTTAGACCATCTCCTCTGCCATTACTACCCCTCCCTGATCAATGGAGACCATCTGTCTGCATAGCGACACAAACACACAGCAGACAGATGTAATGCCCCAACAGCACGGCC[A/G]TCGATGATGAGTCTCTGCATCTCCCAAGAGCCGCATCTGCAAATAATGATAGATGCTGTTCAATTTTTTCAGGGATTGATCCTGTGCATCTTCTCTAGGCCGGTCTGGCTACAGCCTCTAAGCACTCTGTTCTTCGGCCCCATGGCTATCACACTCGATCCTGAATAATAATACCAGCTAG
LG24	ref-31786	69.479			AGAAGGGCTCCGATAGCGATGCCATGCAAAG
LG24	ref-22450	70.142			TGAATGCGCGCGATCCATCTGCACGCTACTG
LG24	ref-13195_26	70.364			TCTGGCCCCGCGCCCGCAGCCATGTTATTTTGAAAGCGGCTGGTTCTGAAATAGATCTTCGTCTCGTGGTGCCGTCTAATATTATCTTAATATTGTCTACACCAGATGTGACTTTTTTCGCGTCACATTGCGCCGCAACAGCTAAAAGCTGTCTACACTGAATGCGACAAACCAACCGTTGCAAAGCACTCGGATT[A/G]CGTCAAAAACAGAATGGGGAATCCGTTTTCTGTGCGGAACGTGTTGTGTGCGTGACTTGCGTTGCACCGCGCCGCATCCAGTGATAGTCAATATCACTGATTATAATGGGTCTATTATCTTATGACGCGTCGCAACCGGCCACTCGCGTCAGTGTTATATTCTTTGGAAAG
LG24	ref-71891	71.215	Chr11	41622950	AGAAGATCAAATACTTACTGTATGATTATTTATCCTGTATTTCTACTGACGAGCAAATGTTGATTTTGGAGAATGTGACAGTGTACAGAAAAAATGGTAAGTAGGGCAAGCAGGGTGGGGCCGAGAGCCTTGAGAAAGGAGCAAGGCCAGTGGCGTGAATGCTAATGAGCATCATATGTGTGCCACAACAAAGTCCCATTGGAGGCCCCGACCTGCTTGCCACAGTAACACTTTATTATAAGCACCCATTAGTTAACTAACTAACAATGAGCAATACATTTATTACAGTATTTATTCATTTATTTAAAAATACAAATTCATGTTAGCTCAGGTGCTTAGAAGCTTACGAATCTTTTGTTTCGAATCAGTGTTAGGAGCGCATATCAAACCTGCCAAAGTCACGCCCCCAGTGGTAAACCATTGAAA
LG24	ref-65806_18	71.468	Chr11	24821304	AGTGTTAATCACATAATATTAACCTCGTATGACCCTACCATCCTTTGGTTGAACAGCTGAGTACTAGATGTCTTCAGTAGTGCTGGTTGGATCTCTCCATAATAGTGTGTTCAATCTTCAGCACTCTCTCAGTGTTGTGAGATCGGTTTTCCAACAACGACTCAAACCTGTGTCTTCAGCACAAAG[G/T]CTCGGCTCCAATACTTGGTAGAGTGTTTGTGGCTTTGGTAGCAGTGCTCACTGCTAATGTAGTCTGGAAGGATGAAGAGAAGGGCTTTTACGTAAATGGCTTCTGAGGATGCTGATGAAGAACTGTTTTTTCGTCTGGAAGAACCATGCTTTTCATCCTGGATTTCTCAGTCAGCTTC
LG24	ref-65806_24	71.687			GTATTGGAGCCGAGGCTTGTGCT[A/G]AAGACACA
LG24	ref-42386_1	72.669	Chr11	26376946	TTTGAAATGGGTCAAAGGGTCAGAATAGTGTTTACAGTAGTGCTGTGGTTGCACTGTAGTGTACATAGACAAGAATCAACGGTTTTATTTCGATTCATACCAGCAAGGGAGGAACAGTGATGATGGAGAGAGAAAGACGGGTACGTCTGGGTGAGCCTGCTTCCTGTTGCTGTTTTCCCTCTCTCTACTATCCCTC[C/T]CTCAAAGGTCGAGTGGCCTGCTTAGCAACCAAAGGTCTCTGGGAGGCGTAAACCATGTAGAGGAAGCCATCTTCATCTCGCTCTTGTTTCGTAGATCTCAGAAATGGGGGTGGACACACTGACCATGCTGTGCTGATTGACAAGAAGGAAAAAGGCTGGGTGGGGTTGAGCTGCAGTCTACGCCTGGAAAAGAGAGTCATTTTGATACTGATTATAATGACAAAAACAT

