**Supporting Information S1. The benchmark dataset constructed for studying nucleosome positioning in genomes**. It consists of a positive subset and a negative subset. The former contains 1,880 nucleosomal DNA sequences, while the latter contains 1,740 linker DNA sequences. Each of these sequences is 150-bp long. None of the sequences included has pairwise sequence identity with any other. See the main text for further explanation.

**I. List of 1,880 nucleosomal sequences in the positive subset**

>nucleosomal\_sequence\_1

GCCCAGAACGAAGAAATCAGTGCCACGCCAACTCCAAATCCAGAAAGCAGCGCAGGTGCAGATGACACTTCCAGAGAAGCAAGTGCAAGTGCTGAAGGTGCTGAGGCCATTGAAGGCGACTTCATGTCTACTTTGAAGCAATCGAAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_2

CCATGAGATGTCAGGAATTGTTTCCAAGGTTGGTCCTAAAGTGACAAAGGTGAAGGTTGGCGACCACGTGGTCGTTGATGCTGCCAGCAGTTGTGCGGACCTGCATTGCTGGCCACACTCCAAATTTTACAATTCCAAACCATGTGATGC

>nucleosomal\_sequence\_3

GCCATGGAACGACACTTTTACCTCTACTTCTACCGAATTGACCACAGTCACCGGTACCAATGGTTTGCCAACTGATGAGACCATCATTGTCATCAGAACACCAACAACAGCCACTACTGCCATGACTACAACTCAGCCATGGAACGACAC

>nucleosomal\_sequence\_4

CGTCACCGGTACCAACGGCGTTCCAACTGACGAAACCGTCATTGTCATCAGAACTCCAACCAGTGAAGGTCTAATCAGCACCACCACTGAACCATGGACTGGCACTTTCACTTCGACTTCCACTGAGGTTACCACCATCACTGGAACCAA

>nucleosomal\_sequence\_5

GTCCTGAAGATGACGAAGATGAATTGATGGACGACGTTATGGATGATTTGACTGGTTTGTTGGACTCCGTTGACACAACTGGTAAAGGTGTTGTGGTCCAAGCATCCACCTTGGGTTCTTTGGAAGCTTTGTTGGATTTCTTGAAAGACA

>nucleosomal\_sequence\_6

GTTTGGAAGAACCATTCTTCATTGAGCCATTCAATGATCAGACTGACACGTTGCTCGAAATCCTGGATGAAGAAGCCAAGCAGTTCTTCACGAATCAGGTCACTGGCCTCTTGTGCTTCGATTCCTCTCGTAACCAATCTGATTAAGACG

>nucleosomal\_sequence\_7

TAACAATCACGGTTTCGTCAGTTGGTTGACCGTTAGTACCGGTGACGGTGGTCATCTCAGTGGATGTAGAGGTGAAAGTACCAGTCCATGGTTCAGTGGTGGTGCTGATTAGACCTTCACTAGTTGGAGTTCTGATGACAATGACGGTTT

>nucleosomal\_sequence\_8

ATCACTTTATCGTGCATCTTGACCACGTTATTTCTGCTGGTGAACGAGTGGGGACAGTTCAATTCTGTGGTAACAAGGCCACAATTGGTGGTGGACCGTGACCGACACGCAAAGCTGGAGCTTAATATGGATGTGACATTTCCATCGATG

>nucleosomal\_sequence\_9

ATTGTCATCAGAACTCCAACCAGTGAAGGTCTAATCAGCACCACCACTGAACCATGGACTGGCACTTTCACTTCGACTTCCACTGAGGTTACCACCATCACTGGAACCAACGGTCAACCAACTGACGAAACTGTGATTGTTATCAGAACT

>nucleosomal\_sequence\_10

CACTGAAATCACCACCGTCACCGGTACCAATGGTTTGCCAACTGATGAGACCATCATTGTCATCAGAACACCAACAACAGCCACTACTGCCATGACTACACCTCAGCCATGGAACGACACTTTTACCTCTACATCCACTGAAATGACCAC

>nucleosomal\_sequence\_11

CGCCACCTGGAGCACCACCAGCTTGGTACAACTTAGACATGATTGGGTTGGCAATGTCTTGCAACTCCTTCAACTTGTCATCGAATTCTTCCTTGCTGGCAGTGGTGTTGCTGTCTAACCAAGAAATAGTCTCTTCAGCCTTCTTGGTGA

>nucleosomal\_sequence\_12

CTTAAAGAATCTCAAGAGTTCCCAGAACCAATCTTCACCCCATCGACCAAGGCTGAACAAGGTGAACATGACGAAAACATCTCTCCTGCCCAGGCCGCTGAGCTGGTGGGTGAAGATTTGTCACGTAGAGTGGCAGAACTGGCTGTAAAA

>nucleosomal\_sequence\_13

TAGAATCCAGATACAAATCACAAGGTAACCTTAGAGTTTGAGCGAGAACTAGTTCAGCAGGGTGTAGCTCGTTCCTCAGCGGGTCTGTGGACAGGTCCATTGGAGACCCCTTCCACTCGATCTTGAGTGACTTGTTACTGTCTGTAGGAA

>nucleosomal\_sequence\_14

ACACTGGCCACACCAGTTCTAGCCACATCAAAACCAATACCAGCACCACCACCGCTGCCGGATGAAGCACTGGTCAACAATTCTCTTCTCAGTTTGGCCAGCTTGGCCTTCAGTTGACCCAAATGGAAAGATGTGGCCTTGTTCTTTTGG

>nucleosomal\_sequence\_15

ATCACAATGTCTAGATTAGAAAGATTGACCTCATTAAACGTTGTTGCTGGTTCTGACTTGAGAAGAACCTCCATCATTGGTACCATCGGTCCAAAGACCAACAACCCAGAAACCTTGGTTGCTTTGAGAAAGGCTGGTTTGAACATTGTC

>nucleosomal\_sequence\_16

ATGGGATCGTTATGAGATGACCTCGTGGTCATGGAGTCCCTGAGTGATGGTATGGACATCCCAGAATCCATCGAGTTTGTGAACTCGCTGTCGTCATCATCACCAGTGTTGTCATTATTGCGAAGATGCCTGCCACTAGGAATCCATCGA

>nucleosomal\_sequence\_17

GGTGACGGTGGTCATCTCAGTGGATGTAGAGGTGAAAGTACCAGTCCATGGTTCAGTGGTGGTGCTGATTAGACCTTCACTAGTTGGAGTTCTGATGACAATGACGGTTTCGTCAGTTGGAACGCCGTTGGTACCGGTGACGGTGGTCAT

>nucleosomal\_sequence\_18

GCAACCGTTTCCTCCAAGTCATACACCACTGTTACTGTTACTCACTGTGACAACAATGGCTGTAACACCAAGACTGTCACTTCTGAATGTTCTAAAGAAACTGCAGCAACCACCATTTCTCCAAAATCATACACTACTGTTACCGTTACT

>nucleosomal\_sequence\_19

ATCTTCACCCCATCGACCAAGGCTGAACAAGGTGAACATGACGAAAACATCTCTCCTGCCCAGGCCGCTGAGCTGGTGGGTGAAGATTTGTCACGTAGAGTGGCAGAACTGGCTGTAAAACTGTACTCCAAGTGCAAAGATTATGCTAAG

>nucleosomal\_sequence\_20

GGAAGCACAGAAGCAAGAGGAGGCGCATCGATCGTGGCAGATGAGTCAGCAAACACCACAGGAAAGTGAACAGACCACAGCGAAAGAACAGGACCTTGATCAAGAGAGCGTGTTGAGCAACATTGACTTCAATACGGATTTGAATCACAA

>nucleosomal\_sequence\_21

GAGGGTAGTTGACATGGAGTTAGAATTGGGTCAGTGTTAGTGTTAGTGTTAGTATTAGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_22

TGGCTTAATCAACTTCTTCAACGGTTGGACCTTCAGCCTCTGGAGCTGGAGGAGCACCACCTGGGAAACCGCCTGGAGCACCACCTGCAGCGCCACCTGGAGCACCACCAGCTTGGTACAACTTAGACATGATTGGGTTGGCAATGTCTT

>nucleosomal\_sequence\_23

TCATTAAACGTTGTTGCTGGTTCTGACTTGAGAAGAACCTCCATCATTGGTACCATCGGTCCAAAGACCAACAACCCAGAAACCTTGGTTGCTTTGAGAAAGGCTGGTTTGAACATTGTCCGTATGAACTTCTCTCACGGTTCTTACGAA

>nucleosomal\_sequence\_24

ACATCTACTGAAATGACCACCATTACTGGAACCAACGGCGTTCCAACTGACGAAACCGTCATTGTCATCAGAACTCCAACCAGTGAAGGTCTAATCAGCACCACCACTGAACCATGGACTGGTACTTTTACTTCTACATCTACTGAAATG

>nucleosomal\_sequence\_25

CCTTGCTGGCAGTGGTGTTGCTGTCTAACCAAGAAATAGTCTCTTCAGCCTTCTTGGTGACGGTGTCCTTGTCAGCTTGTTCCAATTTGTCACCAGCTTCAGAAATGGTGTTCTTCAAAGAGTAAGCAATGGATTCCAATTGGTTCTTGG

>nucleosomal\_sequence\_26

GCAATGTCTTGCAACTCCTTCAACTTGTCATCGAATTCTTCCTTGCTGGCAGTGGTGTTGCTGTCTAACCAAGAAATAGTCTCTTCAGCCTTCTTGGTGACGGTGTCCTTGTCAGCTTGTTCCAATTTGTCACCAGCTTCAGAAATGGTG

>nucleosomal\_sequence\_27

TTGTAGAAGAAATGACAGGGGAAGAAATGAATGAAGAAGAAATGACTGGAGAAGAAGTGACTAGAGAAGAAGTGACTGAGGAAGAAATGACTAGAGAAGAAGTGTCTGAGGAAGAAATTACTGAGGAGGAAATCACAGAAGTTCCATTGC

>nucleosomal\_sequence\_28

CTCTCGGTGACTCTTACACCAATAGCACCTCCTCCGCAGACTTGAGTTCTATCACTTCCGTCTCGTCAGCTAGTGCAAGTGCCACCGCTTCCGACTCACTTTCTTCCAGTGACGGTACCGTTTATTTGCCATCCACAACAATTAGCGGTG

>nucleosomal\_sequence\_29

GAGATGGCAGTAGTTGGAGTTTTGACAATAATGACAGTTTCATCAGTTGGTTGACCGTTGGTTCCAGTGATGGTGGTCATCTCAGTAGATGTAGAGGTGAAAGTACCGGTCCATGGCTCGGTTGTAGTTGTAACCAAACCTTCACTGGTT

>nucleosomal\_sequence\_30

AAAACCAACAAGGTGTTAACAACTTCGACGAAATCTTGAAGGTCACTGACGGTGTTATGGTTGCCAGAGGTGACTTGGGTATTGAAATCCCAGCCCCAGAAGTCTTGGCTGTCCAAAAGAAATTGATTGCTAAGTCTAACTTGGCTGGTA

>nucleosomal\_sequence\_31

ACCATGGACTGGCACTTTCACTTCGACTTCCACTGAGGTTACCACCATCACTGGAACCAACGGTCAACCAACTGACGAAACTGTGATTGTTATCAGAACTCCAACCAGTGAAGGTCTAATCAGCACCACCACTGAACCATGGACTGGTAC

