Elementos SIDER2s en el Cromosoma 19 de *L. infantum*

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Nombre | Región | Tamaño | Subfamilia | Notas |
| 19A-44544r | 43953-44544 | 592 | 19A |  |
| 19A-55392r | 54813-55392 | 580 | 19A |  |
| 19A-60443r | 59859-60443 | 585 | 19A |  |
| 19A-81125d | 81125-81697 | 573 | 19A |  |
| 19A-119960d | 119960-120511 | 552 | 19A |  |
| 19A-142291d | 142291-142842 | 552 | 19A |  |
| 19B-187750d | 187750-188282 | 533 | 19B |  |
| 19B-209072d | 209072-209902 | 831 | 19B |  |
| 19B-213141d | 213141-213676 | 536 | 19B |  |
| 19B-224930d | 224930-225760 | 831 | 19B |  |
| 19C-300744d | 300744-301236 | 493 | 19C |  |
| 19C-317690d | 317690-318295 | 606 | 19C |  |
| 19C-364460r | 363972-364460 | 489 | 19C |  |
| 19D-35-514612d | 514612-514957 | 346 | 19D-35 | Hay 2 miembros de subfamilia en Chr35 |
| 19D-35-517121d | 517121-517448 | 328 | 19D-35 |  |
| 19D-35-562719d | 562719-563068 | 350 | 19D-35 |  |
| 19D-35-569051d | 569051-569371 | 321 | 19D-35 |  |
| 19E-586168d | 586168-586627 | 460 | 19E |  |
| 19E-595924d | 595924-596383 | 460 | 19E |  |
| 19F-602379d | 602379-602959 | 581 | 19F |  |
| 19F-610316r | 609732-610316 | 585 | 19F |  |
| 19F-623649d | 623649-624231 | 583 | 19F |  |
| 19F-634039d | 634039-634598 | 560 | 19F |  |
| 19F-639584d | 639584-640169 | 586 | 19F |  |
| 19C-719123r | 718521-719123 | 603 | 19C |  |

>19A-44544r

CCCTGATGGCGGTGGTAGGGAACGCCTCAGTGCGTGGTATCCGCGGTCCAGTACCCCCACTCTGTGGGAATGCCGAGCAGCCGCCCGCCCCTGTCCCCCGCCCCTGTCCCCCGCCAGTGCCGAGGCACTTCTGCTGCTGATAGGGCCAGGCACCTACGGCGTGTGGGAGGTCAGAGCGACTTATCGCTACTGATGTCGGCGGCCGGGTGCTGGATGGCGCTGCGCCGGAGCGACCTGTGATTGTGAGCATATTTGTGCCATCCATATGATGGCTAGAGTGTGAGCGTGACTCGAGCGTATTTCGCCCGGCCCTCACTGCCCTGCTGGTGGGGTGGGGCGCTTGTGTGCCACCCGGAGGGTGATGCGCCGGGTGGCGAGCAGCACAATGGGAAGCGACTGTGAGGCAGCCTGCTTGGTGGGCGGGTGGGCAGAGTTTGAGGCAGAGACGGCGCTCCGATGACTGTGTCGGCGCATTGCTGTAATGCGCTTCTAGCGCTGCTTCGCACCGCGCGGAATGGGGGCCTGTGGCAGGCTGTGAGGGGTAGGGTGGAGTGGAGCTCGTGCTGTATGGCGGAGGACGCGCCGGGAAAAG

>19A-55392r

CCCCGATAGCGGTGTTAGGGAACGCCTCAGTGCGTGGTATCCGCGGTCCAGTACCCCCACTCTGTGGGAATGCCGAGCAGCCGCCCGCCCCTGTCCCCCGCCAGTGCCGAGGCACTTCTGCTGCTGATAGGGCCAGGCACCTACGGCGTGTGGGAGGTCAGAGCGACTTATCGCTACTGATGTCGGCGGCCGGGGTGCTGGATGGCGCTGCGCCGGAGCGACCTGTGATTGTGAGCATATTTGTGCCATCCATATGATGGCTAGAGTGTGAGCGTGACTCGAGCGTATTTCGCCCGGCCCTCACTGCCCTGCTGGTGGGGTGGGGCGCTTGTGTGCCACCCGGAGGGTGATGCGCCGGGTGGCGAGCAGCACAATGGGAAGCGACTGTGAGGCAGCCTACTTGGTGGGCGGGTGGGCAGAGTTTGAGGCAGAGACGGCGCTCCGATGACTGTGTCGGCGCATTGCTGTAATGCGCTTCTAGCGCTGCTTCGCACCGCGCGGAATGGGGGCCTGTGGCAGGCTGTGAGGGGTAGGGTGGAGTGGAGCTCGTGCTGTATGGCGGAGGATGCGCCGGGAAAAG