LG24	ref-6252	72.873	Chr11	31693787	CAATATGTAGTTGTTTGTGTTGTGACAATATCCGTTTCAATTCAAGAGATTAAATCTTGTGTAGAGGGGCGGACACAACATCGATCTGAGAAAAGTTTAAATAAAGAGTGA TTGATGACTTCTAACTGGTTGTGCCACTATACTGAACGGTAAATTGATACAAAAGCTGTTTAGAATTGGCAATACAGTCGCAGCAACACAGATGGTATGCGTGTGTTGTGCA TGGAAATTACCACTACTCCAAACTGCTCCGGCTCAGAGAGGTTGGCATATTCACTCTTGTACTTGACCAGTGTGTTTACAGTGTCTCTGTTTACAGGCAGGTGCTTTACAAGATTC TGGAGGGAAGAACAAGACAAAGAACTGTTACAAAG
LG24	ref-57230_23	73.381	Chr11	22158200	CTCAGAAGTCCACCGAAGAGTCAGAGTTGGGTGTTCTCTTATCTTGTATCATTGTTGTATCAACAAAACATTTTCAGGCTCAGCCCTGAACATAGTGAGTGACGTATATATTT TGGCATATACTGACGCCGTTCTGTGCGTATACACCACCTCCTCCTGTGACGTTGTTCTCCACACCGCCCATCAGCGAATGCCAGGCATACACTGCCCCGATGGAGATGC[A/ T]TCCAAACAGAGCTAGCTATCAAAGTGCCCCATTGTCAAGTAGCCAGTGAATTCATGGCATCTCTACATCAAAGGATGAAGAAAAAATAGAAGAGGCCACAAAGCTTAT GCACATACACACAAACACACCTGCATGCTTATAAAGTCTCATAGCATTCCGGTATATCACTATGCTTGTGTGCCGCTTTACACAGCAAAGCTCAATACTG
LG24	ref-14667_3	73.652			GG[A/G]ATGGAGTCGAACTGTTTGCATGAGCCGTG
LG24	ref-9069_27	73.75			TCAAGACCTTTCCTTTGTGCAACGAAGTCTAGGCCTCAAATGGGACCTTGTTGCAGATACACTTACTTTCCAAGTGGCTAATGTTGAAAAACCATATACTCGACGTGGTGTG TCATCTGCAATCAATAGCCTATTCAACCCGCTTGGGTTTGTCTGCTCCTGTGAGTGTTCAGGTCGAAAAATTTCTAAGAGATCTGACCAGTGTGTCTGCGATTGGGATGCAC CA[C/T]TCCCTGAACACAAGTTCCAGAAATGGCGAAAAATGGTGATTTCTTTTACAAGATCTGAGTGTGGTGAAGATTTCCAAGAATGTACACATCAATTCCTCATTACAAAGC TCAGGAAGGAGAAGTTTGTATATTCTGTGATGCATCAACTAAAGCTATTGCTGTGTTGCCATTATAAAGGCTACAGATGCTCAAGGACAGGCTGAGCT
LG24	ref-27498_10	73.961			CCACTAATGGAATTGAGAGAAAGCTCAAAATTAAGAAAGATTTATGACATTTTGTCTCTGAACTTTTTCCAGTCGTCTTTTTTGTTCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTC TCTCTCTCTCTTCCAACCTAATCCATTAATTCCTCTATATTGATTAGAATGTAAGGGCTGCAT[A/C]GCAAACCATTCGGTGAGAGGTTGAGTTGTCTCGCCTGGAGTGTG AGTGTGTTACAGCTATTCCTCGAGAAATGGCTACCAGTACTAATTTACTTACTATTTTAGAGCCAGCGGGGCTCATGTTTATATCTTAGCTACAGTATTACACCAGGT ATTAACATGACAAAAAGCACCATATGAAATG
LG24	ref-51369_5	74.008	Chr11	34757658	TTCTGTATTTCTGTGTTAATGTGCATTATTTTTAGTGGATCTGTTTATTTGTTTGGTTTATAGGATGATGCCCCGTCAGTTGTTGCCCTGGCCGGGCGGCAGAGGAACAGG GCATCCTGCCTGATGACCTGGCAATGTCATCACCAGACTGTGGGCTGATGGAGGGGTACAGAACTGCTTCACCCGCGCTCGAGAGTACCA[A/G]CTCAACGACTCCGCTG CATAGTGAGTTCTCGTTCCATTGTTGGTCAGAAATGATATTGACCATTGTGTCAGTGACCATTATCAATATTTCATGGCAAGCTAAAAATCATAACTATAATGCGCAGCCTGT CAGGTGATAAATATGCATTTACAGATGGAACAGGGTGGTGCATATAGCATTGTGGGTATTTTCTTGAAATATAAACATATTCAAATATTCAAAGGTT
