

		*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	*	
GCAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATAAGCAATGGAATCTAATAA																	
HK-101	:															:	149
BG01_2	:															:	149
BG01_3	:															:	149
BG01_4	:															:	149
BG01_5	:															:	149
BG01_6	:															:	149
BG01_7	:															:	149
BG01_8	:															:	149
BG01_9	:															:	149
BG01_10	:															:	149
H1_1	:															:	149
H1_4	:															:	149
H1_5	:															:	149
H1_6	:															:	149
H1_9	:															:	149
H1_10	:															:	149
H1_11	:															:	149
H1_12	:															:	149
H1_13	:															:	149
H9_1	:															:	149
H9_2	:															:	149
H9_3	:															:	149
H9_4	:	G.....														:	149

H9_5	:		:	149
H9_6	:		:	149
H9_7	:	G.....	:	149
H9_10	:		:	149
MRCiPS7_1	:	C.....	:	149
MRCiPS7_2	:		:	149
MRCiPS7_4	:		:	149
MRCiPS7_5	:		:	149
MRCiPS7_6	:	C.....	:	149
MRCiPS7_7	:	C.....	:	149
MRCiPS7_10	:		:	149
MRCiPS7_12	:	G.....	:	149
MRCiPS7_13	:		:	149
MRCiPS20_1	:		:	149
MRCiPS20_5	:		:	149
MRCiPS20_6	:		:	149
MRCiPS20_7	:		:	149
MRCiPS20_8	:		:	149
MRCiPS20_9	:		:	149
MRCiPS20_1	:	...C..T.....T.....	:	149
MRCiPS20_1	:		:	149
MSCiPS1_1	:		:	149
MSCiPS1_3	:		:	149
MSCiPS1_5	:	T.....T.....	:	149
MSCiPS1_7	:		:	149

MSCiPS1_8	:		:	149
MSCiPS1_10	:	G.....	:	149
MSCiPS1_11	:		:	149
MSCiPS1_12	:	T.....	:	149
MSCiPS1_15	:	C.....	:	149
MSCiPS1_16	:		:	149
MSCiPS1_19	:		:	149
MSCiPS3_1	:		:	149
MSCiPS3_3	:		:	149
MSCiPS3_4	:		:	149
MSCiPS3_5	:		:	149
MSCiPS3_6	:		:	149
MSCiPS3_7	:		:	149
MSCiPS3_8	:		:	149
MSCiPS3_9	:	T.....C...G.....	:	149
MSCiPS3_11	:		:	149
MSCiPS3_12	:	-	:	148
MSCiPS3_13	:		:	149
MSCiPS3_14	:		:	149
MSCiPS3_15	:	C.....	:	149
MSCiPS3_16	:		:	149
MSCiPS3_17	:		:	149
hFibiPS4_2	:		:	149
hFibiPS4_4	:		:	149
hFibiPS4_5	:		:	149

hFibiPS4_6 :	C.....	: 149
hFibiPS4_8 :		: 149
hFibiPS4_1 :		: 149
hFibiPS4_1 :		: 149
hFibiPS4_1 :		: 149
hFibiPS5_3 :		: 149
hFibiPS5_6 :		: 149
hFibiPS5_7 :		: 149
hFibiPS5_8 :		: 149
hFibiPS5_1 :		: 149
hFibiPS5_1 :		: 149
GH_2 :		: 149
GH_3 :		: 148
GH_4 :		: 148
GH_5 :	T.....G.....	: 148
GH_9 :		: 148
GH_10 :		: 148
GH_13 :		: 148
GH_14 :		: 149
GH_15 :		: 149
GH_16 :		: 149
GH_17 :		: 148
GH_18 :		: 149
GH_19 :	G.....	: 150
GH_20 :		: 149

GH_21	:		:	149
GH_22	:	C.....	:	149
GH_23	:		:	149
GH_24	:		:	149
NCCIT_1	:		:	148
NCCIT_13	:		:	148
NCCIT_16	:	T.....G.....	:	148
2102EP_2	:	G.....G.....	:	149
2102EP_4	:		:	149
2102EP_11	:	G.....	:	149
2102EP_6	:	G.....	:	149

160 * 180 * 200 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300

TGTCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTAGCATTTT TATCGAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACG

HK-101	:	-	:	298
BG01_2	:	-	:	298
BG01_3	:	-	:	298
BG01_4	:	-	:	298
BG01_5	:	-	:	298
BG01_6	:	-	:	298
BG01_7	:	-	:	298
BG01_8	:	-	:	298
BG01_9	:	-	:	298
BG01_10	:	-	:	298
H1_1	:	-	:	298

H1_4	:	-	:	298
H1_5	:	-	:	298
H1_6	:	-	:	298
H1_9	:	-	:	298
H1_10	:	-	:	298
H1_11	:	-	:	298
H1_12	:	C.-	:	298
H1_13	:	-	:	298
H9_1	:	-	:	298
H9_2	:	-	:	298
H9_3	:	-	:	298
H9_4	:	-	:	298
H9_5	:	-	:	298
H9_6	:	-	:	298
H9_7	:	-	:	298
H9_10	:	-	:	298
MRCiPS7_1	:	-	:	298
MRCiPS7_2	:	-	:	298
MRCiPS7_4	:	-	:	298
MRCiPS7_5	:	-	:	298
MRCiPS7_6	:	-	:	298
MRCiPS7_7	:	-	:	298
MRCiPS7_10	:	-	:	298
MRCiPS7_12	:	-	:	298
MRCiPS7_13	:	-	:	298

MRCiPS20_1	:	-	:	298
MRCiPS20_5	:	-	:	298
MRCiPS20_6	:	-	:	298
MRCiPS20_7	:	-	:	298
MRCiPS20_8	:	-	:	298
MRCiPS20_9	:	-	:	298
MRCiPS20_1	:	-	:	298
MRCiPS20_1	:	-	:	298
MSCiPS1_1	:	-	:	298
MSCiPS1_3	:	-	:	298
MSCiPS1_5	:	-.....A.....	:	298
MSCiPS1_7	:	-	:	298
MSCiPS1_8	:	C.....C.....-	:	298
MSCiPS1_10	:	-.....G.....	:	298
MSCiPS1_11	:	-	:	298
MSCiPS1_12	:	-	:	298
MSCiPS1_15	:	-	:	298
MSCiPS1_16	:	-	:	298
MSCiPS1_19	:	-	:	298
MSCiPS3_1	:	-	:	298
MSCiPS3_3	:	-	:	298
MSCiPS3_4	:	-	:	298
MSCiPS3_5	:	-	:	298
MSCiPS3_6	:	-	:	298
MSCiPS3_7	:	-	:	298