>nucleosomal\_sequence\_32

ACGGAACCATGGACCGGTACTTTCACTTCTACATCTACTGAAATGACCACCGTCACCGGTACCAACGGCGTTCCAACTGACGAAACCGTCATTGTCATCAGAACTCCAACAACTGCTAGCACCATCATAACTACAACTGAGCCATGGAAC

>nucleosomal\_sequence\_33

CTGTTCCATGGCTCAGTTGTAGTTATGATGGTGCTAGCAGTTGTTGGAGTTCTGATGACAATGACGGTTTCGTCAGTTGGAACGCCGTTGGTACCGGTGACGGTGGTCATTTCAGTAGATGTAGAAGTGAAAGTACCGGTCCATGGTTCC

>nucleosomal\_sequence\_34

ACGCTGTGGTTCCCACCGCACGCTATCTTCCTGACTATTGCTCCATCATCTCCTGGCACAGACCTCTGTGGGGTATCCATATCCTCATCGTGCCCCAGTCCCAGTTGCCTTTGCCCATTAGACCCAAACGCATACACACAACTCATCGAT

>nucleosomal\_sequence\_35

TTAGAGTTTGAGCGAGAACTAGTTCAGCAGGGTGTAGCTCGTTCCTCAGCGGGTCTGTGGACAGGTCCATTGGAGACCCCTTCCACTCGATCTTGAGTGACTTGTTACTGTCTGTAGGAAGCGTAGATAAGGGCGGAGAGTAATCTGGTA

>nucleosomal\_sequence\_36

TTGGTTACAACCACCACTGAACCATGGACTGGTACTTTTACTTCGACTTCCACTGAAATGTCTACTGTCACTGGAACCAATGGCTTGCCAACTGATGAAACTGTCATTGTTGTCAAAACTCCAACTACTGCCATCTCATCCAGTTTGTCA

>nucleosomal\_sequence\_37

AACTCCACTACAGCATCTGGTTCAATCGCTTCTACTGCTTCCACCGCTTCCACTACTTCTACTGCATCCGCTGCATCCGCCACCAGCTTCACCTCAGGTTCCGCTTCTGTCTACACTACTACATTAACTTACTTGAATGCCACAAGTACA

>nucleosomal\_sequence\_38

ATCTCCACATCCTACCAGATTCCCGTCATTTGTCAGCATCACGCTGTGGTTCCCACCGCACGCTATCTTCCTGACTATTGCTCCATCATCTCCTGGCACAGACCTCTGTGGGGTATCCATATCCTCATCGTGCCCCAGTCCCAGTTGCCT

>nucleosomal\_sequence\_39

GCACTGCTGTGGGTACGGCCCATTCTGTGGTGAATGTGACTGAGCAGTTTGAGGAGAGGCATGATGGGGGTTCTCTGGAACAGCTGATGAAGCAGGTGTTGTTGTCTGTTGAGAGTTAGCCTTAGTGGAAGCCTTCTCACATTCTTCTGT

>nucleosomal\_sequence\_40

CTTCGACTTCCACTGAAATGTCTACTGTCACTGGAACCAATGGCTTGCCAACTGATGAAACTGTCATTGTTGTCAAAACTCCAACTACTGCCATCTCATCCAGTTTGTCATCATCATCTTCAGGACAAATCACCAGCTCTATCACGTCTT

>nucleosomal\_sequence\_41

GGGACAGTTCAATTCTGTGGTAACAAGGCCACAATTGGTGGTGGACCGTGACCGACACGCAAAGCTGGAGCTTAATATGGATGTGACATTTCCATCGATGCCATGTGACCTGGTGAATCTCGATATTATGGACGACTCTGGAGAGATGCA

>nucleosomal\_sequence\_42

ATTGAATCTTGAAATTGAAGAGGTGACTACTGTTTTCGTCTCAGCAGCTCCAGTACTGGTAGTTGTCTCAGCAGCTCCAGTATTGGTTGTTGTCTCACTGGTAGCACTGTTCATTTTAGAGCTGACAGACTGTTCATTCGTAGTCTGTGG

>nucleosomal\_sequence\_43

AGCAGCTCCAGTACTGGTAGTTGTCTCAGCAGCTCCAGTATTGGTTGTTGTCTCACTGGTAGCACTGTTCATTTTAGAGCTGACAGACTCTTCATTCGTAGTCTGTGGCCTCCATGTTGGATAGACCGTAACAACATCATTCACAGTAGC

>nucleosomal\_sequence\_44

GACAGAAGTACGAGCTTTCATGCATCAACACAGAAACAATCGCTACCAGGACATTCATTCACCAGGACTTCCACAAGAAGGTCACCGACCTGCGAGCCAGGCTGCTGAACAGAACCACGCAGACCTGGTACGATATCAACAAGGAGCGCC

>nucleosomal\_sequence\_45

ACTCCAAATCCAGAAAGCAGCGCAGGTGCAGATGACACTTCCAGAGAAGCAAGTGCAAGTGCTGAAGGTGCTGAGGCCATTGAAGGCGACTTCATGTCTACTTTGAAGCAATCGAAGAAGAAGCAAGAAAAGAAGGTTATTGAAGAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_46

TGAGACCATCATTGTCATCAGAACACCAACAACAGCCACTACTGCCATGACTACAACTCAGCCATGGAACGACACTTTTACCTCTACATCCACTGAAATCACCACCGTCACCGGTACCAATGGTTTGCCAACTGATGAGACCATCATTGT

>nucleosomal\_sequence\_47

AAATAAGTGTCTAGATACCTATCATGATTTTTCCAAATAGTTCTTGCAAATGATGGCCATGCAGCTTTGACGGCAAGGACACCCTCTGCGTGGCTGGTGTTAAGTTCTTCACCAGTGTTAGGGTCAAGAACAACTGCATCAATACCGAAG

>nucleosomal\_sequence\_48

ACTACCTCATGAATTCTAGTGGATGAAAGAAGCAGCACGAACACCATTTCTACAGACAACGACACATGGAAAGGTTCACCATTCCCAAAGAAAACAACGATGGCCACAAGGGTGTGGTCCTCCATTCTCCTACTGTTGGAAGGAGATATT

>nucleosomal\_sequence\_49

TTGTCTCTAGTTTGCGATAGTGTAGATACCGTCCTTGGATAGAGCACTGGAGATGGCTGGCTTTAATCTGCTGGAGTACCATGGAACACCGGTGATCATTCTGGTCACTTGGTCTGGAGCAATACCGGTCAACATGGTGGTGAAGTCACC

>nucleosomal\_sequence\_50

TAATAAACTCATAACAGTGCAACGGCAAAGTACAAGGGAAGGAAGCACAGAAGCAAGAGGAGGCGCATCGATCGTGGCAGATGAGTCAGCAAACACCACAGGAAAGTGAACAGACCACAGCGAAAGAACAGGACCTTGATCAAGAGAGCG

>nucleosomal\_sequence\_51

CATGACTACAACTCAGCCATGGAACGACACTTTTACCTCTACATCCACTGAAATGACCACCGTCACCGGTACCAACGGCGTTCCAACTGACGAAACCGTCATTGTCATCAGAACTCCAACTAGTGAAGGTCTAATCAGCACCACCACTGA

>nucleosomal\_sequence\_52

GTGTGGTGATGGATAGTGAGTGGATAGTGAGTGGATGGATGGTGGAGTGGGGGAATGAGACAGGGCATGGGGTGGTGAGGTAAGTGCCGTGGATTGTGATGATGGAGAGGGAGGGTAGTTGACATGGAGTTAGAATTGGGTCAGTGTTAG

>nucleosomal\_sequence\_53

TCATATCAGAGTCCGCTGAGGATGAATCAGTAAATGTATTACCTGACTCAGGTGATGGAGTGCTCAGAGGCGTTCCAACTGATGATGGATACTGCGGAAACTGTGATTGTGGCCCAGGTGGAAAGTACATAGGCGACATTTGATAAGGTG

>nucleosomal\_sequence\_54

CTGAAAAGGACAAGGAAGATTTGAGATTCGGTGTCAAGAACGGTGTCCACATGGTCTTCGCTTCTTTCATCAGAACCGCCAACGATGTTTTGACCATCAGAGAAGTCTTGGGTGAACAAGGTAAGGACGTCAAGATCATTGTCAAGATTG

>nucleosomal\_sequence\_55

ATTGTCATCAGAACTCCAACAACTGCTAGCACCATCATAACTACAACTGAGCCATGGAACAGCACTTTTACCTCTACTTCTACCGAATTGACCACAGTCACTGGCACCAATGGTGTACGAACTGACGAAACCATCATTGTAATCAGAACA

>nucleosomal\_sequence\_56

CACCTTCTTGTCCCCATATATCTCCAATCCATTGAACTTCGGTGCAGACATCGTTGTCCACTCCGCTACAAAGTACATCAACGGTCACTCAGACGTTGTGCTCGGTGTCCTGGCCACTAATAACAAGCCATTGTACGAGCGTCTGCAGTT

>nucleosomal\_sequence\_57

GGTGAAAGTACCAGTCCATGGTTCAGTGGTGGTGCTGATTAGACCTTCACTAGTTGGAGTTCTGATGACAATGACGGTTTCGTCAGTTGGAACGCCGTTGGTACCGGTGACGGTGGTCATTTCAGTGGATGTAGAGGTAAAAGTGTCGTT

>nucleosomal\_sequence\_58

CAGCTTCTCCCCTATCATTGCTGCCATCCATATGGAGAACAGGCACGACTTCGTCGTTTTCTGTGGGTGCTACAACCTTTCTCGCCTTCTTCCCAACGAACCTTGGCAACAATGGATCCATTTGCTTGGACACTACCTCAATATGGTGGC

>nucleosomal\_sequence\_59

GAAGCAGTCTTAGAGCATACGTCAGATTCACAAGAAGAAATTGTAACTACTGTGGTTTGTTTTGTTGTTTCTGTGGTTTGCTCTGTTGTCCCCTTGGTTTGCTTTGTTGTCTCCGTAGTTTGCTTTGTTATCTCTGTGGTAGAAATAGGG

>nucleosomal\_sequence\_60

TTGCTCTAACAACTGCTGTTGCTGGTTAATAAATAGTTCTTGGTTGGAAACCATGGGTTGTGGTGGCTGTGGCTGTGACTGTGACTGTAACTGCGATTGCAATGGTTCATCCTTGTATGGAGTATGCGTCGAAGGCAGCGGCGACTCCTC

>nucleosomal\_sequence\_61

CGAATATGTAGACTTTGGTGATTCAGAAGAGATAGAAGAGGAAGAAGAGACAGAACTAGCTGAACTAGTTTCGCTCTCAGAAGAACCAGAGGTGGAACTACTGGTTGGAATGACGGATGATTTAAATGATTCAGAGAATATAGAAGTGGA

>nucleosomal\_sequence\_62

AAAGCTGGTGATTTGTCCTGAAGAAGATGACAAACTGGATGAGATGGCAGTAGTTGGAGTTTTGACAATAATGACAGTTTCATCAGTTGGTTGACCGTTGGTTCCAGTGATGGTGGTCATCTCAGTAGATGTAGAGGTGAAAGTACCGGT

>nucleosomal\_sequence\_63

AAGTCACTACTGGACCAGGATGCCTCGGACGCCACCAAAATTCAGCTCTTGCACGACGCCTGTACGGCGCACTCGCAAATCACAAGGGAATGCTCCCAGGGGCTCGGCCAGGACCGTCACTTGTATGCGCTCTACTGCCTCTGGAACCAA

