**Mmu SDHD**

>ENSMUSG00000000171:ENSMUST00000000175.5 utr3:protein\_coding

CCTGGGTGCAGCACTTTGATTGTGTGCCTCCTTGCCTCTGCTTTACCAATGCCGTTCACC

TCGCAGTGAGGGGGGATGAAGGATAAGCCCATTGGTGGGCAGAATGTCTTCTAATTACAT

GGTTATTTTCAGAATTTATTTGTTGAGGAAGAGGTTTGAGGAGTTAGGTTCGACCATTCG

TGAGTCTGTGTTCCATACTCCACTGAGTGTGGGCACTAGCTCACAGCCTCGCGGTGAGAC

TGAACATTTCATGAGCTCATGTTGCCTTTGACCACCATTTCTTAAGGAGAGCCAGCTGAT

TGCTGTCAGGATAAGAGCATCTCTTCAGCCAGGAGGGAGGCCTGTTCCCTCCTGAGTTAG

ACTTTGCATGAAGCTCGAAAGTATTCCCTTTGGAACCTCCCATTCTTGTTCAGGTGACAC

CAGCTCTGTTGATGGCTCTGCTTCTAGGGAACATTTAATCAGGAGATGCTCTCAATGACT

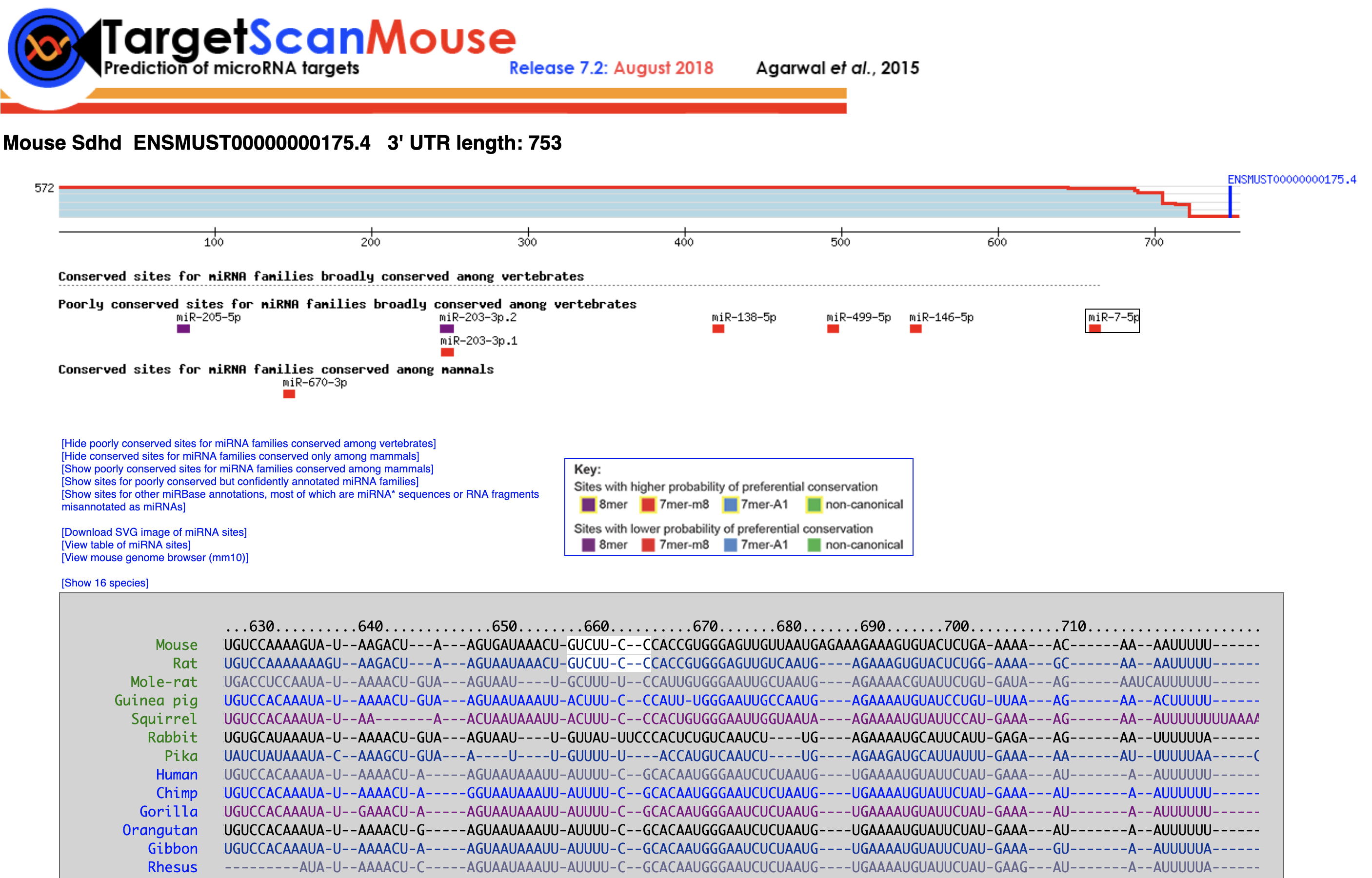
AATTTGTCTAAGTCTTAGGAAGGAGGTTGAGGAAAGCTGGATTTAGACAAGTTCAATTTA

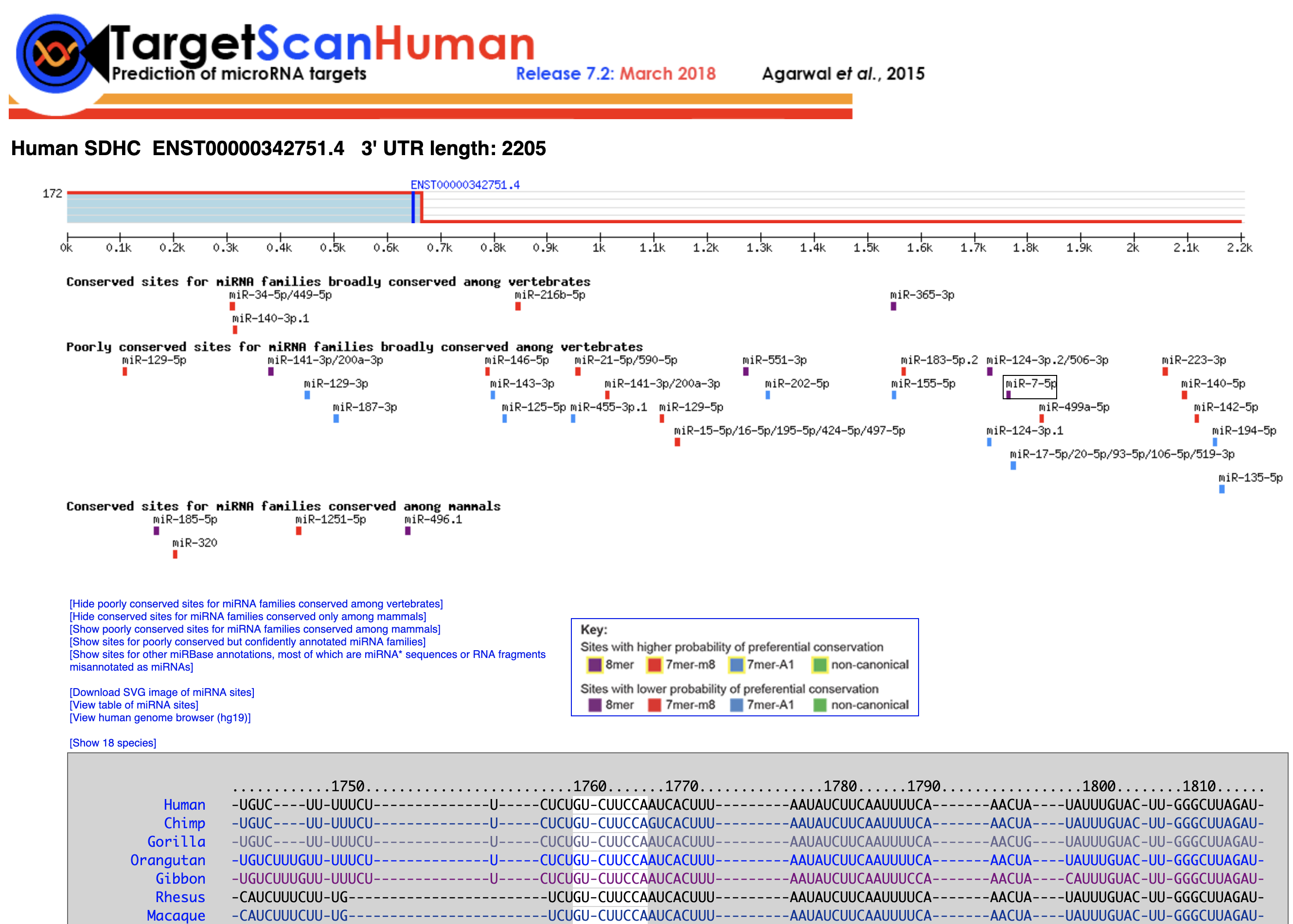
GGGAGTTCTCCTTGTTTGTGGATTAAAATATGACAGATTGCAAACAGACTACTCTTCAAA