MSCiPS3_8	:	-	298
MSCiPS3_9	:A.....	-	298
MSCiPS3_11	:	-	298
MSCiPS3_12	:	-	297
MSCiPS3_13	:	-	298
MSCiPS3_14	:	-	298
MSCiPS3_15	:	-	298
MSCiPS3_16	:	-	298
MSCiPS3_17	:	-	298
hFibiPS4_2	:	-	298
hFibiPS4_4	:	-	298
hFibiPS4_5	:	-	298
hFibiPS4_6	:	-	298
hFibiPS4_8	:	-	298
hFibiPS4_1	:	-	298
hFibiPS4_1	:	-	298
hFibiPS4_1	:	-	298
hFibiPS5_3	:	-	298
hFibiPS5_6	:	-	298
hFibiPS5_7	:	-	298
hFibiPS5_8	:	-	298
hFibiPS5_1	:	-	298
hFibiPS5_1	:	-	298
GH_2	:	-	298
GH_3	:C.....	-	297

GH_4	:	-	:	297
GH_5	:	T.....	:	298
GH_9	:	-	:	297
GH_10	:	-.....G.....	:	297
GH_13	:	C.....-.....A.....	:	297
GH_14	:	-	:	298
GH_15	:	-	:	298
GH_16	:	-	:	298
GH_17	:	-	:	297
GH_18	:	-	:	298
GH_19	:	-	:	299
GH_20	:	-	:	298
GH_21	:	C.....-.....	:	298
GH_22	:	-	:	298
GH_23	:	-	:	298
GH_24	:	-	:	298
NCCIT_1	:	-	:	297
NCCIT_13	:	-	:	297
NCCIT_16	:	T.....	:	298
2102EP_2	:	-	:	298
2102EP_4	:	-	:	298
2102EP_11	:	-	:	298
2102EP_6	:	-	:	298

		*	320	*	340	*	360	*	380	*	400	*	420	*	440	*	
		TTACTGGGAATTGCCATG CTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTTATCAATAATTTCATGTAATTCACTACCCCTGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTG															
HK-101	:															:	448
BG01_2	:															:	448
BG01_3	:															:	448
BG01_4	:	T.....														:	448
BG01_5	:	C.....														:	448
BG01_6	:	T.....														:	448
BG01_7	:															:	448
BG01_8	:															:	448
BG01_9	:															:	448
BG01_10	:	A.....														:	448
H1_1	:	-----.....A.....														:	439
H1_4	:															:	448
H1_5	:															:	448
H1_6	:															:	448
H1_9	:	T.....														:	448
H1_10	:															:	448
H1_11	:	T.....														:	448
H1_12	:															:	448
H1_13	:															:	448
H9_1	:	T.....														:	448
H9_2	:															:	448
H9_3	:	T.....														:	448
H9_4	:	T.....C.....														:	448

H9_5	:		:	448
H9_6	:	T.....	:	448
H9_7	:		:	448
H9_10	:		:	448
MRCiPS7_1	:		:	448
MRCiPS7_2	:		:	448
MRCiPS7_4	:		:	448
MRCiPS7_5	:	T.....	:	448
MRCiPS7_6	:		:	448
MRCiPS7_7	:		:	448
MRCiPS7_10	:	G.....	:	448
MRCiPS7_12	:	T.....	:	448
MRCiPS7_13	:	.C.....T.....	:	448
MRCiPS20_1	:	T.....	:	448
MRCiPS20_5	:		:	448
MRCiPS20_6	:	T.....	:	448
MRCiPS20_7	:	T.....	:	448
MRCiPS20_8	:	C.....	:	448
MRCiPS20_9	:		:	448
MRCiPS20_1	:	A.....T.....	:	448
MRCiPS20_1	:	T.....T.....	:	448
MSCiPS1_1	:	A.....	:	448
MSCiPS1_3	:		:	448
MSCiPS1_5	:		:	448
MSCiPS1_7	:	T.....C.....	:	448

MSCiPS1_8	:T.....	: 448
MSCiPS1_10	:C.....	: 448
MSCiPS1_11	:A.....	: 448
MSCiPS1_12	:	: 448
MSCiPS1_15	:T.....	: 448
MSCiPS1_16	:T.....	: 448
MSCiPS1_19	:	: 448
MSCiPS3_1	:	: 448
MSCiPS3_3	:T.....	: 448
MSCiPS3_4	:T.....	: 448
MSCiPS3_5	:T.....	: 448
MSCiPS3_6	:T.....	: 448
MSCiPS3_7	:T.....	: 448
MSCiPS3_8	:	: 448
MSCiPS3_9	:G.....	: 448
MSCiPS3_11	:T.....	: 448
MSCiPS3_12	:T.....	: 447
MSCiPS3_13	:T.....	: 448
MSCiPS3_14	:	: 448
MSCiPS3_15	:T.....	: 448
MSCiPS3_16	:T.....	: 448
MSCiPS3_17	:	: 448
hFibiPS4_2	:T.....	: 448
hFibiPS4_4	:	: 448
hFibiPS4_5	:	: 448

hFibiPS4_6	:T.....	: 448
hFibiPS4_8	:	: 448
hFibiPS4_1	:	: 448
hFibiPS4_1	:	: 448
hFibiPS4_1	:C.....	: 448
hFibiPS5_3	:T....C.....	: 448
hFibiPS5_6	:	: 448
hFibiPS5_7	:T.....	: 448
hFibiPS5_8	:T.....	: 448
hFibiPS5_1	:	: 448
hFibiPS5_1	:	: 448
GH_2	:	: 448
GH_3	:	: 447
GH_4	:	: 447
GH_5	:	: 448
GH_9	:G.....T.....	: 447
GH_10	:	: 447
GH_13	:	: 447
GH_14	:	: 448
GH_15	:	: 448
GH_16	:	: 448
GH_17	:	: 447
GH_18	:G.....	: 448
GH_19	:	: 449
GH_20	:	: 448