>nucleosomal\_sequence\_64

TTTAAATGATTCAGAGAATATAGAAGTGGAGGTTGTTGTAGAAGAAATGACAGGGGAAGAAATGAATGAAGAAGAAATGACTGGAGAAGAAGTGACTAGAGAAGAAGTGACTGAGGAAGAAATGACTAGAGAAGAAGTGTCTGAGGAAGA

>nucleosomal\_sequence\_65

CCACACCACACCCACACACCCACACACCACACCACACACCACACCACACCCACACACACACATCCTAACACTACCCTAACACAGCCCTAATCTAACCCTGGCCAACCTGTCTCTCAACTTACCCTCCATTACCCTGCCTCCACTCGTTAC

>nucleosomal\_sequence\_66

TTTGGTTGGTAGACAAGTCCTTCTTGTTCTTTCTCTTGAATTCTTGGATGAAGTGGTTGACCAATCTGTTGTCAAAATCTTCACCACCCAAATGGGTGTCACCAGCGGTGGCCTTAACTTCAAAGATACCGTCTTCAATGGACAACAAAG

>nucleosomal\_sequence\_67

TCAATGATCAGACTGACACGTTGCTCGAAATCCTGGATGAAGAAGCCAAGCAGTTCTTCACGAATCAGGTCACTGGCCTCTTGTGCTTCGATTCCTCTCGTAACCAATCTGATTAAGACGTGTAACCATGACGAGGAGTCGTCATCGTCC

>nucleosomal\_sequence\_68

AAGGATAATGGAGCGACATCCAACAACAATAGATCTTGAGTCTTGGAAGATTCGTCACCAGTCAAAATAGCAGCTTGAACAGCAGCACCGTAAGCAACAGCTTCATCTGGGTTGATAGATCTGTTTGGTTCCTTACCGTTGAAGTAGTCA

>nucleosomal\_sequence\_69

GTTGTAGTTGTAACCAAACCTTCACTGGTTGGAGTTCTGATAACAATCACGGTTTCGTCAGTTGGTTGACCGTTAGTACCGGTGACGGTGGTCATCTCAGTGGATGTAGAGGTGAAAGTACCAGTCCATGGTTCAGTGGTGGTGCTGATT

>nucleosomal\_sequence\_70

TAGACACAGAAGAGTTCTCGATGAAAGCTAGGGCAAAAAGCACTAGGGAGGGCAGGACACCAGCAACGGCTTGCCCCACCATGACACCTTGACTGTACTCGGAACCGAAGACGTTGGCTATGGCCATGATACCATTCTGTGTCATGGCTG

>nucleosomal\_sequence\_71

CATCAGTTGGTTGACCGTTGGTTCCAGTGATGGTGGTCATCTCAGTAGATGTAGAGGTGAAAGTACCGGTCCATGGCTCGGTTGTAGTTGTAACCAAACCTTCACTGGTTGGAGTTCTGATAACAATCACGGTTTCGTCAGTTGGTTGAC

>nucleosomal\_sequence\_72

TTTCGAATCTTCAGTATGAGTTGACGGAGGTGTGGAATCGGTTGGACTCACAGCTTTTGAAAGGACATTTCTCGGTTGCTCAGGATGTAGTTCAATGTCGGATTGGAAGTCATGGTCAGATTCTATGTTAAGATCATTGGATTCTTGGAT

>nucleosomal\_sequence\_73

GTGACAAAGGTGAAGGTTGGCGACCACGTGGTCGTTGATGCTGCCAGCAGTTGTGCGGACCTGCATTGCTGGCCACACTCCAAATTTTACAATTCCAAACCATGTGATGCTTGTCAGAGGGGCAGTGAAAATCTATGTACCCACGCCGGT

>nucleosomal\_sequence\_74

TTCCAACTGACGAAACCGTCATTGTCATCAGAACTCCAACTAGTGAAGGTCTAATCAGCACCACCACTGAACCATGGACTGGTACTTTCACCTCTACATCCACTGAGATGACCACCGTCACCGGTACTAACGGTCAACCAACTGACGAAA

>nucleosomal\_sequence\_75

CGAAACCGTGATTGTTATCAGAACTCCAACCAGTGAAGGTTTGGTTACAACCACCACTGAACCATGGACTGGTACTTTTACTTCGACTTCCACTGAAATGTCTACTGTCACTGGAACCAATGGCTTGCCAACTGATGAAACTGTCATTGT

>nucleosomal\_sequence\_76

ATGGTCTTCGCTTCTTTCATCAGAACCGCCAACGATGTTTTGACCATCAGAGAAGTCTTGGGTGAACAAGGTAAGGACGTCAAGATCATTGTCAAGATTGAAAACCAACAAGGTGTTAACAACTTCGACGAAATCTTGAAGGTCACTGAC

>nucleosomal\_sequence\_77

CTCGAAGCAACGATAGACAATCCGGTGATCAGTTTCGTGCTGTCCATTTGCAAGATGGCCTCTGTGGACAGCTTGATAAGTATGTCATTGGGTAGCTGGGTCACATCCTGGTTGGAGTTCGAACTGTTCATCAATGAGTACACAGATGAG

>nucleosomal\_sequence\_78

TGCTACGGATCGTATCTCTGCATATGACGTTATTATGGAAAACAGCATTCCTGAAAAGGGGATCCTATTGACCAAACTGTCAGAGTTCTGGTTCAAGTTCCTGTCCAACGATGTTCGTAATCATTTGGTCGACATCGCCCCAGGTAAGAC

>nucleosomal\_sequence\_79

GCCATAAATTATCCAACGCTGCTTTACCTCTGGCAATGGGCCATGAGATGTCAGGAATTGTTTCCAAGGTTGGTCCTAAAGTGACAAAGGTGAAGGTTGGCGACCACGTGGTCGTTGATGCTGCCAGCAGTTGTGCGGACCTGCATTGCT

>nucleosomal\_sequence\_80

TGGATAAGATATATTGGGCAGGGGATAGATGGTTGTTGGGGTGTGGTGATGGATAGTGAGTGGATAGTGAGTGGATGGATGGTGGAGTGGGGGAATGAGACAGGGCATGGGGTGGTGAGGTAAGTGCCGTGGATTGTGATGATGGAGAGG

>nucleosomal\_sequence\_81

CCAACCTACAAGATCTCCTAAAGAAACAATTCCAGCCGCTAGACGACCCAAACGTCCAACAAGTGCTCCATCTCATGCTCCACTATGCCGTGCAAGTCGCCCCCATGGCTGTCATAAAGGAAATCGTCCATCATTGGGTCTCAACTACAA

>nucleosomal\_sequence\_82

CGGTACAGAATTGATGTACGTATTCATTAAATCCGTGTACCTCGAAGCAACGATAGACAATCCGGTGATCAGTTTCGTGCTGTCCATTTGCAAGATGGCCTCTGTGGACAGCTTGATAAGTATGTCATTGGGTAGCTGGGTCACATCCTG

>nucleosomal\_sequence\_83

GCCCTCTTGCCACTTGCAAACAGACGCCACGTCGCATCACGTGGTGGCGATGTATCGTGGCCAGTTCTACTGGTTCGACGTGCTGGACACACGCAACGAGCCCATCTTCGCCACCCCAGAACAACTGGAGTGGAACCTCTACTCGATCAT

>nucleosomal\_sequence\_84

CTGAAGAAACTGGCGCTGTCTCCGCATCTATCTATTCATTCACACCTAGCTCGTTCAAGAGCAGCGGTGACATTTCTTTGAGTTTGTCAAAGGCCAAGAAGGGTGAAGTCACCTTTTCTCCATACTCTAACGCTGGTACCTTTTCTTTGT

>nucleosomal\_sequence\_85

GGTGAACAAGGTAAGGACGTCAAGATCATTGTCAAGATTGAAAACCAACAAGGTGTTAACAACTTCGACGAAATCTTGAAGGTCACTGACGGTGTTATGGTTGCCAGAGGTGACTTGGGTATTGAAATCCCAGCCCCAGAAGTCTTGGCT

>nucleosomal\_sequence\_86

ATGGAGTCCCTGAGTGATGGTATGGACATCCCAGAATCCATCGAGTTTGTGAACTCGCTGTCGTCATCATCACCAGTGTTGTCATTATTGCGAAGATGCCTGCCACTAGGAATCCATCGACGTACCATGGCTATAACTTTCCTTATGTTG

>nucleosomal\_sequence\_87

TTGTTGCACTGGTAACAGGTGGTAATGATGAAGTAATTTCCTGACTTGTTGTTGTACTGGTAACAGGTGGTAATGATGAAGCAGTTTCCTGGCTTGTTGTTGCAGTGGTAATAGGTGGTAATGATGAAGACGAATATGTAGACTTTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_88

AAGGGCTACTATAACATTTGTTCATATTTGGGGCTTTGTGGTGCGGGTGTGCAGAGCGGTGGATTTGCAGAACGTGTTGTGATGAACGAATCTCACTGCTACAAAGTACCGGACTTCGTGCCCTTAGACGTTGCAGCTTTGATTCAACCG

>nucleosomal\_sequence\_89

ACGTCCTCTCCCACCAAGGTAGCATCGTCGTCTCCCTTAAAGCCTACTTCGCCAACAGTTCCGGATGCAAGTGTGGCGTCTTTGAGAAGCAGGTTTACTTTCAAGCCTTCAGATCCCAGCGAAGGAGCTCATACTTCGAAGCCGCTCCCA

>nucleosomal\_sequence\_90

CTGTGGTCAATTCGGTAGAAGTAGAGGTAAAAGTGTCGTTCCATGGCTGAGTTGTAGTCATGGCAGTAGTGGCTGTTGTTGGTGTTCTGATGACAATGATGGTCTCATCAGTTGGCAAACCATTGGTACCGGTGACTGTGGTCAATTCGG

>nucleosomal\_sequence\_91

TCCTGGATGAAGAAGCCAAGCAGTTCTTCACGAATCAGGTCACTGGCCTCTTGTGCTTCGATTCCTCTCGTAACCAATCTGATTAAGACGTGTAACCATGACGAGGAGTCGTCATCGTCCAGTAATATGGAGGAGGAAGACGAAGATTTG

>nucleosomal\_sequence\_92

TCTTGCAATCGCTTCCTCAGGGCTCCCATGCGGTCTCTATCGGTGATGTGTACGGTGGTACCCACAGATACTTCACCAAAGTCGCCAACGCTCACGGTGTGGAAACCTCCTTCACTAACGATTTGTTGAACGATCTACCTCAATTGATAA

>nucleosomal\_sequence\_93

GGTCATGTGTAAGACGGCTAGGTAAATTTCAGTGCATATTGAACTCCAGGGACTTCACAAGTAGTGGTGGTAGCGATGCAGCAGTCGTTCCTGAAGATATAGGCAGGTTTGTCAAATTTGTTGTTGATAGCGATGTAGAGGATGTGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_94

CACGAAGATGAGAAAGAGGCGATAGATGAGGCCAAGAAGATGAAAGTGCCGGGAGAGAACGAGGACGAAAGCAAGGAAGAGGAAAAGAGTCAAGAACTGGAAGAGGCAATTGACAGCAAGGAGAAGAGCACCGACGCCAGGGACGAGCAA

>nucleosomal\_sequence\_95

TGAATGTGACTGAGCAGTTTGAGGAGAGGCATGATGGGGGTTCTCTGGAACAGCTGATGAAGCAGGTGTTGTTGTCTGTTGAGAGTTAGCCTTAGTGGAAGCCTTCTCACATTCTTCTGTTTTGGAAGCTGAAACGTCTAACGGATCTTG