LG24	ref-14034_16	74.311			CGCGTGCTGAAATAGCCTTCCTCGTTTCCGCGAGGGATGCTGATGATGATGTTGTGCCCCGAGTAGGCGGGTGAGGGTCCGATGCGGAAGATCTGAGCTGGGATGATGAT GCTGGTCTGGAAGCTCAGCTGGTAGTACGTGATGCGTAATGGCATAGTCTGGCATTGCTGGAAGTTGGGGCAAC[A/G]CATTGCTCACAGCGTCTAAAAACATGGGAGAG GTGAGAGTTTGGTCTATCGAATGTGCAAGAATTTGTTCTGCAAAGACCCTGGCCGAAGTTGTGTTTAAAGTCAAACATCTAAATGGTACTTATGAAATTAACAGACAC TTCTAAAGGGATAGTTAACCAATAATGAAATTTCTCATGT
LG24	ref-32333_1	74.418	Chr11	32537753	ATAATCCAGGATAAAGTTTAAAGTCATTTTTTCAGTGTTCTGGGCCAAGATTGTCTGCTAATCACAGATCCAATCTGGAATCTGTGGCTTACTCCAGTAAGGTCTTTATGG ATGCCGTTGCTACGGATTGTTCTAAAGCTCCCACGGCAACAGCCTCCATGCAACCTGCATGCAACCGGCTGAGCAGAATTCCAAATT[G/T]ACCTTGGAGCGATGAGATTG CCATAGGCATTTTATACCCACCTGGCCAGAATTGGGCCTATAACAGGGCAGTGTGAGAAAATGCTTTGCTTTTGATCCACTGACACTGTCTGCCATGGCTTTGATCTCAC TGTAATAATCTCATTTGTTTATGGAATGGAATTTGTTTCCAGGAAAGTTGTCACTGTGCTTCAAATGAACTGCGCTGAGAATGTGTGTCCTGGAGG
LG24	ref-50694	76.079	Chr11	36325262	TTTGATTTTCCTAAAGTCTGTTAATGTTTCAGTTATTTTGGCACATTTAAATGTTACTTTTACAAAACCTACCTTTCATCTTCTGAGTCTGTGAGTCTACAAAAATGTGTTT GCCCCAGATCTGCTGTCCATGTGGTTTTATGATGTACGTTTCATCTTCATAGAAGTACTGCACAAGCATTAGTTTCTGTGGTCTGTTTCCTAATCCACACATTGTGTAAGTC TCCTCTGTTTTCTCACTCGCTGTAATGGAGTTGTTTCATCTTCATTGCTTTTCAGCTTCTTATGGAGGTTTCACTTACAGTAAGTGATCTCTGCTGTTTAAATGCTGATTAAATA CTGTATGTCCACATTTGTAGTTAAAAAT
LG24	ref-31409	76.399			CATTGTATACGAGCAGGCTGCTTTATGGAA
LG24	ref-55760_30	76.623	Chr11	38246922	GGGTAAGGTTTGTCTGTTAATGATGTAGGCAATGCATTTATTTAAATGTGCAGAAATGCATTGAGGGTGTTTTTGTCTTTCGTTGGATGTTTTTCTACTCTTATAAATAA TTCATGACCTCTTTTACTCTAACCAATCACGTACTTCGTTTTGGAGCGAGCCCCGCCACGCAACCAATCGGAAGCCAGGAATCGGATCCGTGCCCTCGAGTACATTGCGAT GCGT[A/G]TCATGTGACAGGACTCTGAGAGAAATGCCAATGGAACCGTGGAAGGACGATGTTCTTCCCAACAATAACACTGAAAGAGACATCTGGATTATCCTATGT CGTACCCCAAGCTGGATATTTCAATCCATATTACACAAGGTAATGAGACCTTATAAATATATCGTTTTACTTTTCGATAAACCAATCGAAGGGGT
LG24	ref-70081	76.903			ACCTAGACAACGATATCTTTGCGTGGGAACG