GH_21	:		:	448
GH_22	:		:	448
GH_23	:		:	448
GH_24	:		:	448
NCCIT_1	:		:	447
NCCIT_13	:		:	447
NCCIT_16	:		:	448
2102EP_2	:		:	448
2102EP_4	:	G.....T.....	:	448
2102EP_11	:	C.....	:	448
2102EP_6	:		:	448

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGGGCATTCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGGAGGCCAGTATTGATAGGCTACTGGCGGTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGCTTTTGAGGTTGTAATGTTACGGGCACCTGACCTGCTG

HK-101	:		:	598
BG01_2	:	T.....	:	598
BG01_3	:		:	598
BG01_4	:		:	598
BG01_5	:		:	598
BG01_6	:		:	598
BG01_7	:		:	598
BG01_8	:		:	598
BG01_9	:		:	598
BG01_10	:		:	598
H1_1	:		:	589

H1_4	:		: 598
H1_5	:	-	: 597
H1_6	:		: 598
H1_9	:		: 598
H1_10	:		: 598
H1_11	:		: 598
H1_12	:		: 598
H1_13	:	C.....	: 598
H9_1	:		: 598
H9_2	:		: 598
H9_3	:		: 598
H9_4	:		: 598
H9_5	:		: 598
H9_6	:		: 598
H9_7	:		: 598
H9_10	:		: 598
MRCiPS7_1	:		: 598
MRCiPS7_2	:		: 598
MRCiPS7_4	:		: 598
MRCiPS7_5	:		: 598
MRCiPS7_6	:		: 598
MRCiPS7_7	:		: 598
MRCiPS7_10	:		: 598
MRCiPS7_12	:		: 598
MRCiPS7_13	:		: 598

MRCiPS20_1	:		:	598
MRCiPS20_5	:	G.....	:	598
MRCiPS20_6	:		:	598
MRCiPS20_7	:		:	598
MRCiPS20_8	:		:	598
MRCiPS20_9	:		:	598
MRCiPS20_1	:		:	598
MRCiPS20_1	:	C.....	:	598
MSCiPS1_1	:		:	598
MSCiPS1_3	:	C.....	:	598
MSCiPS1_5	:		:	598
MSCiPS1_7	:		:	598
MSCiPS1_8	:		:	598
MSCiPS1_10	:	C.....	:	598
MSCiPS1_11	:		:	598
MSCiPS1_12	:		:	598
MSCiPS1_15	:		:	598
MSCiPS1_16	:		:	598
MSCiPS1_19	:		:	598
MSCiPS3_1	:		:	598
MSCiPS3_3	:		:	598
MSCiPS3_4	:		:	598
MSCiPS3_5	:		:	598
MSCiPS3_6	:		:	598
MSCiPS3_7	:		:	598

MSCiPS3_8	:		:	598
MSCiPS3_9	:		:	598
MSCiPS3_11	:		:	598
MSCiPS3_12	:	C.....	:	597
MSCiPS3_13	:		:	598
MSCiPS3_14	:		:	598
MSCiPS3_15	:		:	598
MSCiPS3_16	:		:	598
MSCiPS3_17	:		:	598
hFibiPS4_2	:		:	598
hFibiPS4_4	:		:	598
hFibiPS4_5	:		:	598
hFibiPS4_6	:		:	598
hFibiPS4_8	:		:	598
hFibiPS4_1	:		:	598
hFibiPS4_1	:		:	598
hFibiPS4_1	:		:	598
hFibiPS5_3	:		:	598
hFibiPS5_6	:		:	598
hFibiPS5_7	:	C.....	:	598
hFibiPS5_8	:	C.....	:	598
hFibiPS5_1	:		:	598
hFibiPS5_1	:		:	598
GH_2	:		:	598
GH_3	:	C.....C.....A.....	:	597

GH_4	:		:	597
GH_5	:	G.....	:	598
GH_9	:	C.....	:	597
GH_10	:		:	597
GH_13	:	C.....T.....C.....A.....	:	597
GH_14	:		:	598
GH_15	:		:	598
GH_16	:		:	598
GH_17	:		:	597
GH_18	:		:	598
GH_19	:		:	599
GH_20	:		:	598
GH_21	:		:	598
GH_22	:		:	598
GH_23	:		:	598
GH_24	:		:	598
NCCIT_1	:		:	597
NCCIT_13	:		:	597
NCCIT_16	:	G.....	:	598
2102EP_2	:		:	598
2102EP_4	:	A.....	:	598
2102EP_11	:		:	598
2102EP_6	:	G.....G.....A.....	:	598

GAAGAGGACTTGTCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK-101	:		-----	:	637
BG01_2	:		-----	:	637
BG01_3	:		-----	:	637
BG01_4	:		-----	:	637
BG01_5	:		-----	:	637
BG01_6	:		-----	:	637
BG01_7	:		-----	:	637
BG01_8	:		-----	:	637
BG01_9	:		-----	:	637
BG01_10	:		-----	:	637
H1_1	:		-----	:	628
H1_4	:		-----	:	637
H1_5	:		-----	:	636
H1_6	:		-----	:	637
H1_9	:		-----	:	637
H1_10	:		-----	:	637
H1_11	:		-----	:	637
H1_12	:		-----	:	637
H1_13	:		-----	:	637
H9_1	:		-----	:	637
H9_2	:		-----	:	637
H9_3	:		-----	:	637
H9_4	:		-----	:	637
H9_5	:		-----	:	637