>19A-60443r

CCCCGATAAGGGGGAACGCCTCAGTGCGTGGTATCCGCGGTCCAGTACCCCCACTCTGTGGGAATGCCGAGCAGCCGCCCGCCCCTGTCCCCCGCCCCTGTCCCCCGCCAGTGCCGAGGCACTTCTGCTGCTGATAGGGCCAGGCACCTACGGCGTGTGGGAGGTCAGAGCGACTTATCGCTACTGATGTCGGCGGCCGGGGTGCTGGATGGCGCTGCGCCGGAGCGACCTGTGATTGTGAGCATATTTGTGCCATCCATATGATGGCTAGAGTGTGAGCGTGACTCGAGCGTATTTCGCCCGGCCCTCACTGCCCTGCTAGCGAGGGCGCTTGTGTGCCACCCGGAGGGTGATGCGCCGGGTGGCGAGCAGCACAATGGGAAGCGACTGTGAGGCAGCCTGCTTGGTGGGCGGGTGGGCAGAGTTTGAGGCAGAGACGGCGCTCCGATGACTGTGTCGGCGCATTGCTGTAATGCGCTTCTAGCGCTGCTTCGCACCGCGCGGAATGGGGGCCTGTGGCAGGCTGTGAGGGGTAGGGTGGAGTGGAGCTCGTGCTGTATGGCGGAGGATGGGCGCGCCGAAAAG

>19A-81125d

CCCTGATGACGAGGAACGCCTCAGTGCGTGGTATCCGCGGTCCAGTACCCCCACTCTGTGGGAATGCCGAGCAGCCGCCCGCCCCTGTCCCCCGCCAGTGCCGAGGCACTTCTGCTGCTGATAGGGCCAGGCACCTACGGCGTGTGGGAGGTCAGAGCGACTTATCGCTACTGATGTCGGCGGCCGGGTGCTGGATGGCGCTGCGCCGGAGCGACCTGTGATTGTGAGCATATTTGTGCCATCCATATGATGGCTAGAGTGTGAGCGTGACTCGAGCGTATTTCGCCCGGCCCTCACTGCCCTGCTAGCGAGGGCGCTTGTGTGCCACCCGGAGGGTGATGCGCCGGGTGGCGAGCAGCACAATGGGAAGCGACTGTGAGGCAGCCTGCTTGGTGGGCGGGTGGGCAGAGTTTGAGGCAGAGACGGCGCTCCGATGACTGTGTCGGCGCATTGCTGTAACGCGCTTCTAGCGCTGCTTCGCACCGCGCGGAATGGGGGCCTGTGACAGGCTGTGAGGGGTAGGGTGGAGTGGAGCTCGTGCTGTATGGCGGAGGATGGGCGCGCCGGGAAAAG

>19A-119960d

ACCCTTCAACGCGTGGCATCTCAGGGTCTGGCACACCCGCCCTCTGTGGGGCAGCTGAGTAGCCCCCCGCCCCTGTCCCCCGCCAGTGCCGAAGCACTTCTGGTGCTGGTAGGGCCAAGAGCCTACGGCGTGTGGGAGGTCAGAGCGACTTATCGCTACTGATGTCGGCATCCAGGTCGTATATAACGCTGCGCCGGAGCGATCTGCGACTGTGAACACGACTGTGCCATCCATATGGTAGGCGACGTGTGAGCGTGACTCGAGCGTATCTCGCCCAGCCCTCACTGCCCTGCTGGTGGGGTGGGGCGCCTGTGTGCCACCCGGAGGGTGATGCGCCGGGTGGCGAGCAGCACAATGGGAAGCGACTGTGAGGCAGCCTGCTTGGTGGGCGGGTGGGCAGAGTTTGAGGCAGAGACGGCGCTCCGATGACTGTGTCGGCGCATTGCTGTAACGCGCTTCTAGCGCTGCTTCGCACCGCGCGGAATGGGGGCCTGTGGCAGGCCGGGCGATGGAGTGGTGTGACGTTCCGCTCGTGCTGTATGGCGGAGACCG