>nucleosomal\_sequence\_96

TTTTATTGAAATCGAATCCGAGTAGGTTCTTAGCAATGCTCAATGAAGTGTTTGAAGCGTCCTTGTTTAACGATGACAATGACATGGTTGCATCAGTTGGAGAAGCAGAATTGGTAAGTAGGCAATATGTTATTGATCTACTATTGGATG

>nucleosomal\_sequence\_97

CAGAATCGAGGCAACAAACAACGCTAGTTACTGTTACTTCCTGCGAATCTGGTGTGTGTTCCGAAACTGCTTCACCTGCCATTGTTTCGACGGCCACGGCTACTGTGAATGATGTTGTTACGGTCTATCCTACATGGAGGCCACAGACTG

>nucleosomal\_sequence\_98

CCGCCAACGGCTTCGGCATCGGCTACATCATCAGAGACCACTCCGTCTCTGTGGTGGTGTCCTCAAGGCATCGCCAGACTGCTCGGTTTGCGTCGCTCATGGAAAAGTCGCTGCTGGAGATCGACCGCATCTTCAAACGGCAGCAAGCTC

>nucleosomal\_sequence\_99

TGGAAAGTGTCTAGAAGATTACCAAGAACCACGTTATTTGAGAGAGGATGGCAAGGTGACGACAATCACACCAAGACCACATTTTGGGTGCGCCTGGAAGCAAGACCTGAGAAACTGGGCCAAAATATTCAAACCAAGCATAAGATAGTT

>nucleosomal\_sequence\_100

CTGGTTGGCTTCGTCCTTGCCATTAGCAAACAGCTCTATCTTGGGAGTCAATGGTGTAGAAACTGCACTGTTAGTTGCCGTGCCTGAGGGAGTGCTATCTCCCGTAGGTTGTTGTTTCTTTGCTGTCTTGCTGTCGGTGAGAGTGTCGGC

>nucleosomal\_sequence\_101

CCCCAGACTCAATAATTCCTTCATCTAGCGCCTCTATCTCTGGTGTCTCAAACTCCACTACAGCATCTGGTTCAATCGCTTCTACTGCTTCCACCGCTTCCACTACTTCTACTGCATCCGCTGCATCCGCCACCAGCTTCACCTCAGGTT

>nucleosomal\_sequence\_102

GAGTCTGTGATCAAGAAATGTTCTTCCTACGGTGATTTGGTCACTTCGCAAATGAAGAAATGGGGTGTGCAAGTGGAAGGCGATAACTCTGAGTTGGACCTGATGAACCTTGGGGAAGACGATGACGACGACAATGATGATGGCAATAAC

>nucleosomal\_sequence\_103

CAGTTTGACACAGCTGCAGGTATCTTCCACTCATTTGGATCAGCTTCTCCCCTATCATTGCTGCCATCCATATGGAGAACAGGCACGACTTCGTCGTTTTCTGTGGGTGCTACAACCTTTCTCGCCTTCTTCCCAACGAACCTTGGCAAC

>nucleosomal\_sequence\_104

AAGTGTCGTTCCATGGCTGAGTTGTAGTCATGGCAGTAGTGGCTGTTGTTGGTGTTCTGATGACAATGATGGTCTCATCAGTTGGCAAACCATTGGTACCGGTGACTGTGGTCAATTCGGTAGAAGTAGAGGTAAAAGTGTCGTTCCATG

>nucleosomal\_sequence\_105

TGGCATCTAGTTCTTCATATACGGCACCTCCCCTGAACGAAGATGGTCCTAAAGGGGTAGCTTCTGCAGTGTCACAAGGCTCCGAATCCGTAGTCTCATGGACAACTTTAACACACGTATATTCCATCCTGGGTGCTTATGGAGGGCCCA

>nucleosomal\_sequence\_106

GTAGAAGAGAACGAACCTGAATGTGAATGGTGTGATGCAGAGTCTGGGGTCGTCATTGAACTTGAAGTCTTGTAAGGGGAATTGAATGGAGATGGAGAGGATGAAGATGAGGTTGGAGTGAAGGCAAATGGTGGAGAAATGCTATCTTTG

>nucleosomal\_sequence\_107

TTGGGCATGACCATTCTGTTTTCAATGTCGTCATCTTCGTCGATGCTGTACTGAGACAGTTTCTTGTGTTGTAAGAGCGCCTGGTTGGCTTCGTCCTTGCCATTAGCAAACAGCTCTATCTTGGGAGTCAATGGTGTAGAAACTGCACTG

>nucleosomal\_sequence\_108

AAGAGTACGTAAAAACAGGTACTGTGCATGGTTTGAAACAACCTCAAGGACTTAAAGAATCTCAAGAGTTCCCAGAACCAATCTTCACCCCATCGACCAAGGCTGAACAAGGTGAACATGACGAAAACATCTCTCCTGCCCAGGCCGCTG

>nucleosomal\_sequence\_109

TAGTGTTGACATAAGGTGTTGTAGGATAAGACGGTGAACGTCCTCTTGGCTAAATCGGTGGCCAGATGCTCAGTGGATTGCTGCAAAGAATCGTACTCCCTCTGTGGTTCCCCATCGGTATTGATTTCGATGAACCTACGTTCATGCGGT

>nucleosomal\_sequence\_110

ATTTCCTCTACGGTACCATCGGCAGGCTGGTAGATCTCGGAGGCTGACTTGACGGACTCAATGGACCCTAGCGACTCACCTTGGGCAATCTCAGTGCCCACTTCTGGCAACTCAACATAGGTAGCGTCCCCTAAGGCATCAGTGGCGTAT

>nucleosomal\_sequence\_111

ACTTGAGATTTGTCCAATTTAGCATCTCTCAAGACCTTTTCAACTGGGTCCAAAGTAGATCTGAACAAGTCAGCACACAATTCTTCGAATCTGGCTCTGGTGATGGAAGTGTAGAAATCGATACCTTCGAACAAAGAGTCAATTTCAACG

>nucleosomal\_sequence\_112

TGATCTTCCTAAACACCTTCGCAAGGTGCCTTTTAACGTGTTTCGTACTGTGCAGCGGTACAGCACGTTCCTCTGACACAAACGACACTACTCCGGCGTCTGCAAAGCATTTGCAGACCACTTCTTTATTGACGTGTATGGACAATTCGC

>nucleosomal\_sequence\_113

GAGGTGCTGGAGGTGCTGGAGGTGTTGGAGGTACTGGAGGTATTGAAGGTGCTGAGAGTGCTGGAGGTGCTGAAGATACTGGAGGTACTGGGGGTACTGGGGGTACTGAAGGTGCAGAGAGTGCTGGAGGTGCTGGAGGTACTGGAGGTG

>nucleosomal\_sequence\_114

GCTGAGAGTGCTGGAGGTGCTGAAGATACTGGAGGTACTGGGGGTACTGGGGGTACTGAAGGTGCAGAGAGTGCTGGAGGTGCTGGAGGTACTGGAGGTGCAGAGGGTACTGAAGGTGCAGAGGGTACTGGAGGTGCAGAGGGTGCAGAA

>nucleosomal\_sequence\_115

TGCGAGCTTGCTAATGGATAATCAGCGTGCTAACGCTGGGTCTACATCCGTTCCCACAAACATTCCTCCCCCTAGGGGTAGGTCGAAGTCAGTGGTGGAGACTAACCTGTCTAACGTTGAGGCTGACTCCGGACATCATCACCACCACCG

>nucleosomal\_sequence\_116

TAACGTCAATAACACGAGATGCTGACGATGTGACAGAAGTAGCTGTAGATTGAGCTTTGGAGGAGACTGGCTTAGTCACAGTTGAACAGACGTTATTTGAACAACTAGTTATGGTAGTTTCAACAGTGGAAGCTTGAGTCTTTGTGACGG

>nucleosomal\_sequence\_117

TGAAGTTGCCTTTGAAATTATTGACGGCACCGGTAAGTATGTCACTCCAGGTCTGATCGACAGTCATGTCCACATTGCGTCGGTTGCAGGAGAGGCTGATCTGACCAAGTTAATGCTGATGCCAAAGTCAGTTGCATTACTCAGAATAAG

>nucleosomal\_sequence\_118

GGAGGTACTGGGGGTACTGGGGGTACTGAAGGTGCAGAGAGTGCTGGAGGTGCTGGAGGTACTGGAGGTGCAGAGGGTACTGAAGGTGCAGAGGGTACTGGAGGTGCAGAGGGTGCAGAAGGCACTGGGTGAGGTGGCACCTTGTCCTCA

>nucleosomal\_sequence\_119

GTTAACCACACTAAATACACTCCAGACAAGAAGATTGTCTCCAACGCTTCTTGTACCACCAACTGTTTGGCTCCATTGGCCAAGGTTATCAACGATGCTTTCGGTATTGAAGAAGGTTTGATGACCACTGTTCACTCCATGACCGCCACT

>nucleosomal\_sequence\_120

AGTCGACAACTCTGGTAGAGTAACCGTATTCGTTGTCGTACCAGGAAACCAACTTGACGAACTTTGGAGACAATTGGATACCAGCGGCAGCATCGAAGATGGAAGAGTTAGAGTCACCCAAGAAGTCAGAGGAGACAACAGCGTCTTCAG

>nucleosomal\_sequence\_121

CATAATCGCACTTAAATACGCAAAATATACAAGATAGCCCTACAACTGCTCCATGGACTCCAAGGACACGCAAAAGTTGCTTAAGGAGCACCGAATCCCCTGCATCGACGTTGGATGGTTGGTCAGGCCCAGTGCCTCCACCAGCAAGAG

>nucleosomal\_sequence\_122

TTCTTTCTTCAAACGATAAGGGACGCCGTCACTCCGTAGCTGCGAGCTTGCTAATGGATAATCAGCGTGCTAACGCTGGGTCTACATCCGTTCCCACAAACATTCCTCCCCCTAGGGGTAGGTCGAAGTCAGTGGTGGAGACTAACCTGT

>nucleosomal\_sequence\_123

CTGACCAAGTTAATGCTGATGCCAAAGTCAGTTGCATTACTCAGAATAAGATACACTTTGGAAGCCGCTCTGGCAAGAGGTTTCACAACAGTGAGAGACTGTGGGGGTGCAGAAGGCTTTCTGAAAGCAGAGATTCGTCAGGGATCCTTG

>nucleosomal\_sequence\_124

TTGACGCTATCACCAACACTGGTCCAAGAGAAGACACCACCAGAGTCGGTGGTGGTGGTGCTGCTAGACGTCAAGCTGTCGATGTTTCTCCATTGAGAAGAGTTAACCAAGCTATTGCTTTGTTGACCATTGGTGCCAGAGAAGCTGCTT

>nucleosomal\_sequence\_125

GACAGAGAAATAATCTTTGTCAATGGTGACACTTTGAATTCCATCATAACCGTCTGGGATTTTATGTATTAAGATTCTTTGCCTTTTAGATTTGATAAATATGCGCCGATATTAGACGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG

>nucleosomal\_sequence\_126

TGACAGAAGTAGCTGTAGATTGAGCTTTGGAGGAGACTGGCTTAGTCACAGTTGAACAGACGTTATTTGAACAACTAGTTATGGTAGTTTCAACAGTGGAAGCTTGAGTCTTTGTGACGGTGCTGTCAGTACCATTTTGGACCACTGGAG