H9_6	:		-----	:	637
H9_7	:		-----	:	637
H9_10	:		-----	:	636
MRCiPS7_1	:		-----	:	637
MRCiPS7_2	:		-----	:	637
MRCiPS7_4	:		-----	:	637
MRCiPS7_5	:		-----	:	637
MRCiPS7_6	:		-----	:	637
MRCiPS7_7	:		-----	:	629
MRCiPS7_10	:		-----	:	637
MRCiPS7_12	:		-----	:	637
MRCiPS7_13	:		-----	:	637
MRCiPS20_1	:		-----	:	637
MRCiPS20_5	:		-----	:	637
MRCiPS20_6	:		-----	:	637
MRCiPS20_7	:		-----	:	637
MRCiPS20_8	:		-----	:	637
MRCiPS20_9	:		-----	:	637
MRCiPS20_1	:		-----	:	637
MRCiPS20_1	:	G.....	-----	:	637
MSCiPS1_1	:		-----	:	637
MSCiPS1_3	:		-----	:	637
MSCiPS1_5	:		-----	:	637
MSCiPS1_7	:		-----	:	637
MSCiPS1_8	:		-----	:	637

MSCiPS1_10	:		-----	:	637
MSCiPS1_11	:		-----	:	637
MSCiPS1_12	:		-----	:	637
MSCiPS1_15	:		-----	:	637
MSCiPS1_16	:		-----	:	637
MSCiPS1_19	:		-----	:	637
MSCiPS3_1	:		-----	:	637
MSCiPS3_3	:		-----	:	637
MSCiPS3_4	:		-----	:	636
MSCiPS3_5	:		-----	:	637
MSCiPS3_6	:		-----	:	636
MSCiPS3_7	:		-----	:	638
MSCiPS3_8	:		-----	:	637
MSCiPS3_9	:		-----	:	637
MSCiPS3_11	:		-----	:	637
MSCiPS3_12	:		-----	:	636
MSCiPS3_13	:		-----	:	636
MSCiPS3_14	:		-----	:	637
MSCiPS3_15	:		-----	:	637
MSCiPS3_16	:		-----	:	636
MSCiPS3_17	:	C.....	-----	:	637
hFibiPS4_2	:		-----	:	637
hFibiPS4_4	:		-----	:	637
hFibiPS4_5	:		-----	:	637
hFibiPS4_6	:		-----	:	637

hFibiPS4_8 : : 636
hFibiPS4_1 : : 637
hFibiPS4_1 : : 637
hFibiPS4_1 : : 637
hFibiPS5_3 :G..... : 637
hFibiPS5_6 : : 637
hFibiPS5_7 : : 637
hFibiPS5_8 : : 637
hFibiPS5_1 : : 637
hFibiPS5_1 : : 637
GH_2 : : 637
GH_3 :G..... : 636
GH_4 : : 636
GH_5 :G.C. : 636
GH_9 : : 636
GH_10 : : 636
GH_13 :G..... : 636
GH_14 :T.....G..... : 637
GH_15 : : 637
GH_16 : : 637
GH_17 : : 636
GH_18 : : 637
GH_19 : : 637
GH_20 : : 637
GH_21 : : 637

GH_22	:		-----	:	637
GH_23	:		-----	:	637
GH_24	:		-----	:	637
NCCIT_1	:		-----	:	636
NCCIT_13	:		-----	:	636
NCCIT_16	:		-----	:	636
2102EP_2	:		-----	:	637
2102EP_4	:	G.....	-----	:	637
2102EP_11	:		-----	:	637
2102EP_6	:	G.....	-----	:	637

		*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	*	
CAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATAAGCAATGGAATCTAATAAT																	
HK_10	:	-														:	149
H1_3	:															:	150
H1_7	:															:	150
H1_14	:															:	150
H1_15	:															:	150
H9_13	:															:	150
MRCiPS7_9	:															:	150
MRCiPS20_3	:	.G.													:	150	
MRCiPS20_4	:															:	150
MRCiPS20_1	:	.T.													:	150	
MSCiPS1_18	:	.G.													:	150	
MSCiPS3_10	:															:	150
hFibiPS5_1	:															:	150
hFibiPS5_4	:															:	150
hFibiPS5_9	:															:	150
hFibiPS5_1	:															:	150
GH_6	:	-														:	149
GH_7	:	-	.G.													:	149
GH_8	:	-	.G.													:	149
GH_12	:	-														:	149
NCCIT_9	:	-														:	149
NCCIT_14	:	-														:	149
NCCIT_15	:	--														:	148

NCCIT_18 : -..... : 149

160 * 180 * 200 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300

GTCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTAGCATTATTCG AAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGT

HK_10 :-..... : 298

H1_3 :A..-.....C.....CT..... : 299

H1_7 :-..... : 299

H1_14 :-..... : 299

H1_15 :-..... : 299

H9_13 :-..... : 299

MRCiPS7_9 :C.....-..... : 299

MRCiPS20_3 :-..... : 299

MRCiPS20_4 :-..... : 299

MRCiPS20_1 :-..... : 299

MSCiPS1_18 :-..... : 299

MSCiPS3_10 :-.....G..... : 299

hFibiPS5_1 :-..... : 299

hFibiPS5_4 :-..... : 299

hFibiPS5_9 :-..... : 299

hFibiPS5_1 :-.....C..... : 299

GH_6 :-..... : 298

GH_7 :-..... : 298

GH_8 :-..... : 298

GH_12 :-..... : 298

NCCIT_9 :-..... : 298

NCCIT_14 :-..... : 298
NCCIT_15 :-..... : 297
NCCIT_18 :-..... : 298

* 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

TACTGGGAATTGCCATGCCCTCAGTATCTCC TTCCTTTCTTGATTATCAATAATTTCATGTAATTCACTACCCTGTCTACTAGGTGGTGCCATAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGATGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTG

HK_10 :-..... : 447
H1_3 :T..CT..C.....-..... : 448
H1_7 :-..... : 448
H1_14 :-..... : 448
H1_15 :-..... : 448
H9_13 :-..... : 448
MRCiPS7_9 :-..... : 448
MRCiPS20_3 :-..... : 448
MRCiPS20_4 :-..... : 448
MRCiPS20_1 :-..... : 448
MSCiPS1_18 :-..... : 448
MSCiPS3_10 :-..... : 448
hFibiPS5_1 :-..... : 448
hFibiPS5_4 :-..... : 448
hFibiPS5_9 :-..... : 448
hFibiPS5_1 :-..... : 448
GH_6 :-..... : 447
GH_7 :-..... : 447
GH_8 :-..... : 447