>19A-142291d

ACCCCTCAACGCGTGGCATCTCAGGGTCTGGCACACCCGCCCTCTGTGGGGCAGCTGAGTAGCCCCCCGCCCGTGTCCCCCGCCAGTGCCGAAGCACTTCTGCTGCTGGTAGGGCCAGGCACCTACGGCGTGTGGGAGGTCAGAGCGATGCAGCGCCACTGATGTCGGCATCCAGGTCGTATATAACGCTGCGCCGGAGCGATCTGCGACTGTGAACACGACTGTGCCATCCATATGGTAGGCGACGTGTGAGCGTGACTCGAGCGTATCTCGCCCGGCCCTCACTGCCCTGCTGGTGGGGTGGGGCGCCTGTGTGCCACCCGGAGGGTGATGCGCCGGGTGGCGAGCAGCACAATGGGAAGCGACTGTGAGGCAGCCTGCTTGGTGGGCGGGTGGGCAGAGTTTGAGGCAGAGACGGCGCTCCGATGACTGTGTCGGCGCATTGCTGTAACGCGCTTCTAGCGCTGCTTCGCACCGCGCGGAATGGGGGCCTGTGGCAGGCCGGGCGATGGAGTGGTGTGACGTTCCGCTCGTGCTGTATGGCGGCTAATG

>19B-187750d

CGGATGGCGGGGGAGGGGACACCTCAGCCGGGTAGCAGGATCTACCACCTACTGTTTTGGAAAGCCGATAAGCCCCTCTCCCACCTTATCCCTCCCAGCGCCGAGCCACACCTGGCGGTGGCGGGACCAAGCACCGAAGGCTTTGTGGATTCAGTGCGGTGCGTCGCTACTGCCGTCGGCGGCGAGGTCGCGGACGGCGTTGCGTCGGAGCGGACTGCGACCGTGCACGCGCTTGTGCCATGGACATGCTAGTCAGCGTGTGAAGGTGGCTCGGACGTATGGCGCCCGCGGCCCTGACTGGGTAGTTGTGGGGAGCCTGCGCCACCCGGAGGGATGCACGAGGCGGTGACCCGCCTAATGGGAGGCGGCTGTGGGGCGGCCTGCGGAGCCGGTGGGGGTGGGGGGCCGGGTGTGTGTCTGTGAGGTTGGAGGCAGGGCTGTGCTGAGATGGCCGAGTCGGTGCATTGCCATGGCACGTGTTTCCATGGCTGCTTTCGCATCACGCGGAATGGGGGGGGCCTGTGACAGACCGG

>19B-209072d

GGCATGTCTTTGTATGCCTGTGTCTGCATGTGTGTGTATTGTGTGCCATCCCGTGCGCGTGTGTATGGGTGTGCCGGATAGTGGCTGAGCCTCTCTCTCGTCCTTCTTTCCGAATGCCCTTCATGCTATCATGGGCCCCTCTCTGTGTTTTCGATCCCCGACTAGCCTCTCTCTCCCCTCTCCACGTCTTCTGTTGTCGCTGCATGCGCATGTGTGCGCGTGTTGGCCGCCACTGGCGTGGTGCTGCACGATTCGGTGCGAGTGCCGTTCCTGCCAACACGCACGCACATGCACGCATCCTTTTATACACGCGCCCCTTTTTGTACTGGCCTGTTCATGCCTGCCTTCACCCCTCCCTCCCTCCTCATGCTTGTTTGCCCGGACGGCATCTGGAAACGCCTCAGTGGGCGGTGCCCAGGGTCCGCGGCCCACTCTGTGTGGGGAAGCCGGACAGCCCCTCTCCCCTCTTATCCCTCCCAGCGCCGAGCCACACCTGGCGGTGGCGGGACCAAGCACCGAAGGCTTTGTGGATTCAGTGCGGTGCGTCGCTACTGCCGTCGGCGGCGAGGTCGCGGACGGCGTTGCGTCGGAGCGGACTGCGACCGTGCACGCGCTTGTGCCATGGACATGCTAGTCAGCGTGTGAAGGTGGCTCGGACGTATGGCGCCCGCGGCCCTGACTGGGTAGTTGTGGGGAGCCTGCGCCACCCGGAGGGATGCACGAGGCGGTGACCCGCCTAATGGGAGGCGGCTGTGGGGCGGCCTGCGGAGCCGGTGGGGGTGGGGGGCCGGGTGTGTGTATGGGGGATTAGGTTGGTGTTGTATGGCAGTA