LG24	ref-52236	77.612			GAGTCAAGCCTGTATTCTTTTATCAGTAACCATTGCAAAAATGACCAAAGTAATATCAAAGATGGCGATATCCATAAAAAGTCTTATCACTTTTGACATGACAAGTCCAATCGAGCTGTGAGTTTCATCTGTCAAATCTTCACTAACCTACAGCAGCTTTTATATCTGGGTGGAGCATTTCAGTCGTGTGTAGAACACAAAAGTACGGGAGCAGCTCTGATTGGTGGAGAACAGTGACAGGATCTTAAACCTTCAGATGACACACAGCTCATATCTCTGCTGCTGTAAGTTACCAAAACACACATGGAAGCCTGCAGCACACGGTAACATGTGTTTGTGCAGTGCAGAGTGACTCTGTTGCA
LG24	ref-66697	77.932			GGTGTACTTGTGAAAGATGGGCTGTTGACTTTGTGTTGTTGATGGGAAACATAAGGGCTGCAGAGGGACTGATGGGGGTCCAAGCACTCAGAGCAGTCAATATATCATTACGGTCACTCATGAGGGGTCCATGAGAGCCTGCGTGTCTATAACTCTAGCATGGGCAGGATTACAAGCGGCAAGCTTGTCGTTTAATTCTTTAGCTTCACAGCTTCTTCACGGCCATTGTACCATTCAGAGGGTGGGAGGCCGGATCGTTTTTAGAGGGTATTTCTCTCAACATGAGAGCAGAAAGTCAATAGTTTAACTTTACAGAGGTCAGTGCATAGACATGTTCTCACTAAATGCATGGTACTGTTACTGTA
LG24	ref-16966_18	78.078	Chr11	39141072	TTGAGAGGTTTCCTTGGCGATAAGGTTCACTGACATCTTTTGGACTGTGCGATAGCTCATGCTAAACGGGAGGGGATGACGGATGGTGCTAGCCTTAGATAGCTTTGTCAGTGTCACAGCCCCGTTCCCGCTGGGTCCCAGCAGCCCCGACCGGGCGGCACTGGGCACGGAAAGAAGCACGTG[C/T]CTCGAGTGTCTGGAGAGACACCGGTGACAAAAGCAAGCTCTCGATCTCCTAACTCAAATAACTACTTGCCTGTATCCCATATTTCTCCGTGACCTTAAAGGAAATGACAGCTCTCATCTGGGAGTTGGTGCCAGGTCAAAATACAATTGTTTTTTTTCTCTCGCTACCCCTTCTCCTCTAC
LG24	ref-7617	79.462			CTGCCGCCGCCGAGCCCGCTGCCCTCTTCA
LG24	ref-25418	80.781			ACAAAAAAACTTTTGTGTGACTTTTGTGCTGTTCCACAATCCAGTAAGCTGCCTTTTGCATACTGTCATAATAAGAATGAAACGAAAACAGATCATTCTTATTGACTACGTATTATAAATGATTTATCCATGCACATGATATGCCCTTGAATCTTTATTCAAATAACCCCCCTGCAATGACTTCGCTTCTCTGATGACATCAGTGTGACAATTGCTTTCAGCTGAAAGTAGCTAAACTGGTCGCTTAATGCCGCTAGATGATGTCATATTGGCGAATCCACTGATCTGTATTAATATAAATATAGATCAGTGGCGAGTACACGGAATCTAGATAAGGTTTGTCCAAGAAGTTGCTAGATTT
LG24	ref-40257_17	81.484			GGAGTCTGGCTGACTCTGGCTGTCCGATGAAGTCATGGAGGGCTCCTTCTGGCACTTGTGCGCGTGTAAATAGACACTGATGATCAAGTATGCCGTTCTCTGAGGAATCCTGCACTAGCTGAAGAGAACAAAGAGATGGGAAAGATGAAACGAGGATGTGTGGAATACTGTATCCCACAGTGAATG[C/G]GTTCTGTTTGAAAATTCATTACTATCTTTTTCCACATTATTAGTAACACCGTGTCTAACCAGACGCGCTGCGACGCCACAACACGCGATAAAAAGGTATCTTTTCCATTTTAATCAGAGTTTTTGTCTGGCTGGAACAACAACACTGATAATCTCAGGTCATGTTATGTGCTTTATTCAATG
LG24	ref-42901_28	82.322	Chr12	43798526	TAATCTGTAAATTGTATCTATGTATGATTTTTTCCAACAGTCTCAATGAGTAAGCTCCTTCAGTAGTTTAAATACATTAAGTTCTAGACAACTTTTAAAGTCACCATGAAATCAAAATTGACATTTCTTATTTATCTATGGAACATATTTTATATATATGTGTGCCCTCGTAATCTTTAGTCAAAATAACTTCCCCTTCTCTTGCAGCGACGTCACTGCTCTGAA[A/T]AAGTGTTTACTGGAGCGAGGGCGGGGCAACCTGTCACTCAAATTACATCACAGCAATAGCAAACCACAACCATCCAATCAATTCCCAATGGACAAAATCAAGTCCCGCCCTACATCTTTTCTTGCTCGAGAAGCGTTTCATTCCGATCAGAGCTAACGGCTCTGATTCCGATATGTGTCATGCAGAATAGGTAAGAAAAGACT
LG24	ref-5686_7	83.96			AGAAAG[C/T]CCGCGAACAGTTTGCTGAAGACAAG
LG24	ref-66423	84.799			TCCCTCACACGTCACTGGATTTCGCCCGCAAAATTTTTACCTGAAATGGTGATGTAAACGCAAACTAAGGCACAAAAGCTATTTATTTAAATAAATGCAGCATATAGCGATAAAAATTGTATATGAATAAACTTTGGCGTAACTTTGTGTTCAAAGTCTCTGTGATATTTCTGGTCTGTACATATGTCTCGAGTCTCTACTTCAATTATTATTATTATTGTGCTCATGTCCGTTTTCACTGCATGAACGATAGTGATACTGATGCTTATGTACGCCAGTCTGAGAACCTATGAATGGTGGATCCATAATGGCCTCCATAGATGAACACCACTGACCTCAATTTCGCGTGTGTGTTGGCATAGTACT
LG24	ref-35355	86.04			ACTTAGACGACGACACCTCTGCAAGGCTAGC
LG24	ref-20068	88.003	Chr11	36630517	AACCCAAATGTCCTTGATTTTTATGATGGTCCAAGCTGGTGTACATGCATGTCCATTCTGGGTCCTAGTGTAACATAATAAACACATTTATTTAATTAAAAATTAGCCTTTTTTATGCCATATATATCATTAATGTTAAAAAAGACAGATGTCTGTCTGCAACTGAAAAGTGAACAGATTTAGATTCAATTATAAATTGGCAATATAACCGATCCATCTGGTTGGGGTGTCTGCAATTTTTTTTTTCCATGACTAGAGTTCTTCTAGAGTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGTGTTTTCTGAAGTGTTGTGTGCTGTGAGATGATCTTCAAGTCTGCGGGTTGAATCGTTCTGAGCTGATGACATTATTAAGTAAAACGGTTACAAGGACAGAATGAAAACTATGAGAGAGGAAGTGATTCAGACTGA
LG24	ref-49879	90.19			CTTAATATTAATGAGCCAACCCATCACCATGAAGGATTGTCACGATACCTCATTATTTTCATGAGCCAAGCTTTTACCATTTTCATGAAGCACGGCTTCGCCATAGTAGCGAGGTCTGTGCGTCTAAACCTGAAAAGCAAAAAGTGAATAAAAGTGGTTTACGGACAGCCCAACCATCACTTTTCGAGTCTCGCATGTTTGTGAGTATTTAAATAAGAATTCCATAATGAACCTATCTAAAATTTGCGTTTTGCCTATTGATTTAGTTTTGACGCATTGCAATATATGTAATTTTCTGTTTAAGATTGTTACGAATCTAAACAAATATCGCATTTAAAAACTTTGTAGTCTATAACTTTAT
LG24	ref-37592_32	98.95			TGAACACTAGCGAAATGGCTGCTAAAAAAA[A/C]
LG24	ref-37592_31	98.989			TGAACACTAGCGAAATGGCTGCTAAAAAAA[A/C]C