>nucleosomal\_sequence\_127

TGAAAGTCGTTGGGAGTATGATTTGAATCGCTATGTAAAGGAAATTCTTTCGAATGAGTTGCAATATATCGATAAGGATTATTTCATCCAAGAAATGAACAGAAGGTTGCAATCTAACAAACAGGAGATTTGGGAAGAGATCACAAATAG

>nucleosomal\_sequence\_128

TTCAATGGAAGAAGGAATCTCAGAAGAGGAAGTAATTACACTAGAAACTATTAGTTCACTGGAAATGGTGATTTGATTAGAGGAGATAGATTCTGCGGAAGTGGTTGCTTTACTGAAAGAGAGAGGTTCAGCAGAAGAGGTGATTTCACT

>nucleosomal\_sequence\_129

TTCATTTCTTGATGAAACTCATGGATACGTGGTCCGTTCATTGTGAAAGGATCACTGAGTTGCCACTTTGAGTTTTCGTCAATCACAGGAGCGTCTGGTAGACCAGCAACCTTGGAGTACAAGCTTCCCACATCAATTCTAAAGCCGTCT

>nucleosomal\_sequence\_130

TCATTGACTTGCTGCTGAATGTAGCCCAGGACATAGATTCCAACGATCTTTCGGAGCACGATTCCTGGCTGCAGCAGTTCATCCAACATAATAACACGATTCGTTTCATGGGCGATGACACCTGGCTGAAACTGTTCCCACAGCAATGGT

>nucleosomal\_sequence\_131

TGTGGGACTATGCTTTCTGTGGGCTCTAATTATCATCGTTGGCATGTTATTAGTTCCAGAGTCCCCAAGATATCTGATTGAATGTGAGAGACATGAAGAGGCCTGTGTCTCCATCGCCAAGATCGACAAGGTTTCACCAGAGGATCCATG

>nucleosomal\_sequence\_132

GTTGCATTACTCAGAATAAGATACACTTTGGAAGCCGCTCTGGCAAGAGGTTTCACAACAGTGAGAGACTGTGGGGGTGCAGAAGGCTTTCTGAAAGCAGAGATTCGTCAGGGATCCTTGAATGGTCCCAGATTAATTACGTGTGGACAT

>nucleosomal\_sequence\_133

CCTTATTATCATCGGCACCTTCTTCCTCACTTCGGGTCTCCACCCAGCACCACCTCATGAGGCAAAGCGTCCACACCATGGAAAAGGTCCCATGCACTCACCCAAATGTGAGAAGATTGAACCATTAAGTCCATCATTCAAACATTCCGT

>nucleosomal\_sequence\_134

GGTGTTAGAAATATTACTGAAGTGGACAAGACATTTGAGGATGTGCACGTTTCTGATAAGTCAATGATCTGGAATTCTGATCTCGTAGAAACTCTGGAATTGCAAAATTTACTTACTTGTGCCACACAAACGGCTGTTTCTGCTTCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_135

TGGATGGTGGTTGGGAGTGGTATAATGAAATGGGACAGGGTAACGAGTGGGGAGGTAGGGTAATGGAGGGTACGTTAAGAGACAGGTTTATCAGGGTTGGATTAGAATAGGGTTAGGGTAGTGTTAGGGTAGTGTTAGGGTAGTGTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_136

CAGTGGAGAAGATTTGAGATTTCTTTGTTGGAATAGTAGTGTTTCTTGGAATCAATCTTGTGAAAACACCACCTAAAGTTTCGATACCTAGAGACAATGGGGTAACATCTAATAATAAGACGTCAGTAACCTCACCGGACAAGACAGCAC

>nucleosomal\_sequence\_137

GGTCAAGGTACCAACCATGACCAAACGAGTAGGCAACCCAGCAAAGGAACCGAAAAATCCTAACTGTTTGGCCAACTGAGCCAACAAACCGACTGTGGATTGGCCAGGAGCCTTCTTAGTCTTGTTGACCTTGGACAACAGAGTGTCTGC

>nucleosomal\_sequence\_138

CACATACTTGCTCATCGAGGTTGCGTCTTGGAACCTGTCGGACAATGAGGCATACCTGCTCAATTTCTGTGGGTCCAGAACTTCTTTCTGGAAAAGCGAAGTGGCCTCTTCATAACGATGAGGGTCTGGCTGCTTACCTTGCAGGCCTGG

>nucleosomal\_sequence\_139

CAGAAACAAAAGGCCTGACGCTGGAGGAGGTGAATACTATGTGGCTGGAAGGTGTGCCAGCATGGAAATCAGCCTCATGGGTGCCACCAGAAAGAAGAACCGCAGATTACGATGCTGACGCCATAGACCATGACGATAGACCAATCTACA

>nucleosomal\_sequence\_140

ACTAAGACTACCGCTGCTGCTGTCTCTCAAATTGGTGATGGTCAAGTTCAAGCTACCACCAAGACTACTGCTGCCGCCGTTTCTCAAATCGGTGATGGTCAAGTTCAAGCTACTACCAAGACTACCGCTGCTGCTGTCTCTCAAATCGGT

>nucleosomal\_sequence\_141

TAGTGCTTGGTCAATTCATCGATTTGGATCTTACCGAATTCACCAACGTAACCGATCTTCTTACCCTTTAGGGACTGGAAGTCTTCAGTGATACCACTGCCCTTTAAGTACAAGACACCGGTGAATGGTTCGTCCAACAAAGAGGCAACA

>nucleosomal\_sequence\_142

GGAAGAGTTAGAGTCACCCAAGAAGTCAGAGGAGACAACAGCGTCTTCAGTGTAACCCAAGACACCCTTCAACTTACCTTCAGCGGCAGCCTTGACAACCTTCTTGATTTCATCGTAGGTGGTTTCCTTGTTCAACTTGACAGTCAAGTC

>nucleosomal\_sequence\_143

TCTTCGCCGGCCTGTTTGCCAAACATCTTCTTCCCCATAAACTGGAGGTTCTCCGTGTCCAGCATTTCGAAGTCCTCTTCATCCTCGTCCAAAGAACTCATCTGTTCTCGTGTGCGCCTGTGTGTGTTTACTTTTCCCCAGCACTACGCA

>nucleosomal\_sequence\_144

TATCGATGATTCCATCTCTTTCCAAGGTAGCTCTAATTTGTTCTGAACCAGGGGTGACAAAGAAGGGGATACGTGGTTTCAAGCCGGCTTTGGAAGCTTGCTTGACCAAGTCGACAACACGACTCATGTCTTGATAAGATGAATTGGTAC

>nucleosomal\_sequence\_145

CCAGCCGTAAGTAAGTATAGTTATGACTTCATCTCTAGATGATATAGAACCAACAGCATATAATAATATGGAAGCGGACGAGGAATATTGCAGACGCAACGATATACATGACCTTTCCAGCGTGGTCGGTGATGCTGTCTCACAAGGTGT

>nucleosomal\_sequence\_146

CGGTAAGTATGTCACTCCAGGTCTGATCGACAGTCATGTCCACATTGCGTCGGTTGCAGGAGAGGCTGATCTGACCAAGTTAATGCTGATGCCAAAGTCAGTTGCATTACTCAGAATAAGATACACTTTGGAAGCCGCTCTGGCAAGAGG

>nucleosomal\_sequence\_147

ATACCCCTAAAGACAGGTAATTTAGCAGCTTTAGAGATGGAGAGATCGCTTCTGTAGTGTTTATCACCGTGGTCAGTTCACCAATTCTATATTTGCTAACATCTGCCAATGAATTAAGTTGAGTGTTAATTTCAGTCTTGTCCACACCCT

>nucleosomal\_sequence\_148

AGAGGATTGCTCGGATGTAATGGCGTATTCGGCAGCGTATGTTACACCGTGTCCTGACACAGAAGCACTGTTGGAGTAAATGCTACTCGATGTGGCGGCACTGTTACTAATATTCTTCTCTGTTGAACTTGAAGCCTGAGCAGTTTCCGA

>nucleosomal\_sequence\_149

ACTTTGGAGACAATTGGATACCAGCGGCAGCATCGAAGATGGAAGAGTTAGAGTCACCCAAGAAGTCAGAGGAGACAACAGCGTCTTCAGTGTAACCCAAGACACCCTTCAACTTACCTTCAGCGGCAGCCTTGACAACCTTCTTGATTT

>nucleosomal\_sequence\_150

TTGGGACTCTGAAAGCCATACCGGTCAACTTACCTTGCAATTCTGGCAAGACCTTACCGACAGCCTTAGCAGCACCGGTAGAGGATGGGATGATGTTACCGGAAGCGGTTCTACCACCTCTCCAGTCCTTGTGGGATGGACCGTCAACAG

>nucleosomal\_sequence\_151

GATGAGTCATGACTCAATAATCAAACCATGTTGAAAAGGCTGAAATTTCTAACAATTTCCGGACCATATTCCTCATAATCTTTCTTAGTGTGACAGTAGCCTTTGAATTCGGCTGTTTGTGCCAGCAGCGAGCCACCAAACCAGACAGCG

>nucleosomal\_sequence\_152

CTATAGAAATCTAAAATATCTAATCAGATCTTGGAGCTTCCTTGAAGGAGATGGCAGCTTCTTCACCCATGGCAGAAATGATAGTGACCATCAAATCCTTACCTTCATCGAAAGCAGCTTGCATGCTGTCACCCAATTCACCTTCTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_153

GGGGTTGTTGGAAACGTTGAAGGGGAAGCCGGTGACTCTCTCATCCATCAGGATGCCGAAATAGTCACCCAAGTACGTCCCTGTGATACCCAGCTTGTACATGGAACTCAAAACAAGCACTTGCCCCAAACCAAAGAGAGCCACACCCAG

>nucleosomal\_sequence\_154

TTAGTTCACTGGAAATGGTGATTTGATTAGAGGAGATAGATTCTGCGGAAGTGGTTGCTTTACTGAAAGAGAGAGGTTCAGCAGAAGAGGTGATTTCACTGAAAGTAGACCCGAAGGAAGAAACAGGTTCTGTCGTGGTCACTTGACTAG

>nucleosomal\_sequence\_155

TTGCAGCAGAGCTAGATTCAGATGAAACAGTAGCTTGGGTGGAAGCAGCGTTTGAGCTGGTCTCTGCTGAACTTTCAGAGGAGCTAGAAGACTCAGTGGCGGCACTAGAAGCTTCTGAAGTGGAGGTGGAAGAAGCCTCTGTGGTAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_156

TTGTACTCTGCACTTTGAGTATCATTCCAATTTGATCTTTCTTCTACCGGTACTTAGGGATAGCAAATGTCGTCGAACAATGATCTTTGGTTGCATTTAGTATCCCAGTTAAATACTCAACAGAGAGCAGCGGCCCTCTTTGATTACACT

>nucleosomal\_sequence\_157

TTAAGGAGTTAAATTTAAGCCTTGGCAACGTGTTCAACCAAGTCGACAACTCTGGTAGAGTAACCGTATTCGTTGTCGTACCAGGAAACCAACTTGACGAACTTTGGAGACAATTGGATACCAGCGGCAGCATCGAAGATGGAAGAGTTA

>nucleosomal\_sequence\_158

AGACTTTCGTTACTGTTTAAGTCATCGTATTGAGGGGGATACACCAGGTTTTGTTGAGAATTAGTTACTTTTTCCTCATTCCAAGGGTTAACAAAGCAAAATTGAGAATTCTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGGTGA

>nucleosomal\_sequence\_159

CTCACTGGTTTGGGTTGAGGCGCCGTTCAAAGTGCTACAAGATGTCGAGATTGTTCTAGTGAAGGCCGTCTCATCTGTAGAAGAAGCAGCGGAGGTAGGGAAATTACTATCCGTACTACAAGAAGCTGTGATGGTGTTTGTGATCAGATT

>nucleosomal\_sequence\_160

GTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGTGGTGTGTGGGTGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGTGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGTG

>nucleosomal\_sequence\_161

TTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTAGTTGTTGTTGTGGTTGTTGTGGTTGCTGTGGTTGTTGTTGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGTTGGGATTGTTGTTGTGGTTGAGGTAC

>nucleosomal\_sequence\_162

TTGTTGTGGTTGTTGTGGTTGCTGTGGTTGTTGTTGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGTTGGGATTGTTGTTGTGGTTGAGGTACAGTATTAGCTTGATCTTCTGGAGGCTCTGA

>nucleosomal\_sequence\_163

CAGAGTCACTGGAACTTGAGCTTGAGCTAGAAGAAGAAGATGATGATGAGCTAGATTCAGAGTCACTGCTGTCACTGCTGTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTTGAAGATTCGCCGCTAGAACTGGACGAGGAAG

>nucleosomal\_sequence\_164

TTGGGCTTGAGCTTGAGCTTGTACTGGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTAGTTGTTGTTGTGGTTGTTGTGGTTGCTGTGGTTGTTGTTGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGGTTGCTGTGG

>nucleosomal\_sequence\_165

ATGCTGTTGTTGCTGCTGTTGCTGTTGTAGATGATGATGTTGTTGTTGAAGTTGTTGTTGTTGTTGCAACTGGTGTTGCTGTTGTAGCTGCTGCTGTTGCTGCAACTGCTGTTGTTGTTGTAATTGCAGCTGTTGCTGCATCTGCTGCTG

>nucleosomal\_sequence\_166

GTTGTTGTTGTTGTTGCAACTGGTGTTGCTGTTGTAGCTGCTGCTGTTGCTGCAACTGCTGTTGTTGTTGTAATTGCAGCTGTTGCTGCATCTGCTGCTGGTGGTGAGTCAATTGAGGTTGCAGATTGGGTGGTAACAAACCAGGATGAG

>nucleosomal\_sequence\_167

GAATGATGAGTTGGGTAATGGAGGTGTAAGTTGTGAGACAGGTTCATCAGGGTTGGAGTAGGGTAGTGTTAGGGTTGTGGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGTGGG

>nucleosomal\_sequence\_168

AAGAAGAAGATGATGATGAGCTAGATTCAGAGTCACTGCTGTCACTGCTGTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTTGAAGATTCGCCGCTAGAACTGGACGAGGAAGATGAAGAAGAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGG

>nucleosomal\_sequence\_169

GAGTCTGAGTCCGAGCTTGAGTCGGAATCCGAATCTGAATCCGAGGAAGAGCTGCTAGAGCTGGAGCTAGAGTCGGAGTCAGATGAAGAGTCGCTGGAGCTGGAGTCGGAGTCAGACGAAGAGTCGCTAGAGCTGGAGCTAGAACTTGAT

>nucleosomal\_sequence\_170

TTCGACTTGACCTTGGACTGGATCTCCTGCGACATACCTCTGGTCGTTGAAGACAACTCTGCCACGTGGGGCAAAGAAGAAGCATCAGTGACCTTGTTCTCCTCACCGGAAGAGCCGATCTCCTTCGATGCGGTAGAACCTTGCAAGTGC

>nucleosomal\_sequence\_171

TGGTGCTTAGTGATTCGTTGAAGCTGCCCTCGCCTACACTTTCAGCTGCTGCTGGAGTGGATGATTGTGACGGAGAGGACCACCCCACGTGCCAGAATTGTTTCACTGTCAAAACGCCCCTATGGAGAAGAGATGAACACGGTACTGTTC

>nucleosomal\_sequence\_172

CACAATACCGTGCTTCCAGATGGCAACAAATGGAGTGGTACCATCTTCACGGTAGTTCAACATGACAACCATGGCATCTGGGTCCATGGATTCACCAGTGAAGAACTCCCAGTCCTTGAAAGAACCAATAACCTTCTTGACGTAAGTTTG

>nucleosomal\_sequence\_173

AGCTAGGGACGAGGAAACTGGTGATAAAGAGCAAGAACAAGAAGAACAAGAGGGTGCTGACAATGAGGACGACGATGATGAGGATGACGAAGAGGATGAGGAGGACGAGGAGGAGGAAGAAGCTCTAAATGAAACAGCATCCGATGAGAG

>nucleosomal\_sequence\_174

CAATTCTGCTTTGAGTGGAAGATAATTTCTTCACCACTGGATGCTGTTGTTGCTGCTGTTGCTGTTGTAGATGATGATGTTGTTGTTGAAGTTGTTGTTGTTGTTGCAACTGGTGTTGCTGTTGTAGCTGCTGCTGTTGCTGCAACTGCT

>nucleosomal\_sequence\_175

AAAGGAGCAATAAACGACAAACTACCGACAGTCTTTATGAAGAGGAAGTTGACAAACTCAGCGTTGGGTCACTGTTTGGGACTTGATTTCCTGACTGATCCGAGCGAGTCAGAACATGAATACAGGTGCATGTTTCAGACAGTTCAGGAC

>nucleosomal\_sequence\_176

GTCTAGATTAATTGGTCTACATAGCGGCAAGATGTTTGTGTCACCTTCACATGTCAAAGAGGCGTCCAGGTGGTACTTCCCCATGCACTTGGAATTGGTTCAGCGTTCCTCCATGGATAGTTCCTTATTGTACGGTAGCGACCCCAACTT

>nucleosomal\_sequence\_177

TTAACTAACTCGTCCAACTTGAAGGCCCCTTCCTTCCCAGCAGCAACAACTTGCTTCACCAGACGAGGAGAGCTGGACGATTCGGAAACCCACTGGTTCACAGATCCCAAAACAACGAGGTTGAAGGAAATCAATCTCTCCACAGGTGGC

>nucleosomal\_sequence\_178

GAAGATCCACTGGAGCTAGAGTCGGATTCACTAGAAGATTCAGAGTCACTGGAACTTGAGCTTGAGCTAGAAGAAGAAGATGATGATGAGCTAGATTCAGAGTCACTGCTGTCACTGCTGTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG

>nucleosomal\_sequence\_179

GAATCTGAATCCGAGGAAGAGCTGCTAGAGCTGGAGCTAGAGTCGGAGTCAGATGAAGAGTCGCTGGAGCTGGAGTCGGAGTCAGACGAAGAGTCGCTAGAGCTGGAGCTAGAACTTGATTGAGAATCTGATTCAGAATCTGATTCGGAA

>nucleosomal\_sequence\_180

TGGGTTAACAGGTTGGCCATTTTGCATTTGAACTTCAGGTTGGGGTTGACCTTGAGGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTGATTGCTTCTGTTGAGAGTCTTCAGAATGCTGGGCAACACCTTGATTTGGACTTTGCTGTTCCTGACCGTT

>nucleosomal\_sequence\_181

GAGTTTCAAGGACAACCTGTTCCGTGGGAAGTTTGTTTCCAGAGAAGACCCACGACAATCCGCTTCAGATGTGCCGATGGACTCTCCTGACACGTCCGCATTGTCCTCAATCTCACCGTTGAATGTTTCCTCCTCTAAGGAGGAATCCAG

>nucleosomal\_sequence\_182

TTGTTGTTGAGGCGACTGCTGGAAGTGACCTTGATAAGGCGCTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGAGGCTGGGCTTGAAACTGGTTCAAGTATTGGTGAGGTGTCTGGTGAGAAGCATCTCTGTA

>nucleosomal\_sequence\_183

AGGAGAATAATGGTTCACCGTGTTCCTTGAAGTAAGCTTCATCAGCTTCCAACATACCATCGAACCATGGCAACAACTTCTTGGCACAGTGGTCAGAGTGTAAGACAACTGGGATACCGTAAGCTGGAGCAATGGATCTGATGTAGTGGG

>nucleosomal\_sequence\_184

AGACCCAGGCTGTAACGCTGAAGGATTCGTATGTTAGCGACGACGTCGCCAACTCCACGGAACGCTACAACTTGTCCCCTTCTCCGGAGGACGAAGACTTCGAAGGCCCCACTGAAGAAGAAATGCAGACTTTAAGGCACGTTGGTGGTA

>nucleosomal\_sequence\_185

GTACTTTTCTTTAGCCAGGTCCTTGGTTGGGTCGATATAGTTCGACTTGACCTTGGACTGGATCTCCTGCGACATACCTCTGGTCGTTGAAGACAACTCTGCCACGTGGGGCAAAGAAGAAGCATCAGTGACCTTGTTCTCCTCACCGGA

>nucleosomal\_sequence\_186

ACGTAGTCTCTGATACCAGTCAAGTAAGCGTATTGACAGTCAGTGTCCAAGTTGACCTTGACAACACCGTTGTCAATACCAGTGTGGAATTCTTGGACAGTAGAACCGGAACCACCGTGGAAGACCAAGAACAATGGCTTTTCTTCCTTG

>nucleosomal\_sequence\_187

GTCACTGCTGTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTTGAAGATTCGCCGCTAGAACTGGACGAGGAAGATGAAGAAGAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAAGAAGAAGAAGAAGATTTCTCTTCAATCTC

>nucleosomal\_sequence\_188

GCATTATGATGACGGCAACTACAACGCAGAATACTCAGGACACCAAGAAGTCGCAGGACCTGGTCATGAAGCTGTCAAACTCGATGAATGAAGTAGTTCAAATCACCAGCGTGCTGACAATGATCAAGCCATTCAAGATCTTCGAGCACG

>nucleosomal\_sequence\_189

CTGCAAGACAATTGGTGATGAAACTCGACAACGCTAGTTACAGTTCTGTCTCTGCATCTTCATCTCCATCTCCCTCCACACCGACGAAAAGTGGCAAGATGAGATCAAGATCATCCTCACCTGTGCGTCCCAAGGCATACACTCCAAGCC

>nucleosomal\_sequence\_190

CTGATTCGGATTCCGAAGAAGATTCGTCAGAACTAGAGCTAGAGGAAGAAGAAGATCCACTGGAGCTAGAGTCGGATTCACTAGAAGATTCAGAGTCACTGGAACTTGAGCTTGAGCTAGAAGAAGAAGATGATGATGAGCTAGATTCAG

>nucleosomal\_sequence\_191

CATCAAATTCAAGCATAACGAAAAAGGGAAGTAGAAGGTCCAGTGGCTCATCACCCACTCGTCACACCACAAGAGTGTGCGTGTCGTGTCATTCGAGTGATTCGCCCTGTTGGAGGCCATCGTGGTCGCCAAGAAAGCAAGATCAGCTAT

>nucleosomal\_sequence\_192

TGCATTTGCTGCGAAGAAGGAATTTCTAGTTAAGGATCTCACTGAGGAAAGGCACCTAGCCAAGGCCAAGCAGCAGGATGGTTCGCAAGCTGGAGAGGTTCCTAATCCCTTCAACGATCCAAGTATGTCTAATGCTATGATGAACATGGC

>nucleosomal\_sequence\_193

GAATTAGCCCAAACCGTATGCAAATCGACCGGTTTCTTAGTGAATGCAGAAGAACTGCGTTCCACCACTGACTCCAACAAGCCACCTTTTGCGCCTTGTCTTGTCAACGATCCGATTTCTTCATTATCATACAAAGTGACAGTAGAGAAT