>19B-213141d

CGGATGACGGGGGAGGGGACACCTCAGCCGCGCAGCAGGATCTACCACCTACTGTTTTGGAAAGCCGATAAGCCCCTCTCCCCTCTTATCCCTCCCAGCGCCGAGCCACACCTGGCGGTGGCGGGACCAAGCACCGAAGGCTTTGTGGATTCAGTGCGGTGCGTCGCTACTGCCGTCGGCGGCGAGGTCGCGGACGGCGTTGCGTCGGAGCGGACTGCGACCGTGCACGCGCTTGTGCCATGGACATGCTAGTCAGCGTGTGAAGGTGGCTCGGACGTATGGCGCCCGCGGCCCTGACTGGGTAGTTGTGGGGAGCCTGCGCCACCCGGAGGGATGCACGAGGCGGTGACCCGCCTAATGGGAGGCGGCTGTGGGGCGGCCTGCGGAGCCGGTGGGGGTGGGGGGCCGGGTGTGTGTCTGTGAGGTTGGAGGCAGGGCTGTGCTGAGATGGCCGAGTCGGTGCATTGCCATGGCACGTGTTTCCATGGCTGCTTTCGCATCACGCGGAATGGGGGGGGGGGCCTGTGACAGACCGG

>19B-224930d

GGCATGTCTTTGTATGCATGTGCCTGCATGTGTGTGTATTGTGTGCCATCCCGTGCGCGTGTGTATGGGTGTGCCGGATAGTGGCTGAGCCTCTCTCTCGTCCTTCTTTCCGAATGCCCTTCATGCTATCATGGGCCCCTCTCTGTGTTTTCGATCCCCGACTAGCCTCTCTCTCCCCTCTCCACGTCTTCTGTTGTCGCTGCATGCGCATGTGTGCGCGTGTTGGCCGCCACTGGCGTGGTGCTGCACGATTCGGTGCGAGTGCCGTTCCTGCCAACACGCACGCACATGCACGCATCCTTTTATACACGCGCCCCTTTTTGTACTGGCCTGTTCATGCCTGCCTTCACCCCTCCCTCCCTCCTCATGCTTGTTTGCCCGGACGGCATCTGGAAACGCCTCAGTGGGCGGTGCCCAGGGTCCGCGGCCCACTCTGTGTGGGGAAGCCAGACAGCCCCTCTCCCCCCTTATCCCTCCCAGCGCCGAGCCACACCTGGCGGTGGCGGGACCAAGCACCGAAGGCTTTGTGGATTCAGTGCGGTGCGTCGCTACTGCCGTCGGCGGCGAGGTCGCGGACGGCGTTGCGTCGGAGCGGACTGCGACCGTGCACGCGCTTGTGCCATGGACATGCTAGTCAGCGTGTGAAGGTGGCTCGGACGTATGGCGCCCGCGGCCCTGACTGGGTAGTTGTGGGGAGCCTGCGCCACCCGGAGGGATGCACGAGGCGGTGACCCGCCTAATGGGAGGCGGCTGTGGGGCGGCCTGCGGAGCCGGTGGGGGTGCGGGGCCGGGTGTGTGTATGGGGGATTAGGTTGGTGTTGTATGGCAGTA