GH_12 :-..... : 447
 NCCIT_9 :-..... : 447
 NCCIT_14 :-..... : 447
 NCCIT_15 :-..... : 446
 NCCIT_18 :-..... : 447

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGGGCATTCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCAGCGGCCAGTATT GATAGGCTACTTGCGGTTGGGTCTTATTTT CTTTAACCTGCTTTTGAGGTTGTAATCTTACG GCACC TGACCTG

HK_10 :-.....-.....-.....-..... : 593
 H1_3 :-.....-.....-.....G.....G.....-..... : 595
 H1_7 :-.....-.....-.....G.....G.....-..... : 595
 H1_14 :-.....-.....-.....-.....-.....-..... : 595
 H1_15 :-.....-.....-.....-.....-.....-..... : 595
 H9_13 :-.....-.....-T.....-.....-..... : 595
 MRCiPS7_9 :-.....-.....-.....-..... : 595
 MRCiPS20_3 :-.....-.....-.....-..... : 595
 MRCiPS20_4 : : 598
 MRCiPS20_1 :-.....-.....-.....-..... : 595
 MSCiPS1_18 :-.....-.....-.....-..... : 595
 MSCiPS3_10 :G.....-.....G.....-.....G.....-..... : 595
 hFibiPS5_1 :-.....-.....-T.....-.....-..... : 595
 hFibiPS5_4 :-.....-.....-.....-.....-..... : 595
 hFibiPS5_9 :-.....-.....-.....-.....-..... : 595
 hFibiPS5_1 :C.....-.....-.....-.....-..... : 595
 GH_6 :-.....-.....-.....-.....-..... : 594

GH_7	:	-.....-.....A.....-.....	: 594
GH_8	:	-.....-.....A.....-.....	: 594
GH_12	:	-.....-.....-.....	: 594
NCCIT_9	:	G.....-.....G.....-.....G.....-.....	: 594
NCCIT_14	:	G.....-.....G.....-.....G.....-.....	: 594
NCCIT_15	:	G.....-.....G.....-.....G.....-.....	: 593
NCCIT_18	:	G.....-.....G.....-.....G.....-.....	: 594

* 620 * 640 * 660 * 680

CTGGAAGAGGACTTGTGCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_10	:	-----	: 635
H1_3	:	C.....-----	: 637
H1_7	:	C.....-----	: 637
H1_14	:	-----	: 637
H1_15	:	-----	: 637
H9_13	:	-----	: 637
MRCiPS7_9	:	-.....-----	: 636
MRCiPS20_3	:	-----	: 637
MRCiPS20_4	:	-----	: 640
MRCiPS20_1	:	-----	: 637
MSCiPS1_18	:	-----	: 637
MSCiPS3_10	:	-----	: 637
hFibiPS5_1	:	-----	: 637
hFibiPS5_4	:	-----	: 637
hFibiPS5_9	:	-----	: 637

hFibiPS5_1	:		-----	:	637
GH_6	:	T..	-----	:	636
GH_7	:		-----	:	636
GH_8	:		-----	:	636
GH_12	:		-----	:	636
NCCIT_9	:		-----	:	636
NCCIT_14	:		-----	:	636
NCCIT_15	:		-----	:	635
NCCIT_18	:		-----	:	636

	*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	*	
GCAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTAACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT																
HK_109	:														:	150
H1_2	:														:	150
H9_12	:														:	150
MRCiPS20_1	:														:	150
2102EP_8	:														:	150
2102EP_10	:	T.....													:	150
2102EP_12	:	G.....													:	150
2102EP_13	:	G.....													:	150
2102EP_14	:														:	150
2102EP_7	:	A.....													:	150

	160	*	180	*	200	*	220	*	240	*	260	*	280	*	300	
GTCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTTAGTATTTTATCGAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGTT																
HK_109	:														:	300
H1_2	:														:	300
H9_12	:														:	300
MRCiPS20_1	:														:	300
2102EP_8	:														:	300
2102EP_10	:	C.....													:	300
2102EP_12	:														:	300
2102EP_13	:														:	300
2102EP_14	:	C.....													:	300

2102EP_7 : : 300

* 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

ACTGGGAATTGCCATGCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTATCAATAATTCATGTAATTCACTACCCGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG

HK_109 : : 450

H1_2 : : 448

H9_12 : : 450

MRCiPS20_1 : : 450

2102EP_8 : : 450

2102EP_10 : : 450

2102EP_12 : : 450

2102EP_13 : : 450

2102EP_14 :C..... : 450

2102EP_7 : ...AA..... : 450

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGCATTCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGGAGGCCAGTATTGATAGGCTACTGGCGGTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGCTTTTGAGGTTGTAATGTTACAGGCACCTGACCTGCTGGA

HK_109 : : 600

H1_2 : : 598

H9_12 : : 600

MRCiPS20_1 : : 599

2102EP_8 :G..... : 600

2102EP_10 : : 600

2102EP_12 : : 600

2102EP_13 :A.C.....T.....C....GA..... : 600

2102EP_14 :C..... : 600
2102EP_7 : : 600

* 620 * 640 * 660 *

AGAGGACTTGTGCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_109 :----- : 637
H1_2 :----- : 635
H9_12 :----- : 637
MRCiPS20_1 :----- : 636
2102EP_8 :----- : 637
2102EP_10 :C.....----- : 637
2102EP_12 :----- : 637
2102EP_13 :----- : 637
2102EP_14 :----- : 637
2102EP_7 :----- : 637

* 20 * 40 * 60 * 80 * 100 * 120 * 140 *

GCAGCCCTATTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT

HK_106 :T..... : 150

MSCiPS1_9 : : 150

hFibiPS4_1 : : 150

hFibiPS5_5 : : 150

hFibiPS5_1 :A..... : 150

NCCIT_22 : : 150

160 * 180 * 200 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300

GTCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTAGCATTTTATCGAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGTT

HK_106 : : 300

MSCiPS1_9 : : 300

hFibiPS4_1 : : 300

hFibiPS5_5 : : 300

hFibiPS5_1 : : 300

NCCIT_22 : : 300

* 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

ACTGGGAATTGCCATGCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTATCAATAATTCATGTAATCACTACCCCGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGTGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG

HK_106 : : 450

MSCiPS1_9 : : 450

hFibiPS4_1 : : 450

hFibiPS5_5 : : 450

hFibiPS5_1 : : 450

NCCIT_22 : : 450

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGCATTCTCGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGG GCCCAGTATTGATAGGCTACTGGCGGTTGGGTCTTATTTCTTTAACCTGCTTTTGAGGTTGTAATGTTACGGGCACCTGACCTGCTGGA

HK_106 : : 600

MSCiPS1_9 : : 600

hFibiPS4_1 : : 600

hFibiPS5_5 :T..... : 600

hFibiPS5_1 :T..... : 600

NCCIT_22 : : 600

* 620 * 640 * 660 *

AGATGACTTGTGCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_106 :----- : 637

MSCiPS1_9 :----- : 637

hFibiPS4_1 :----- : 637

hFibiPS5_5 :----- : 637

hFibiPS5_1 :----- : 637

NCCIT_22 :----- : 637

		*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	*	
GCAGCCCTATTCTTCGGACCTGTTCTTGTAACCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGATGATCTTGCCAGAATCTCCAATCATAAGGAATGA GTCTATGTCC ATGAGCAATGGAATCTAATA																	
HK_37	:	-.....-.....														:	148
BG01_1	:	-.....-.....														:	148
BG01_11	:	-.....-.....														:	148
BG01_12	:	-.....-.....														:	148
BG01_13	:	-.....-.....														:	148
BG01_14	:	-.....-.....														:	148
H9_9	:	-.....-.....														:	148
H9_14	:	C.....-.....-.....														:	148
MRCiPS7_3	:	-.....-.....														:	148
MRCiPS7_8	:	-.....-.....														:	148
MRCiPS20_2	:	-.....-.....														:	148
MSCiPS1_2	:	-.....-.....														:	148
MSCiPS1_4	:	T.....-----.....-.....														:	143
MSCiPS1_14	:	C...AG.....-...CT...-...G														:	146
MSCiPS1_17	:	-.....T.....A.....-...CT...-...G														:	145
hFibiPS4_3	:	G.....-.....-.....														:	148
hFibiPS4_7	:	G.....-.....-.....														:	148
hFibiPS5_2	:	-.....-.....A.....														:	148
hFibiPS5_1	:	-.....-.....														:	148
		160	*	180	*	200	*	220	*	240	*	260	*	280	*	300	
ATGTACTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTTAGCATTTTATCAAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGAGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTTCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACG																	

HK_37	:		:	298
BG01_1	:		:	298
BG01_11	:	C.....	:	298
BG01_12	:		:	298
BG01_13	:		:	298
BG01_14	:		:	298
H9_9	:		:	298
H9_14	:		:	298
MRCiPS7_3	:		:	298
MRCiPS7_8	:		:	298
MRCiPS20_2	:		:	298
MSCiPS1_2	:		:	298
MSCiPS1_4	:		:	293
MSCiPS1_14	:	---.....	:	293
MSCiPS1_17	:	---.....G.....T.....A.....A.....	:	292
hFibiPS4_3	:		:	298
hFibiPS4_7	:		:	298
hFibiPS5_2	:		:	298
hFibiPS5_1	:		:	298

* 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

TTACTGGGAATTGCCACGCCTCAGTATCTCCTTCCTTCTCTCAATAATTTCATGTAATTCACCTACCTGTCTACTAGGCGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGGGGC

HK_37	:		:	448
BG01_1	:	G.....A.....	:	448
BG01_11	:		:	448

BG01_12	:		:	448
BG01_13	:		:	448
BG01_14	:		:	448
H9_9	:		:	448
H9_14	:	-	:	447
MRCiPS7_3	:	-	:	447
MRCiPS7_8	:	-	:	447
MRCiPS20_2	:	-	:	447
MSCiPS1_2	:	-	:	447
MSCiPS1_4	:		:	443
MSCiPS1_14	:		:	443
MSCiPS1_17	:	A.....A.....	:	442
hFibiPS4_3	:		:	448
hFibiPS4_7	:		:	448
hFibiPS5_2	:		:	448
hFibiPS5_1	:		:	448

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

ATTCCCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCTGATACTGAAGTTCAGCCAGCGGCCAGTATTGATAAGCTACTGGTGGTTGGCTCTTATTTTCTCTAACCTGCGTTTGAGGTTGTAATGTTACGGGCACCTGACCTGCTGGAAGA

HK_37	:		:	598
BG01_1	:		:	598
BG01_11	:	T.....	:	598
BG01_12	:		:	598
BG01_13	:		:	598
BG01_14	:		:	598

H9_9	:		:	598
H9_14	:		:	597
MRCiPS7_3	:		:	597
MRCiPS7_8	:		:	597
MRCiPS20_2	:	A.....A.....	:	597
MSCiPS1_2	:	C.....	:	597
MSCiPS1_4	:		:	593
MSCiPS1_14	:		:	593
MSCiPS1_17	:	C.....C.....A.....C.....	:	592
hFibiPS4_3	:	C.....G.A.....G.....C.....G.....T.....T.....	:	598
hFibiPS4_7	:	C.....G.A.....G.....C.....G.....T.....T.....	:	598
hFibiPS5_2	:		:	598
hFibiPS5_1	:		:	598

* 620 * 640 * 660 * 680

GGACTTGGCCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_37	:	-----	:	632
BG01_1	:	-----	:	632
BG01_11	:	-----	:	632
BG01_12	:	-----	:	632
BG01_13	:	-----	:	632
BG01_14	:	-----	:	632
H9_9	:	-----	:	632
H9_14	:	-----	:	631
MRCiPS7_3	:	-----	:	631

MRCiPS7_8	:	-----	:	631
MRCiPS20_2	:	T.....-----	:	630
MSCiPS1_2	:	-----	:	631
MSCiPS1_4	:	-----	:	626
MSCiPS1_14	:	-----	:	626
MSCiPS1_17	:	A.....-----	:	626
hFibiPS4_3	:	T.....-----	:	632
hFibiPS4_7	:	T.....-----	:	632
hFibiPS5_2	:	-----	:	632
hFibiPS5_1	:	-----	:	632