TGTATCTCAATTGTGCAGAAGTGAGCTGTCCAAAAGTATAAGACTAAGTGATAAACTGTC

TTCCCACCGTGGGAGTTGTTAATGAGAAAGAAAGTGTACTCTGAAAAAACAAAATTTTTA

AATAAAAT





>utr|3HSAR044170

ATCCTTTTGTATTTTCAGATCTCCTTGGAGCAGTAGAGTACCTGGTAGACCATAATAGTGGAAAAGGGTCTAGTTTTCCCCTTGTTTCTAAAGATGAGGTGGCTGCAAAAACTCCCCTTTTTTGCCCACAGCTTGCCTACTCTCGGCCTAGAAGCAGTTATTCTCTCTCCATATTGGGCTTTGATTTGTGCTGAGGGTCAGCTTTTGGCTCCTTCTTCCTGAGACAGTGGAAACAATGCCAGCTCTGTGGCTTCTGCCCTGGGGATGGGCCGGGTTGGGGGGTGGGTTGGTGAGGCTTTGGGTGCCACTGCCTGTGGGTTGCTGGCTTAAAGGACAATTCTCTTCATTGGTGAGAGCCCAGGCCATTAACACCTACACAGTGTTATTGAAAGAAGAGAGGTGGGGGTGGAGGGGAATTAGTCTGTCCCAGCTAGAGGGAGATAAAGAGGGCTAGTTAGTTCTTGGAGCAGCTGCTTTTGAGGAGAAAATATATAGCTTTGGACACGAGGAAGATCTAGAAAATTATCATTGAACATATTAATGGTTATTTCTTTTTCTTGGATTTCCAGAAAAGCCTCTTAATTTTATGCTTTCTCATCGAAGTAATGTACCCTTTTTTTCTGAAACTGAATTAAATACTCATTTTATCTTTGACTCTCCTTGAAATCTAGAGAAACCAAGAAAATGGCTGTTGGGAAGGAACCAATTTCCTCCTCTTCCCTCGGGTCTCAGGCATTTACATCCTCCCTCTCCCCGCAATCTGACCTTTACCAGGAGGGAAACAGTTCTCCTACATCTCATCATTGGAAAAGTTTTCAGGGAATCAGATAGAACTTAGCCAGAGATTTAAATATCACAGAAAAGCCTCAGAGAAGGAAGGAGAAAAAGAAAAGAAGTGACGCATGTAGAGTGCTTTTGGGTTATAGGCACCAAAATCCCATTAAGGACTGATTATAAGCTTCATGGTACAGTTCAGCAAATTATGATTCATTGAGGGGCACAGAGGACCAGTGTTGGTGACAGCTAGGGGATGATGACCTGAGGTTATAGGCTTGGGGTGAATGAAGCATAGAGTTTTTTTTTAAAAAAGAAGGGATTGTTGAAAACCTGGCAAAAATGTATAATTTAATGAGAAAACTTGCTGCTTTTAAAATCCATATAGGCCAGGCTTTAGCAGGCATGCTGTTTTGATAGTTTTTGGGAACTCTGGAATAAGAGACTTATCTCATCTGTCACTTCGAGTTGTTGGCCAGCCAGTTAAAGCTGTGGGTCGAAGAGGGGAAATGTTAACTGGCTGGTGTCAATTGGATAGGAAGACCTTAGTTAAGGTGGGGACCCGCTGTTTTAACAGTCTTCATTCAGGGTCCCAAATAGTATTTGGCTTTAAGTAATGATTGGTTTTCCCTTTTTACTAGAGGGGCCCTGGGAAGTCCTTGTACCTTTCCTCCATTTTAAACCAGCTGTTCTCTACTTTGTCCTTGGAATGAGGGACAAGTGATCATGACAGAACACTTTGTCATTGGGACTGGGAAAGGTTTGGCAAGGGCATTAAATTTAACAGCCAGTGCCAGGAAAATATAAAATGGGGTCAATGATAAACAGCTGTTAGAGGCTGGAAAATGGGTAGGGCAGTTGAATTTTTTGGTGGTTTCGTACCATTTGGGTGATTGAAGCATGGTAGTGGGTGGGTGGGGGGTGTGACAGAGCATCATGTTTGTTATTCTGCCTTAAATTTCTACTTACTGTCTTTTTCTTCTCTGTCTTCCAATCACTTTAATATCTTCAATTTTCAAACTATATTTGTACTTGGGCTTAGATAGAAAGTCTTACACAAGCATAGTATCTTCTACTTTGGTTTTCCCTACCTTTTCTTCCCCACCTTCTCCAAACACACATATACATACTCTACTCAATTCTATTTCTGATTTTGTAGTTGTTAGTTGTCCATGCTCAGGATAAAAAATGAGTGGGTAGGGTTGAGGGACTGGTTCTTTGAGGTTCTGCCCTTTTTCCATGATTCAGACCAACTTTCTCTTGGTCATTTCTGGAGTATAACTGACTCAATTCTTGTAAAAATGTGTTCCACCCAAACCACTGTATGTTCTTTTCCCTACTTTATTTTCTCCTACCTTCCTTCTCCTAATTGTGTTACAAGAGGCAGCCATAGCAAGAATGGAAAATCCAGATCAGTAAAAGATTCAACAAAAAAAA