>19C-300744d

CATAGGGAGCGCACCTCAGTGCGTGGGGAGGAGGGGGTATCCACGGCCCAGTACCCACACACACACACTCTCTCACACCTGCTTCCTCCTCATCCCTGCCAATGCCGAGGAACTTCTGGTGATGGTAGCGTCAAGTGCCTACGACGCAGCGGGGTCAGCGCGACTCCTCGCTGCCGACGTCGGCGGCCGTGGTGTGCATGGGGCTGCCTTGGTGCGACCTGCGACAGCGAGCACGTTTGCGCCATCCACATGCCCGGCAACGTGCCAGCGCAACTCGAACGTATCCCACCCGCCCACCCGACTCTCACTGCCCACCGGTGTGCAGCCTGCGAGGCGGGGGCGGGCGGAGTTGGAGACAGCGGCCGCGCTCAGGTCACTGAGTCGGTGCATTGCCGTGACGCGTGTGTCTAGCGCTGCTTGGCAGCGTGCGATAGGGCCCGTGACAGGCCTACAGTAGAGCTGGCCTCGTCTTGTGCGGCGGAGAATGGGGAAC

>19C-317690d

CTCAGTGCGTGGGGAGGAGGGGGTATCCACGGCCCAGTACCCACACACACACACTCTCTCACACCTGCTTCCTCCTCATCCCTGCCGGTGCCGAGGAACTTCTGGTGATGGTAGCGTCAAGTGCCTACGACGCAGCGGGGTCAGCGCGACTCCTCGCTGCCGACGTCGGCGGCCGTGGTGTGCATGGGACTGCCTTGGTGCGACCTGCGACAGCGAGCACGTTTGCGCCATCCACATGCCCGGCAACGTGCCAGCGCAACTCGAACGTATCCCACCCGCCCACCCGACTCTCACTGCCCACCGGTGTGCAGCCTGCGAGGCGGGGGCGGGCGGAGTTGGAGACAGCGGCCGCGCTCAGGTCACTGAGTCGGTGCATTGCCGTGACGCGTGTGTCTAGCGCTGCTTGGCAGCGTGCGATAGGGCCCGTGACAGGCCTACAGTAGAGCTGGCCTCGTCTTGTGCGGCGGAGAACGGTGAGCCTTGAAATAAAGCATCGTTTTATTGTGGATTCTTAATCCACTCGGTCGCGACCCCCTCCCCTGCGTATGGCCTGCGTGCGACGTTGTCCGGAGACAACCGACTTATGTACGGCGCTATCCTACCCCC

>19C-364460r

CATAGGGAGCGCACCTCAGTGCGTGGGGAGGAGGGGGTATCCAGGGCCCAGTGCCCACATACACACACTCACACCTGCTTCCTCCCCATCCCTGCCGGTGCCAAGGCACTTCTGGTGATGGTAGCGTCAAGTGCCTACGACGCAGCGGGGTCAGCGCGACTCCTCGCTGCCGACGTCGGCGGCCGTGGTGTGCATGGGGCTGCCTTGGTGCGACCTGCGACAGCGAGCACGTTTGCGCCATCCACATGCCCGGCAACGTGCCAGCGCAACTCGAACGTATCCCACCCGCCCACCCCACTCTCACTGCCCACCGGTGTGCAGCCTGCGAGGCGGGGGCGGGCGGAGTTGGAGACAGAGGCCGCGCTCAGGTCACTGAGTCGGTGCATTGCCGTGACGCGTGTGTCTAGCGCTGCTTGGCAGCGTGCGATAGGGCCCGTGACAGGCCTACAGTAGAGCTGGCCTCGTCTTGTGCGGCGGAGAATGGGGCAC

>19D-35-514612d

GCATGGGGGAGCACACCTCTCCGTGCGTGCTATCTCAGGGTCCAGTGCCCACCCACCCCCCTCGCAACTCGCTGTGCTGGAAAGCCAAGCAGCACCCCGATCCCCATCCCCTGCCAAGTGCCGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGGGGTTAGTGTTGGGTGCAGGGGCCGCGCTCAGGTCACCGAGCTGGCGCCTTGCCGTAAACGCGTGTGTCTCCTGCCGCCTCGCACCACGCGGATGGGGCCTGTGGCAGGGGCCGAGTGGTGGGGAATGGGATGCGGAGTGGCGTTGGGCCTCGCGTTGCATGGCCGCGAGATAGAGAGCGTGGACACAAGTTGGCATGCG