* 20 * 40 * 60 * 80 * 100 * 120 * 140 *

GCAGCCCTATTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT

ERVK-17 : : 150

H1_8 : : 150

H9_11 :A..... : 150

MSC_iPS_1 :C..... : 150

MSC_iPS_1 : : 150

hFib_iPS_5 : -.....T.T..... : 149

 160 * 180 * 200 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300

GTCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTAGCATTTTATCGAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGTT

ERVK-17 :T.....A..... : 300

H1_8 :T.....T..... : 300

H9_11 : : 300

MSC_iPS_1 :C..... : 300

MSC_iPS_1 : : 300

hFib_iPS_5 :T.....T... : 299

 * 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

ACTGGGAATTGCCA GCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTATCAATAATTCATGTAATCACTACCTGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGG GGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG

ERVK-17 :C..... : 450

H1_8 :T..... : 450

H9_11 :T..... : 450

MSC_iPS_1 : : 450

MSC_iPS_1 :C.....T..... : 450

hFib_iPS_5 :C.....A.....A..... : 449

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGCATTCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCaGcCGG GGCCAGTATTGATA GCTaCTGGCGGTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGC TTTGAGGTTGTAA TTTACGgGCACCTGACCTGCTGGA

ERVK-17 :G..T.....G.....G..... : 600

H1_8 :G.....C..... : 600

H9_11 :A..... : 600

MSC_iPS_1 :A..... : 600

MSC_iPS_1 : : 600

hFib_iPS_5 :T.....C....A..... : 599

* 620 * 640 * 660 *

AGA GACTTGT CCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

ERVK-17 :GC.....C.....----- : 637

H1_8 :----- : 637

H9_11 :C.....----- : 637

MSC_iPS_1 : ...T.....----- : 637

MSC_iPS_1 : ...T.....----- : 637

hFib_iPS_5 :-.....----- : 635

	*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	*	
	GCAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTA															
	CTCTATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTA															
	AAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTT															
	TGCCAGAATCTCCAATCATAAGGAATGAG															
	TCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT															
HK_I	:														:	150
MRCiPS7_11	:														:	150
MSCiPS3_2	:														:	150
hFbiPS5_18	:														:	150
	160	*	180	*	200	*	220	*	240	*	260	*	280	*	300	
	GTCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTTAGCATTTTATCGAAAAAGACTTGATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTGGGCTCCTTCTCCAGTTGGCATCGGTTCTAATGTT															
HK_I	:														:	300
MRCiPS7_11	:														:	300
MSCiPS3_2	:														:	300
hFbiPS5_18	:														:	300
	*	320	*	340	*	360	*	380	*	400	*	420	*	440	*	
	ACTGGGAATTGCCACGCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTATCAATAATTCATGTAATCACTACCTGTCTACTAGGTGGTGCCATAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCAGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG															
HK_I	:														:	450
MRCiPS7_11	:														:	450
MSCiPS3_2	:	.A.													:	450
hFbiPS5_18	:														:	450
	460	*	480	*	500	*	520	*	540	*	560	*	580	*	600	
	GGCATTCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGGCGGCCAGTATTGATAAGCTTCTGGCGGTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGC TTTGAGGTTGTAATGTTACAGGCACCTGACCTGCTGGA															
HK_I	:														:	600
MRCiPS7_11	:														:	600

MSCiPS3_2 :G..... : 600
hFbiPS5_18 :T.....C...GA..... : 600

* 620 * 640 * 660 *

AGAGGACTTGTGCCTCGTGGTTAGACTCTGATGGCC

HK_I :A.....----- : 637
MRCiPS7_11 :----- : 637
MSCiPS3_2 :----- : 637
hFbiPS5_18 :----- : 636

* 20 * 40 * 60 * 80 * 100 * 120 * 140 *

GCAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT

HK_115 : : 150

hFibiPS4_1 : : 150

hFibiPS4_9 : : 150

 160 * 180 * 200 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300

GTCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTTAGCATTTTATCGAAAAGACTTGATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGTT

HK_115 : : 300

hFibiPS4_1 : : 300

hFibiPS4_9 :T.. : 300

 * 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

ACTGGGAATTGCCATGCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTATCAATAATTCATGTAATCACTACCTGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCTCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG

HK_115 : : 450

hFibiPS4_1 : : 450

hFibiPS4_9 :C.....T.....A.....T.....T.....T.....T..... : 450

 460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGCATTCCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGAGGCCAGTATTGATAGGCTACTGGCGGTGGGTCTTATTTCTTTAACCTGCTTTTGAGGTTGTAATGTTACGGGCACCTGACCTGCTGGA

HK_115 : : 600

hFibiPS4_1 : : 600

hFibiPS4_9 :T....T....T.....A..... : 600

* 620 * 640 * 660 *

AGAGGACTTGTCCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_115 :G.....: 637

hFibiPS4_1 :: 637

hFibiPS4_9 :-: 636

*

20

*

40

*

60

*

80

*

100

*

120

*

140

*

GCAGCCCTATTTCTT GGACCTGTTCTTGTAACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTAAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT

HK_41 : : 150

H9_8 : : 150

160

*

180

*

200

*

220

*

240

*

260

*

280

*

300

GTCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTTACTCCTTCCTTCATATCTTTTAGCATTTTATTGAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACATT

HK_41 : : 300

H9_8 : : 300

*

320

*

340

*

360

*

380

*

400

*

420

*

440

*

ACTGGGAATTGCCATGCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTATCAATAATTCATGTAATTCACCTACCCTGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG

HK_41 : : 450

H9_8 : : 450

460

*

480

*

500

*

520

*

540

*

560

*

580

*

600

GGCATTCCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGGCGGCCAGTATTGATAAGCTACTGGTGGTTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGCGTTTGAGGTGTAAATGTTACGGGCACCTGACCTGCTGGA