Supplementary Table A3 The markers within confidence intervals of QTLs for growth traits in silver carp and the potential candidate genes detected from the genome of zebrafish.

Linkage group	QTL	Marker	Map position (cM)	LOD	Potential candidate gene
LG14	qBW1-a	ref-5067_7	55.7	5.02*	
LG16	qBH1-a	ref-24639	65.346	4.21*	
		ref-40264	65.579	4.19*	
	qBW1-b	ref-67451_31	37.391	3.78*	
		ref-36807_32	37.784	3.86*	
		ref-36807_30	37.961	3.87*	
		ref-33817_9	38.207	3.89*	
		ref-29748_27	38.258	4.17*	
		ref-68349_2	38.692	3.96*	<i>Hepcidin</i>
		ref-48846	38.73	3.95*	
		ref-37915	39.35	3.71*	
		ref-15392	39.393	3.73*	
		ref-11795	49.731	4.07*	Phosphodiesterase 11a, like
LG18	qBL1-a	ref-16553	27.9	8.28**	
	qBW1-c			5.94*	
LG22	qBL1-b	ref-46998_8	49.4	5.03*	Fas-activated serine/threonine kinase
	qBH1-b			5.48*	
	qHL1-a			5.51*	
	qBW1-d			4.43*	
LG18	qBL2-a	ref-16553	27.9	6.71*	
	qBW2-a			5.63*	
LG22	qBL2-b	ref-46998_8	49.4	5.81*	
	qBH2-a			6.75*	
	qHL2-a			6.72*	
	qBW2-b			6.09*	
LG8	qBL3-a	ref-68151	64.2	5.33*	
	qHL3-a			4.96*	
LG14	qBL3-b	ref-30367_1	55	5.04*	Solute carrier family 35, member F3a
LG19	qHL3-b	ref-29737	52	4.08*	
	qBW3-a	ref-13029	79.3	3.95*	
		ref-10649	79.5	4*	