>19D-35-517121d

GTTCTCTGATGACCGGAGGATACCCTCACCCTCAAATCTCAGGGTCCAGTGCCCACCCACCCACCCCCTCGCAACTCGCTGTGCTGGAAAGCCAAGCAGCACCCCGATCCCCATCCCCTGCCAAGTGCCGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGGGGTTAGTGTTGGGTGCAGGGGCCGCGCTCAGGTCACCGAGCTGGCGCCTTGCCGTAAACGCGTGTGTCTCCTGCCGCCTCGCACCACGCGGATGGGGCCTGTGGCAGGGGCCGGGTGGTGGGGAGTGGGGTGCGGAGTGGCGTTGGGCCTCGTGTTGCATGGCCGAGAGAGGGA

>19D-35-562719d

GTTCTCTGATGACCGGAGGATACCCTCACCCTCAAATCTCAGGGTCCAGTGCCCACCCACCCCCTTCGCAACTCTCTGTGCGGGAAAGCCAAGCAGCACCCCGATCCCCATCCCCTGCCAAGTGCCGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGGGGTTAGTGTTGGGTGCAGGGGCCGCGCTCAGGTCACCGAGCTGGCGCCTTGCCGTAAACGCGTGTGTCTCCTGCCGCCTCGCACCACGCGGATGGGGCCTGTGGCAGGGGCCGGGTGGTGGGGAATGGGATGCGGAGTGGCGTTGGGCCTCGCGTTGCATGGCCGAGAGATAGAGAGCGTGGACACAGGTTGGCATGCG

>19D-35-569051d

GCAAGGGGGAACACACCTCTCCGTGCGTGCTATCTCAGGGTCCAGTGCCCACCCACCCCCCTCGCAACTCGCTGTGCTGGAAAGCCAAGCAGCACCCCGATCCCCATCCCCTGCCAAGTGCCGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGGGGTTAGTGTTGGGTGCAGGGGCCGCGCTCAGGTCACCGAGCTGGCGCCTTGCCGTAAACGCGTGTGTCTCCTGCCGCCTCGCACCACGCGGATGGGGCCTGTGGCAGGGGCCGGGTGGTGGGGAATGGGATGCGGAGTGGCGTTGGGCCTCGCGTTGCATGGCCGAGAGAGAGA

>19E-586168d

TATATCAAGGCTCAGTACCCTCCCTCCGCGGGAAAGCGAAGCAGCACCCTTCCTACTCCCCCTCTCTCTCCTATCCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTACTGCTATGTCGGCGCTTAGGCCGTGGGTGGGAGCTGCATTGGAGCCGCCGGCGCCTGTGAACACATTTGTGCCATCCATGTGATGGGCGAAGTGTCCGCGTGACTCCAACCCATCTCACCCGGACCCTCACACTGCCCACTGGTGTGGGGGAGCTTGAGCCCCTCTGAGGGGGCCGCACCGCGTGGCGACCACCACAATGGAAGCGGCTGTGAGGCGATCTGCGGAGCAGAGTGTGGGTAGAGTGTGAGGCAGGCGCTGTGCTCTGATAACTGGGTCGGCATATTGCTCTGACGTGTGTCTCCTGCTGCCTCGTACCACGCGGAAGGGGCCTGTGACAGGGGCCGGGTGGTGCGGAGTGGGGT