HK_41 : : 600

H9_8 : : 600

*

620

*

640

*

660

*

AGAGGACTTGTGCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_41 :: 637

H9_8 :: 637

* 20 * 40 * 60 * 80 * 100 * 120 * 140 *

GCAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCATGAGCAATGGAATCTAATAAT

HK_108 : : 150

GH_1 : : 150

GH_10 :A..... : 150

NCCIT_5 : : 150

NCCIT_17 : : 150

2102EP_1 : : 150

2102EP_3 :G..... : 150

2102EP_5 : : 150

2102EP_9 : : 150

 160 * 180 * 200 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300

GTCCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTAGCTTTTTTATCGAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGTT

HK_108 : : 300

GH_1 : : 300

GH_10 :A.....G..... : 300

NCCIT_5 :A..... : 300

NCCIT_17 : : 300

2102EP_1 : : 300

2102EP_3 : : 300

2102EP_5 : : 300

2102EP_9 : : 300

 * 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

ACTGGGAATTGCCATGCCTCAGTATCTCCTTCCTTCTTGATTATCAATAATT CATGTAATTTACTACCCTGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGGG

HK_108 : : 450
GH_1 :A..... : 450
GH_10 :C..... : 450
NCCIT_5 :G.....C.....C..... : 450
NCCIT_17 :A..... : 450
2102EP_1 :A..... : 450
2102EP_3 :T..... : 450
2102EP_5 :A..... : 450
2102EP_9 :A..... : 450

460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGCATTCTCGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGGAGGCCAGTATTGATAGGCTACTGGCGGTTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGCTTTTGAGGTGTGAATGTTACAGGCACCTGACCTGCTGGA

HK_108 : : 600
GH_1 : : 600
GH_10 :G..... : 600
NCCIT_5 :C...G..... : 600
NCCIT_17 : : 600
2102EP_1 : : 600
2102EP_3 :A..... : 600
2102EP_5 : : 600
2102EP_9 : : 600

* 620 * 640 * 660 * 680 *

AGAGGACTTGTGCCTCGTGGTTTAGACTCTGATGGCC

HK_108	:		-----	:	637
GH_1	:		-----	:	637
GH_10	:	C.....	-----	:	637
NCCIT_5	:		-----	:	637
NCCIT_17	:		-----	:	637
2102EP_1	:		-----	:	637
2102EP_3	:		-----	:	637
2102EP_5	:		-----	:	637
2102EP_9	:		-----	:	637

	*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	*
--	---	----	---	----	---	----	---	----	---	-----	---	-----	---	-----	---

CAGCCCTATTTCTTCGGACCTGTTCTTGTACCCCATCAATCCACCAAGTCTTAAATTGTAAAAATTGAGAGGGTGAGAGAGACGATTTTGCCAGAATCTCCCAATCATAAGGAATGAGTCTATGTCCAT AGCAATGGAATCTAATAAT

HK_102	:		:	150
NCCIT_2	:	-.....A.....	:	149
NCCIT_3	:		:	150
NCCIT_4	:		:	150
NCCIT_6	:	-.....G.....	:	149
NCCIT_7	:	-.....	:	149
NCCIT_8	:	-.....A.....	:	149
NCCIT_10	:	-.....	:	149
NCCIT_11	:	-.....T..C.....	:	149
NCCIT_12	:	-.....A.....	:	149

	160	*	180	*	200	*	220	*	240	*	260	*	280	*	300
--	-----	---	-----	---	-----	---	-----	---	-----	---	-----	---	-----	---	-----

GTCCCTCATATAAGGGGAGTTGGGTCCATACTGTTTACTCCCTCTTTCATATCTTTAGCATTTTATCG AAAAAAGACTTGTATCTGGCCTCAACTGTGGGAGGCTCTCCCTCTTGGGCTCCTTCTCCAGGTGGCATCGGTTCTAACGT

HK_102	:	-	:	299
NCCIT_2	:	G.....-	:	298
NCCIT_3	:	-	:	299
NCCIT_4	:	-	:	299
NCCIT_6	:	-	:	298
NCCIT_7	:	-	:	298
NCCIT_8	:	C.....--	:	297
NCCIT_10	:	-	:	298
NCCIT_11	:	..A.....-.....A.....T.....	:	298
NCCIT_12	:	-	:	298

* 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 * 440 *

TACTGGGAATTGCCATGCCTCAGTATCTCCTTCCTTTCTTGATTTATCAATAATTCATGTAATTCACCTACCTGTCTACTAGGTGGTGCCGTAGGATTAAGTCTCCTAGTGGGCGGCTGAGGGTATGGCGCCCTGCCCTGTGGTGCTGG

HK_102 : : 449

NCCIT_2 :T..... : 448

NCCIT_3 :C.....C..... : 449

NCCIT_4 : : 449

NCCIT_6 :C..... : 448

NCCIT_7 : : 448

NCCIT_8 :C..... : 447

NCCIT_10 :C.....C..... : 448

NCCIT_11 :C.....A.....T..... : 448

NCCIT_12 :A.....T.....C..... : 448

 460 * 480 * 500 * 520 * 540 * 560 * 580 * 600

GGGCATTCTGGATATCCATACTGACTTTCTGGGGTGGCCGATACTGAAGTTCAGCCGG GGCAGTATTGATAGGCTACTGGCGGTGGGTCTTATTTTCTTTAACCTGCTTTTGAGGTTGTAATGTTACGGGCACCTGACCTGCTGG

HK_102 : : 599

NCCIT_2 :A..... : 598

NCCIT_3 : : 599

NCCIT_4 : : 599

NCCIT_6 :C..... : 598

NCCIT_7 :T..... : 598

NCCIT_8 : : 597

NCCIT_10 : : 598

NCCIT_11 :C.....C..... : 598

NCCIT_12 :C.....C.....-..... : 597

* 620 * 640 * 660 * 680

AAGA GACTTGTGCCTCGTGGTTAGACTCTGATGGCC

HK_102 : : 637
NCCIT_2 : ...G..... : 636
NCCIT_3 : : 644
NCCIT_4 : : 644
NCCIT_6 : : 636
NCCIT_7 : : 636
NCCIT_8 : : 635
NCCIT_10 : : 636
NCCIT_11 : ...G..... : 634
NCCIT_12 : ...G..... : 635