>nucleosomal\_sequence\_194

TGGTCGTTGAAGACAACTCTGCCACGTGGGGCAAAGAAGAAGCATCAGTGACCTTGTTCTCCTCACCGGAAGAGCCGATCTCCTTCGATGCGGTAGAACCTTGCAAGTGCAATGGCTTGATCAGGAACTCCCTCAACAGAGTATTAGAAA

>nucleosomal\_sequence\_195

AGGAAGCCTCGTTAGTGCCTTCTTCAATATCCTTTATCAACTGTTTGGTGTCCTTGACAGGCTCTTGGTGCTCTTCTTGCTTCTTCCTCTTGAACCATGACATAAAGTCCCCGTTTGCAGCGGAACTGTGAATACATCTGGCTTTCTGCT

>nucleosomal\_sequence\_196

ACAGCAATCTCAAAACACCAATAATGCGTTTGGTAATCAAAATCAGCTGGGGGGCAGTTCCTTCGGATCAAAACCAGTTGGTTCAGGGTCGCTGTTTGGCCAGAGCAACAACACTTTAGGTAATACAACCAATAATAGAAATGGATTGTT

>nucleosomal\_sequence\_197

GTCAAATCCAAGCTACTACCACTGCTACCACCGAAGCTACCACCACTGCTGCCCCATCTTCCACCGTTGAAACTGTTTCTCCATCCAGCACCGAAACTATCTCTCAACAAACTGAAAATGGTGCTGCTAAGGCCGCTGTCGGTATGGGTG

>nucleosomal\_sequence\_198

AGAGAAGACCCACGACAATCCGCTTCAGATGTGCCGATGGACTCTCCTGACACGTCCGCATTGTCCTCAATCTCACCGTTGAATGTTTCCTCCTCTAAGGAGGAATCCAGTGACACGCAAAGCTCGCCTCCAAACTTCTCAAGTAAGCGC

>nucleosomal\_sequence\_199

TTCAAGCTGCTAAGTCTACTGCCGCTGCCGTTTCTCAAATAACTGATGGTCAAGTTCAAGCTGCCAAGTCTACTGCTGCCGCTGCCTCTCAGATTTCTGACGGCCAAGTTCAGGCCACTACCTCTACTAAGGCTGCTGCATCCCAAATTA

>nucleosomal\_sequence\_200

AGTCAAGGAAACGCAAATGACGAATACGATGCCGAACAAATGCGGTTGAAGGAACACGAACACGAACAGAAACTGCTGGCCAGGGAACAAGAGTTAAGAGACATTGTTGCAAACACCAACGATAAACTAATAGACATATCGATGATAAAC

>nucleosomal\_sequence\_201

CTCATTTCCCACCAACTTGTTTTCCCAGTCGACCCAAAGCGCCTCCTTTGGATTCCAAAGTCCCCTCTGGACACACTTCTGCAGGTCCATCCCGAACGTCGGGTCTGTGTGCTTGTATTTGAGCACTGAATCCAGCTTTGGAATCTGCCT

>nucleosomal\_sequence\_202

AGTTTCCTACTATGGCATTGGAGAATTGGATTCTCAGATTCTCAAACTTCAACCTCTTGGTCGTCGTCATTTGAAAGAGCAGTTCCTCAGGTGTTTCTTGTTACTGCCGTCCCTTCCAGAAGAAATTCGACGATGACAATAGTCGGAGAG

>nucleosomal\_sequence\_203

GTTACCGACTGGGGACATTATGTAGTCCTTCTTGTTCAAGACGTAGTCTCTGATACCAGTCAAGTAAGCGTATTGACAGTCAGTGTCCAAGTTGACCTTGACAACACCGTTGTCAATACCAGTGTGGAATTCTTGGACAGTAGAACCGGA

>nucleosomal\_sequence\_204

AACTTCAGGTTGGGGTTGACCTTGAGGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTGATTGCTTCTGTTGAGAGTCTTCAGAATGCTGGGCAACACCTTGATTTGGACTTTGCTGTTCCTGACCGTTTTGAGTTTGGTAATAGTTGTAATTGTTCTT

>nucleosomal\_sequence\_205

AACCCTGATCAACCTGTCTCCAAACCTACCCTCACATTACCCTACCTCTCCACTCGTTACCCTGCCCCACTCAACCATACCACTCCCACCCACCATCCATCTCTCTACTGTCACCAGCCCACCGTCCACCATAACCGTTACCCTCCCATT

>nucleosomal\_sequence\_206

CGATGAGTTCACCAAATGGAAAATGATCAAAGCTCAACCAAACATCAAGACTGGGTCACAGTCAGCTGAACAGAAAACTTCAAACAATCCTCACTCTCGGTTGTTCAAGGTCGTGCTGACCATATGGCATTATAGCGAGATTTTGCTATT

>nucleosomal\_sequence\_207

TTAAGTGCAGGCGTTGGTTATGCTTCGTCTACAATTGGTTGGTGTGCACCGATGGGTCATGTTGGACCTTGATCATAGGTCTGTACACAGGCTCCCACATTTGGGCTTTGACCCACTGTAAACATTCGTCAAAGTCACGAGGAACCTTGA

>nucleosomal\_sequence\_208

CTGAAGGTAATGATGCCGCTCAAGGAATGGATTTCAGCCAAATGATGGGAGGTGCTGGAGGTGCTGGAGGTGCTGGAGGCATGGACTTCAGCCAAATGATGGGAGGTGCTGGTGGCGCTGGTTCTCCAGATATGGCTCAATTGCAGCAAT

>nucleosomal\_sequence\_209

GGGATTTCAATATCAAATTCTTCTTCAATAGCTACGAGCAGCTCGACAGTGTCCAAGGAGTCCAACCCCAAATCCTTGTGAAATTGGGTATCGCTGGAGATTTGCTTGTTGGCAATGTTGGGAGAGTTCTTATCAAACGCCTTGATAACA

>nucleosomal\_sequence\_210

GTCACACCAAAGGGATCCAATGTGGTGAGACCATACACTCCTGTGAGTGATCTTTCCCAGAAGGGTCACTTCCAGCTGGTCGTCAAGCATTATGAAGGTGGTAAAATGACCTCACATTTATTTGGTCTTAAACCAAATGACACCGTTTCT

>nucleosomal\_sequence\_211

TCTACAAGTACCTCTTCTTTCAGCTTTCACGAAACTTCTACAGCCTCCACCTCCGTTCAAATATCTTCTCAGTTTGTGACTCCATCCTCCCCTATTTCCACAGTTGCCCCTCGTTCTACAGGGCTCAATAGTCAAACTGAAAGTACAAAT

>nucleosomal\_sequence\_212

GAAGAACAAGAGGGTGCTGACAATGAGGACGACGATGATGAGGATGACGAAGAGGATGAGGAGGACGAGGAGGAGGAAGAAGCTCTAAATGAAACAGCATCCGATGAGAGCAATGACGAGGAAGACGAAGAGGATGAGGAAGACGTGAAA

>nucleosomal\_sequence\_213

AGAAGTAAAAGCTGAAGATGATACTGGTGAAGAAGAAGAGGATGACCCAGTGATCGAAGAGTTTCCATTGAAGATCTCCGGAGAAGAGGAGTCACTGCACGTGTTTCAGTATGCTAATAGACCAAGGCTAGTAGGACGCAAACCTGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_214

GGCAGCATGCGGATTTTGGAATCCCCATCGTGAAGGTAGAAGCCCAGATCAGGGTCTTTCTTCATGGAGGTAGAGACGGACGAGAGTGACGTGCTTGGGGTTGAGACGCCGTATGGATTGTACACTAATCGTTCGCTACTGAACTTGGAG

>nucleosomal\_sequence\_215

TTGTAGAGATCGTTAGGAGGAGAATCAATGAAATACGGAAAGCTAGGGACGAGGAAACTGGTGATAAAGAGCAAGAACAAGAAGAACAAGAGGGTGCTGACAATGAGGACGACGATGATGAGGATGACGAAGAGGATGAGGAGGACGAGG

>nucleosomal\_sequence\_216

GCTGCTGCTGCTGCTGCTTGAAGATTCGCCGCTAGAACTGGACGAGGAAGATGAAGAAGAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAAGAAGAAGAAGAAGATTTCTCTTCAATCTCCTTCTCCTTAACACTTAATTTTGGCACTTC

>nucleosomal\_sequence\_217

GACAAACTCAGCGTTGGGTCACTGTTTGGGACTTGATTTCCTGACTGATCCGAGCGAGTCAGAACATGAATACAGGTGCATGTTTCAGACAGTTCAGGACATCCCATCTCTCTCGCAACTGATCTTATTCAACAGCATGCCAAACGTTCC

>nucleosomal\_sequence\_218

CCCTTAATTTGACCAACTCACTTGTTGAAATACTAGGTTTTGTCTCTTGACAGGCTTCCAATAAATCGTTTATTGTGACCACAGCTGTCAGCTCAGAAGCAGCTGAAGTGCTTGTCTTTGTCTCGTGCACCACATCTTGCTGCAATAGAG

>nucleosomal\_sequence\_219

GACTATTCAAGACCGAACACGAAAGCACCACTAACATTTACAATTCCTGAGGGCATTGTCTACTCACGTGGTGGTCAAATTCCAGCTGAGGAAGATGTTCCAATGATTCATTCTTTAGAGCCAACTATGAGAAACAAATTTGAAATTCCA

>nucleosomal\_sequence\_220

AAACGACAAATTTACCGTTTCTGCCATCTACTCTGATTTACCACAACAAGAAAGAGACACCATCATGAAGGAATTCAGAAGTGGTTCTTCCAGAATTTTGATCTCCACTGATTTGTTGGCTAGAGGTATCGATGTCCAACAAGTTTCTTT

>nucleosomal\_sequence\_221

CGCCTACACTTTCAGCTGCTGCTGGAGTGGATGATTGTGACGGAGAGGACCACCCCACGTGCCAGAATTGTTTCACTGTCAAAACGCCCCTATGGAGAAGAGATGAACACGGTACTGTTCTCTGTAATGCATGTGGCCTCTTCCTGAAGT

>nucleosomal\_sequence\_222

CATTGGAAGCTTTAGGAAAGTCCACATTTGTCTTGGATGACTGGAAGAGAAAGTACTCCAACGACGACACCAGACCAGTTGCTTTGCCATGGTTCTGGGAACACTACAACCCTGAAGAATACTCCATCTGGAAGGTTGGTTACAAATACA

>nucleosomal\_sequence\_223

AGACCGACAATAGAACCTCTTGACAATAACGATTTATCCAACACCTGATCATAATTGAAATGCTCGGCCTCCTCGTTCTCTTGACTGTCATCTTCATGAACAATGGTGTGCAAGTTATCAAACAAACCATTCGGATCGAAATGAACGATA

>nucleosomal\_sequence\_224

TTCTAAACAATAATTTAGAGCCAGCATGGTATCCGCAGTTTCACCACTTTGTGAAACAAACACGCATACATCGTCTCTGAAGACAGGGCATTTTCTGTCCAGAAAGTCAGACGCTAATTCCACACTAACTGGGATATCTGATAATTCTTC

>nucleosomal\_sequence\_225

CCTAATTGACTTATTAACCAGAAGGAAATCAGAAGGCGAGTGTTGTGACCTAAACAAGTGCACTCCGCTCTTGCAATCAGAGCAGCCAGAATATATTGCATGTGTCCCACCAGTGATAAAGTCTTCTCAAAGTGAAAGAAACGTGCCACA