a BL, body length; BH, body height; HL, head length; BW, body weight. The digits of suffix (1, 2 and 3) indicate the growth traits measured at 6 months, 12 months and 18 months after hatch, respectively.

b *, chromosome-wide (CW) LOD significance; **, genome-wide (GW) significance.

Supplementary Table A4 Primers for polymorphism identification and expression analysis of *hepcidin* in silver carp.

Primer name	Primer sequence (forward)	Primer sequence (reverse)	Usage
Hy-hepcidin-SNP-1	CGGGAAGAGTCAAGCAGGTC	TTAGGGGTTAGGGTTCGGGA	SNP identification and genotyping
Hy-hepcidin-SNP-2	TAGAAATGTGTGCCTTGGA	CAGCAGGGATTTTGAAGAC	SNP identification and genotyping
Hy-hepcidin-qPCR	ATCCTTCAGACCGCAGCCGT	AATGCCAGGGGGTTTGTTTG	qRT-PCR
Hy-β-actin-qPCR	TCACCGAGAGAGGCTACAG	TACCGCAAGACTCCATACC	qRT-PCR

Supplementary Table A5 Association analysis between genotypes of hepcidin-g.752C>T and growth traits in two silver carp populations.

Populations	Age	Genotypes (Numbers)	Alleles (Frequency)	BL (mm)	BH (mm)	HL (mm)	BW (g)
Family A	6 months	CC (21)	C (76.3%)	174.5±8.4	51.6±2.1 ^a	51.1±2.4	97.2±14.5 ^a
		CT (19)	T (23.7%)	171.1±12.4	49.5±3.3 ^b	50.1±3.2	85.4±17.5 ^b
	12 months	CC (21)	C (76.3%)	221.9±11.2	66.3±2.9	68.1±3.3	195.7±26.4
		CT (19)	T (23.7%)	217.1±15.4	64.5±4.5	66.4±4.2	181.6±31.9
	18 months	CC (10)	C (76.3%)	342.3±19.8	95.8±4.4	104.1±4.7	677.4±91.9
		CT (9)	T (23.7%)	341.3±13.9	95.2±4.7	103.2±3.8	674.4±77.4
Population B	6 months	CC (34)	C (94.7%)	165.5±33.1 ^A	50.5±11.8 ^a	48.9±9.4 ^A	96.8±49.7 ^a
		CT (4)	T (5.3%)	115±14.4 ^B	35.2±4.3 ^b	35.5±4.2 ^B	30.5±10.4 ^b

BL, body length; BH, body height; HL, head length; BW, body weight; a,b, the different superscript lowercase letter within a column means significant difference at $P < 0.05$; A,B, the different superscript uppercase letter within a column means significant difference at $P < 0.01$.