>19E-595924d

TATCTCAGGACCCAGTGCCCTCCCTCCGCGGGAAAGCGAAGCAGCACCCTTCCCACTCCCCCTCTCTCTCCTATCCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTACTGCTATGTCGGCGCTTAGGCCGTGGGTGGGAGCTGCATTGGAGCCGCCGGCGCCTGTGAACACATTTGTGCCATCCATGTGATGGGCGAAGTGTCCGCGTGACTCCAACCCATCTCACCCGGACCCTCACACTGCCCACTGGTGTGGGGGAGCTTGAGCCCCTCTGAGGGGGCCGCACCGCGTGGCGACCACCACAATGGAAGCGGCTGTGAGGCGATCTGCGGAGCAGAGTGTGGGTAGAGTGTGAGGCAGGCGCTGTGCTCTGATAACTGGGTCGGCATATTGCTCTGACGTGTGTCTCCTGCTGCCTCGTACCACGCGGAAGGGGCCTGTGACAGGGGCCGGGTGGTGCGGAGTGGCGT

>19F-602379d

GGGAGGCATTGCAGTGCGTGGTATCTCAGGGCCCAGTGCATTCACATTATTCCACAGGGGGGGGTGGCCGAGCAGCCCCCTCCCGCTATCCCCTTTCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGCCATCCCCCCTACGTCGTAGGGGGGGGTCAGAGCGATGCATCGCTGTTGATGTCGGCGGTCGAGGCCCTGGATGGCGTTGCATCGGAGCCACCTGCGACAGCGAACGCGTCTGTGCCATCCGCCTGATGGGCGAAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCATATCAGACGGTCCTCGCTGCCTACTGGTGTGGGGAGCGTGAGCCACCCCGAGGGTCGCACGAGGTGGTGACCGGCACCATGGGCATGGCTGTGAGGCGACCTGCGAGGAGGCTGGGGGGGGGGGAGGAGCTCGAGGCAGGGGCCGAGCTCAGATGACTGGGTCGGCGCATTGCTGTAGCGCGCGCCTGCGGCTTCTTCGCACCACGTGGGTGGGGCCTGCGGCTGGCCGGTGGTAGAGTGTGAAGTTTGACCGGTCGGCGCATGGCAGAGAAAAGGACACATCGAAGCAAA

>19F-610316r

GGGGGGGAGGCATTGCAGCGCATGGTATCTCAGAGCCCAGTGCATTCACATTATTCCACAGGGGGGGGGTGGCCGAGCAGCCCCCTCCCGCTATCCCCTTTCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGCCATCCCCCCTACGACGTAGGGGGGGGTCAGAGCGATGCATCGCTGTTGATGTCGGCGGTCGAGGCCCTGGATGGCGTTGCATCGGAGCCACCTGCGACAGCGAACGCGTCTGTGCCATCCGCCTGATGGGCGAAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCATATCAGACGGTCCTCGCTGCCTACTGCTGTGGGGAGCGTGAGCCACCCCGAGGGTCGCACGAGGTGGTGACCGGCACCATGGGCATGGCTGTGAGGCGACCTGCGAGGAGGCTGGGGGGGGGGGAGGAGCTCGAGGCAGGGGCCGAGCTCAGATGACTGGGTCGGCGCATTGCTGTAGCGCGCGCCTGCGGCTTCTTCGCACCACGTGGGTGGGGCCTGCGGCTGGCCGGTGTAGAGTGTGAAGTTTGACCGGTCGGCGCATGGCAGAGAAAAGGACACATCGAAGAAAA

>19F-623649d

CCCCAATGACGGGGAGGAGGCATCTCAGTGCGTGGTATCTCAGGGCCCAGTGCATTCACATTATTCCACAGGGGGGGGTGGCCGAGCAGCCCCCTCCCGCTATCCCCTTTCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGCCATCCCCCCTACGTCGTAGTGGGGGGTCAGAGCGATGCATCGCTGTTGATGTCGGCGGTCGAGGCCCTGGATGGCGTTGCATCGGAGCCACCTGCGACAGCGAACGCGTCTGTGCCATCCGCCTGATGGGCGAAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCGTATCAGACGGTCCTCGCTGCCTACTGGTGTGGGGAGCGTGAGCCACCCCGAGGGTCGCACGAGGTGGTGACCGGCACCATGGGCATGGCTGTGAGGCGACCTGCGAGGAGGCTGGGGGGGGGGGAGGAGCTCGAGGCAGGGGCCGAGCTCAGATGACTGGGTCGGCGCATTGCTGTAGCGCGCGCCTGCGGCTTCTTCGCACCACGTGGGTGGGGCCTGCGACTGGCCGGTGTAGAGGGGGGCCGCACTCGTGCTTCTTGCCAGTTAAGGGAGATGTTG