>utr|3HSAR046088

AGAAAGGAGGCTCCCAGCATCATCTTCCTACACATTATTACATTCACCCATCTTTCTGTTTGTCATTCTTATCTCCAGCCTGGGAAAAGTTCTCCTTATTTGTTTAGATCCTTTTGTATTTTCAGATCTCCTTGGAGCAGTAGAGTACCTGGTAGACCATAATAGTGGAAAAGGGTCTAGTTTTCCCCTTGTTTCTAAAGATGAGGTGGCTGCAAAAACTCCCCTTTTTTGCCCACAGCTTGCCTACTCTCGGCCTAGAAGCAGTTATTCTCTCTCCATATTGGGCTTTGATTTGTGCTGAGGGTCAGCTTTTGGCTCCTTCTTCCTGAGACAGTGGAAACAATGCCAGCTCTGTGGCTTCTGCCCTGGGGATGGGCCGGGTTGGGGGGTGGGTTGGTGAGGCTTTGGGTGCCACTGCCTGTGGGTTGCTGGCTTAAAGGACAATTCTCTTCATTGGTGAGAGCCCAGGCCATTAACACCTACACAGTGTTATTGAAAGAAGAGAGGTGGGGGTGGAGGGGAATTAGTCTGTCCCAGCTAGAGGGAGATAAAGAGGGCTAGTTAGTTCTTGGAGCAGCTGCTTTTGAGGAGAAAATATATAGCTTTGGACACGAGGAAGATCTAGAAAATTATCATTGAACATATTAATGGTTATTTCTTTTTCTTGGATTTCCAGAAAAGCCTCTTAATTTTATGCTTTCTCATCGAAGTAATGTACCCTTTTTTTCTGAAACTGAATTAAATACTCATTTTATCTTTGACTCTCCTTGAAATCTAGAGAAACCAAGAAAATGGCTGTTGGGAAGGAACCAATTTCCTCCTCTTCCCTCGGGTCTCAGGCATTTACATCCTCCCTCTCCCCGCAATCTGACCTTTACCAGGAGGGAAACAGTTCTCCTACATCTCATCATTGGAAAAGTTTTCAGGGAATCAGATAGAACTTAGCCAGAGATTTAAATATCACAGAAAAGCCTCAGAGAAGGAAGGAGAAAAAGAAAAGAAGTGACGCATGTAGAGTGCTTTTGGGTTATAGGCACCAAAATCCCATTAAGGACTGATTATAAGCTTCATGGTACAGTTCAGCAAATTATGATTCATTGAGGGGCACAGAGGACCAGTGTTGGTGACAGCTAGGGGATGATGACCTGAGGTTATAGGCTTGGGGTGAATGAAGCATAGAGTTTTTTTTTAAAAAAGAAGGGATTGTTGAAAACCTGGCAAAAATGTATAATTTAATGAGAAAACTTGCTGCTTTTAAAATCCATATAGGCCAGGCTTTAGCAGGCATGCTGTTTTGATAGTTTTTGGGAACTCTGGAATAAGAGACTTATCTCATCTGTCACTTCGAGTTGTTGGCCAGCCAGTTAAAGCTGTGGGTCGAAGAGGGGAAATGTTAACTGGCTGGTGTCAATTGGATAGGAAGACCTTAGTTAAGGTGGGGACCCGCTGTTTTAACAGTCTTCATTCAGGGTCCCAAATAGTATTTGGCTTTAAGTAATGATTGGTTTTCCCTTTTTACTAGAGGGGCCCTGGGAAGTCCTTGTACCTTTCCTCCATTTTAAACCAGCTGTTCTCTACTTTGTCCTTGGAATGAGGGACAAGTGATCATGACAGAACACTTTGTCATTGGGACTGGGAAAGGTTTGGCAAGGGCATTAAATTTAACAGCCAGTGCCAGGAAAATATAAAATGGGGTCAATGATAAACAGCTGTTAGAGGCTGGAAAATGGGTAGGGCAGTTGAATTTTTTGGTGGTTTCGTACCATTTGGGTGATTGAAGCATGGTAGTGGGTGGGTGGGGGGTGTGACAGAGCATCATGTTTGTTATTCTGCCTTAAATTTCTACTTACTGTCTTTTTCTTCTCTGTCTTCCAATCACTTTAATATCTTCAATTTTCAAACTATATTTGTACTTGGGCTTAGATAGAAAGTCTTACACAAGCATAGTATCTTCTACTTTGGTTTTCCCTACCTTTTCTTCCCCACCTTCTCCAAACACACATATACATACTCTACTCAATTCTATTTCTGATTTTGTAGTTGTTAGTTGTCCATGCTCAGGATAAAAAATGAGTGGGTAGGGTTGAGGGACTGGTTCTTTGAGGTTCTGCCCTTTTTCCATGATTCAGACCAACTTTCTCTTGGTCATTTCTGGAGTATAACTGACTCAATTCTTGTAAAAATGTGTTCCACCCAAACCACTGTATGTTCTTTTCCCTACTTTATTTTCTCCTACCTTCCTTCTCCTAATTGTGTTACAAGAGGCAGCCATAGCAAGAATGGAAAATCCAGATCAGTAAAAGATTCAACAAAAAAAA