

chrM CM004277.1	ACTTCACCATCCTCCAAGCTTCAGAATACTTTGAAACATCATTCTCCATTTTCAGATGGTA ACTTCACCATCCTCCAAGCTTCAGAATACTTTGAAACATCATTCTCCATTTTCAGATGGTA *****	9180 9180
chrM CM004277.1	TCTATGGTTCTACATTCTTCATGGCTACTGGATTCCATGGACTCCATGTAATTATTGGAT TCTATGGTTCTACATTCTTCATGGCTACTGGATTCCATGGACTCCATGTAATTATTGGAT *****	9240 9240
chrM CM004277.1	CAACATTCTTATTGTTTGCCTACTACGACAACATAAAATTTCACTTCACATCAAAACATC CAACATTCTTATTGTTTGCCTACTACGACAACATAAAATTTCACTTCACATCAAAACATC *****	9300 9300
chrM CM004277.1	ACTTCGGATTTGAAGCCGAGCATGATACTGACATTTTGTAGACGTAGTCTGACTTTTCC ACTTCGGATTTGAAGCCGAGCATGATACTGACATTTTGTAGACGTAGTCTGACTTTTCC *****	9360 9360
chrM CM004277.1	TATACGTCTCCATTTATTGATGAGGATCTTACTCCCTTAGTATAATTAATACTGACT TATACGTCTCCATTTATTGATGAGGATCTTACTCCCTTAGTATAATTAATACTGACT *****	9420 9420
chrM CM004277.1	TCCAATTAGTAGATTCTGAATAAACCCAGAAGAGAGTAATTAACCTGTACACTGTTATCT TCCAATTAGTAGATTCTGAATAAACCCAGAAGAGAGTAATTAACCTGTACACTGTTATCT *****	9480 9480
chrM CM004277.1	TCATTAATATTTTATTATCCCTAACGCTAATTCTAGTTGCATTCTGACTCCCCCAATAA TCATTAATATTTTATTATCCCTAACGCTAATTCTAGTTGCATTCTGACTCCCCCAATAA *****	9540 9540
chrM CM004277.1	ATCTGTACTCAGAAAAAGCAAATCCATATGAATGCGGATTCGACCTACAAGCTCTGCAC ATCTGTACTCAGAAAAAGCAAATCCATATGAATGCGGATTCGACCTACAAGCTCTGCAC *****	9600 9600
chrM CM004277.1	GTCTACCATCTCAATAAAATTTTCTTGGTAGCAATTACATTTCTATTATTTGACCTAG GTCTACCATCTCAATAAAATTTTCTTGGTAGCAATTACATTTCTATTATTTGACCTAG *****	9660 9660
chrM CM004277.1	AAATTGCTCTTCTACTTCCACTACCATGAGCAATTCAACAATTAACCTCTACTATAA AAATTGCTCTTCTACTTCCACTACCATGAGCAATTCAACAATTAACCTCTACTATAA *****	9720 9720
chrM CM004277.1	TAATTATAGCCTTTATTCTAGTCACAATTCTATCTAGGCCTAGCATATGAATGAACAC TAATTATAGCCTTTATTCTAGTCACAATTCTATCTAGGCCTAGCATATGAATGAACAC *****	9780 9780
chrM CM004277.1	AAAAAGGATTAGAATGAACAGAGTAAATGGTAATTAGTTTAAAAAAATTAATGATTTT AAAAAGGATTAGAATGAACAGAGTAAATGGTAATTAGTTTAAAAAAATTAATGATTTT *****	9839 9840
chrM CM004277.1	GACTCATTAGATTATGATGATGTTTCATAATTACCAATATGCCATCTACCTTCTTCAACCT GACTCATTAGATTATGATGATGTTTCATAATTACCAATATGCCATCTACCTTCTTCAACCT *****	9899 9900
chrM CM004277.1	CACCATAGCCTTCTCACTATCACTTCTAGGGACACTTATTTTCGCTCTCACCTAATATC CACCATAGCCTTCTCACTATCACTTCTAGGGACACTTATTTTCGCTCTCACCTAATATC *****	9959 9960
chrM CM004277.1	CACATTACTATGCCTGGAAGGCATAGTATTATCCTTATTTATTATAACTTCAGTAACCTC CACATTACTATGCCTGGAAGGCATAGTATTATCCTTATTTATTATAACTTCAGTAACCTC *****	10019 10020
chrM CM004277.1	CCTAAACTCCAACCTCCATAAGCTCCATACCAATCCCCATCACCATCTTAGTTTTCGCAGC CCTAAACTCCAACCTCCATAAGCTCCATACCAATCCCCATCACCATCTTAGTTTTCGCAGC *****	10079 10080

Figure S24. Sequence comparison between UCSC GRCh38 (C57BL/6J) and C57BL/6NJ from the Mouse Genomes Project in the region highlighting two differences.