>19F-634039d

CTTGACCCTGATGACGGGGAGGGGGCATCTCAGTGCGTGGTATCTCAGGGCCCAGTGCATTCACATTATTCCACAGGGGGGGGTGGCCGAGCAGCCCCCTCCCGCTATCCCCTTTCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGCCATCCCCCCTACGACGTAGGGGGGGGGTCAGAGCGATGCATCGCTGTTGATGTCGGCGGTCGAGGCCCTGGATGGCGTTGCATCGGAGCCACCTGCGACAGCGAACGCGTCTGTGCCATCCGCCTGATGGGCGAAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCATATCAGACGGTCCTCGCTGCCTACTGGTGTGGGGAGCGTGAGCCACCCCGAGGGTCGCACGAGGTGGTGACCGGCACCATGGGCATGGCTGTGAGGCGACCTGCGAGGAGGCTGGGGGGGGAGGAGCTCGAGGCAGGGGCCGAGCTCAGATGACTGGGTCGGCGCATTGCTGTAGCGCGCGCCTGCGGCTTCTTCGCACCACGTGGGTGGGGCCTGCGACTGGCCGGTGTAGAGGGGGGCCGCACTCGTG

>19F-639584d

CTTCTCCCTGATAACGGGGAGGGGGCATCCCAGTGCGTGGTATCTCAGGGCCCAGTGCATTCACATTATTCCACAGGGGGGGTGGCCGAGCAGCCCCCTCCCGCTATCCCCTTTCCTGCCAGCTGCAGAGCCGCTTCTGCTGGTGACAGGGCCATCCCCCCTACGACGTAGGGGGGGGGGTCAGAGCGATGCATCGCTGTTGATGTCGGCGGTCGAGGCCCTGGATGGCGTTGCATCGGAGCCACCTGCGACAGCGAACGCGTCTGTGCCATCCGCCTGATGGGCGAAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCATATCAGACGGTCCTCGCTGCCTACTGGTGTGGGGAGCGTGAGCCACCCCGAGGGTCGCACGAGGTGGTGACCGGCACCATGGGCATGGCTGTGAGGCGACCTGCGAGGAGGCTGGGGGGGGAGGAGCTCGAGGCAGGGGCCGAGCTCAGATGACTGGGTCGGCGCATTGCTGTAGCGCGCGCCTGCGGCTTCTTCGCACCACGTGGGTGGGGCCTGCGACTGGCCGGTGTAGAGGGGAGTGCTGCTCGTGCTTCTTGCCAGTTAAGGGAGATGTTG

>19C-719123r

CCTCAGTGCGTGGGGAGGAGGGGGTATCCAGGGCCCAGTGCCCACATACACACACTCACACCTGCTTCCTCCCCATCCCTGCCGGTGCCAAGGCACTTCTGGTGATGGTAGCGTCAAGTGCCTACGACGCAGCGGGGTCAGCGCGACTCCTCGCTGCCGACGTCGGCGGCCGTGGTGTGCATGGGGCTGCCTTGGTGCGACCTGCGACAGCGAGCACGTTTGCGCCATCCACATGCCCGGCAACGTGCCAGCGCAACTCGAACGTATCCCACCCGCCCACCCCACTCTCACTGCCCACCGGTGTGCAGCCTGCGAGGCGGGGGCGGGCGGAGTTGGAGACAGAGGCCGCGCTCAGGTCACTGAGTCGGTGCATTGCCGTGACGCGTGTGTCTAGCGCTGCTTGGCAGCGTGCGATAGGGCCCGTGACAGGCCTACAGTAGAGCTGGCCTCGTCTTGTGCGGCGGAGAACGGTGAGCCTTGAAATAAAGCATCGTTTTATTGTGGATTCTTAATCCACTCGGTCGCGACCCCCTCCCCGGCGGATGGCCCGCGTGCGACGTTGTCCGGAGACAACCGACTTATGTACGGCGCTATCCTCCCCCC