>nucleosomal\_sequence\_226

ACTTCTCATGGCTACCCCAACGAAGCCAGACAAGATCTAGGAGATGTCTCCACCTTCCGAGCTACACTCTCACATCTCTTACATAGACACTGTGAAGTAAGTGATTGCACACAATCCAAAGAAGCACATCAAATAATATGTAAATATTAC

>nucleosomal\_sequence\_227

GTATTAGAAATGTTGGCGACGTAGTCGACGAAGAACCACACCAGCCAGATCCCTGGCGTGTTGGAATGTGATTTCCAATTGTACAGCAAGCCGTCGACACCCTCCTTGAACACCAAGAGGTTAACTAACTCGTCCAACTTGAAGGCCCCT

>nucleosomal\_sequence\_228

ACACCCACACACCACACCCACACACACACACCCACACCCACACCCACACACACACACCCACACACACCACACCCACACACCACACCCACACCCACACCACACCCACACACCCACACCCACACACCCACACCACACCCACACCCACACACA

>nucleosomal\_sequence\_229

GTGTGTGGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGTGTGTGTGTGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGTATATCTATGTCACCTTATTGCATGCTGGATGGTGTTAGACAAGGCC

>nucleosomal\_sequence\_230

GCCTTGTCTAACACCATCCAGCATGCAATACAGTGACATATATATACACCACACCCACACACCACACCCACACACACACACCCACACCCACACCCACACACACACACCCACACACACCACACCCACACACCACACCCACACCCACACCAC

>nucleosomal\_sequence\_231

TCTTCAAAGCCGGTTGATGGTCTCCGCTGCCGTTCATGATACGTGTCTTCATGACGTCTGCTGGAGAGCACACAGTGGTGGCCACCAGGCCAGCCAACAGGGACGCTGTCAAGTGTGTATAGTTCTTGGATGCGTCGAAATCTAATTTTG

>nucleosomal\_sequence\_232

ACCCACACACCACACCCACACCCACACCACACCCACACACCCACACCCACACACCCACACCACACCCACACCCACACACACCCACACAGTACCTCAACACAACCCCTAATCCAACCCTGATGAACCTGCCTCCAAACCTACCCTCCATTA

>nucleosomal\_sequence\_233

ACTAAGTTTACAACAACAAAGCAGCGGCACCAGCCAACAAAGCACCAGCAGCTGGCAAAGCCTTAGCAGCAGCACCAGTGTAAGAGGTGACAGAGTGAGTTGGAGCAGCAGAGGTGGTGTTCTTTGGAGCTTCAGTAGAGGTAACTGGAG

>nucleosomal\_sequence\_234

GGTCATCATGCCGTGCTGTTGGTACTGTCCATTCTGTGGAGGTGGTACTGAAGCAGGTTGAGGAGAGACATGATGATGGTTCTCTGGAACAGCTGATGTCCCAGGTGTTGTCTCTTCTTGAGAATTAACCTTAGTGGAATCTCTATCAAA

>nucleosomal\_sequence\_235

TATACTTCACGCTGTTTCATTCTATGTTCTGACAATTCTTTGTTCCTCTGTTCGACTTGGGGGGCAACTGGTTGTTCCACATCTGGGTCTTGTTTCTTCAGCTGTGGCGTTGACTCAACTTCTTCTTCTGGCTTCATGGAATCTCTACAT

>nucleosomal\_sequence\_236

GTGTTATTAACGGACCCACGCACAGTGGTGCTATCCATAATTTGCTGCTGCAGGGCCTTCAGGCCCTGCACGCTAGCACACACCTTGGCGTCTGCAGTAGTGGTCTCCTTCTCAGTTTTGCTGCACCATTTGAAAGTGTTTGTCCACATT

>nucleosomal\_sequence\_237

GTTGGTTGGTGGGAACTGGAAGTGAAAGTTCTGTTCTTTAGGGTGCAGCGGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTGGTTGGATTGATGCTTGTGATGTTTGTGGTGCCTGTGGTGCTTGTGGTACAGTTTTGCTGCCAGT

>nucleosomal\_sequence\_238

CAGCCAACAAAGCACCAGCAGCTGGCAAAGCCTTAGCAGCAGCACCAGTGTAAGAGGTGACAGAGTGAGTTGGAGCAGCAGAGGTGGTGTTCTTTGGAGCTTCAGTAGAGGTAACTGGAGCAGCAGTAGAAGTACCGTTCTTTGGGGCTT

>nucleosomal\_sequence\_239

ATCATCGACGTCTTCTACGCAAACGTCAACATCATCTTCATCCTCACTGTCGTCAACGCCGTCCTCTTCATCATCCCCATCAACAATCACTTCTGCACCTTCAACCTCCTCCACACCATCCACTACTGCCTATAATCAAGGAAGCACTAT

>nucleosomal\_sequence\_240

TGGAACATCCTAGAATTAGGAATTTCTGTTTGACCGTTCTCGTTCCCCTCTTCTCCATTGCTCACATCAGACTCAGGCTCAGACTCAGACTCAGACCCAGATCCATCGTCACCTGCCAGAAGAGCGTCCCCAAACAGATTACCAGAATTC

>nucleosomal\_sequence\_241

CATCCCAGCAATGATCTGAGGAAACCACATCACTACACATCTGGCTGGTGAGATGGCTCTGGCCAAACACAAAGAGAGAGAAACGGCTGGGTTCAAAGCCCCACCAGAAACACCAGATAGAAAACATCACAGAGAAACCGAAACCAAGGG

>nucleosomal\_sequence\_242

CATCGGACAACAAGTTCATAACGTAACTACCTCTCTTGATAGCATCTTCAACAGTGAACAAGTTCTTGCCTGGAACCCAACCGTCTTCGATGGCAGCCTTCCAAGAAGCACCATCTTTACGGACACCAATGATAACGTTCAAACCGTTGT

>nucleosomal\_sequence\_243

TATAGGATTTGGAGTAGGGTAGTAAATATAAGGATTCTCCTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGGTCTTCTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGCTGGGGAGCAGAGAGTGGTGGAGGTGGCATAAACATCATTGGGTTGGGGTA

>nucleosomal\_sequence\_244

TCTACTCTACACTTGGTCTTGAGATTGAGAGGTGGTGGTAAGAAGAGAAAGAAGAAGGTCTACACCACCCCAAAGAAGATCAAGCACAAGCACAAGAAGGTCAAGTTGGCTGTCTTGTCCTACTACAAGGTCGATGCTGAAGGTAAGGTT

>nucleosomal\_sequence\_245

TACCCACAGTCATCAACTGGTCCTTGTGGAAATCCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTCCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGAAGCTGTCTCTTTGGGACGAGGCTGCTTGCCCATTCCAGTTGTGCGTCCATTAAGTCTTGTTTGTTCCTGT

>nucleosomal\_sequence\_246

AGAATCCTCTTCCACTTATGTCTCTTCGAGCAAGCAAGCTTCCTCCACTAGCGAGGCTCACTCTTCCAGTGCTGCCTCTTCGACCGTGTCCCAAGAAACAGTCTCCTCTGCTCTACCAACTTCTACCGCCGTTATTTCTACTTTCTCTGA

>nucleosomal\_sequence\_247

GACAATTCTTTGTTCCTCTGTTCGACTTGGGGGGCAACTGGTTGTTCCACATCTGGGTCTTGTTTCTTCAGCTGTGGCGTTGACTCAACTTCTTCTTCTGGCTTCATGGAATCTCTACATTCTTGTTGGAAAGAGTCGATGATTTCCAAT

>nucleosomal\_sequence\_248

CTGGTAACGAGGGTGCTATCAGAGACAAGACCGCTGGTAGAAGAAACAACAGATCAAAGGATGTCACTGACTCTGCCACCACCAAGAAGTCCAACACCAGAAGGGCCACTGACCGCCACTCTAGAACTGGTAAGACTGACACCAAGAAGA

>nucleosomal\_sequence\_249

AGATATTTTGGATTGCTTACTGGACGCTGAGGGTTTGTTTGTCGTGAGTGTTGGAGGAGGAGGAGGAGCCGATGGTACTGACGTTGCAACCGAAGGAGGAGGAGGAGGTGGTAGTGGTGCTAAAGGAATAGATGATGCTGACAAGGCAGA

>nucleosomal\_sequence\_250

CTTGGATAAGATGGTCAGACGATACTTGTACAGTAGGCCCTCGCTGCTGCGACTGCGACTGCGACTGTGACTGTGACTGTGACTGGGGTTGTGGTTGTGGTTGTGACTGTTGTTGTTGTTGCTGCTGTTGTTTTTTCTGCCTGGAAGTAT

>nucleosomal\_sequence\_251

TGACCGTTCTCGTTCCCCTCTTCTCCATTGCTCACATCAGACTCAGGCTCAGACTCAGACTCAGACCCAGATCCATCGTCACCTGCCAGAAGAGCGTCCCCAAACAGATTACCAGAATTCTGTACTTCCATGTTGTATACAGCTTGTGCG

>nucleosomal\_sequence\_252

GACTTGGTCTTGTCGAACACGCCATACTGGTCACAGTCCATCACAGAACCGCAGTAGGGGTTTCCCTTGCCAGGAACCCATAAGTCAGCTGAGCCTGTGTCTAACAGCACAGTGAGGTTTTGTGAAGGTGTACCAATGGCTAGCTCAACA

>nucleosomal\_sequence\_253

TACCACTGAAAGTACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGCCAGCACCAACGTCAGGACTAGTGCTACTACCACTGCCAGCATCAACGTCAGGACTAGTGCGACTACCACTGAAAGTACCAACTCCAACACTAGTGCTACTACCAC

>nucleosomal\_sequence\_254

GAAATTGAAGATTTGGTTGACAGAATTGAAAACCCAGAAAAGTACGCTGCTGCTGCTCCAGCTGCTACCTCCGCTGCTTCCGGTGACGCTGCTCCAGCTGAAGAAGCTGCTGCTGAAGAAGAAGAAGAATCTGATGACGACATGGGTTTC

>nucleosomal\_sequence\_255

TTGAGCCGTCTGGAAACATCGCTGCTATATCACCAATCAATCCGACTGCTGCTCTTGAGGTAGCATCCTCACTGTACAGCTGAGGATCTTCTGCAACTTGTGCAATGAACTGGAATATAGTACCAACATAAGGGAACAGAGCTTCAGGTT

>nucleosomal\_sequence\_256

TCACATCCTCGGATCCAATCTTAGTAACAGCATCGCCACTATCGCCTGCACCGCCAGCACCAGCAGCAGCAGCCTTTTGCTCATCATGCTGGTGCTCATTCGTCGGTGTAGCAGTCTTATCCATTCTTGCGGCGTCGTCCTCACCATCGT

>nucleosomal\_sequence\_257

CCATTGCGACAGTGTTCCAAGGGACTCGTGCTCTTTCGATTGCCATCACTGCACCGAACACGATGATGTGTACACATGTTCCAAACTTTCCCAGACATTTGACGATGGTCCTTCTGCTTCCACTACTAAATTATTGGACCGGTTGAAGCA

>nucleosomal\_sequence\_258

CTGTTCTTTAGGGTGCAGCGGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTGGTTGGATTGATGCTTGTGATGTTTGTGGTGCCTGTGGTGCTTGTGGTACAGTTTTGCTGCCAGTTTGCTGCGAGTATGTAATTATGGGGTGAGC

>nucleosomal\_sequence\_259

GTCATCGACGGTGACGGTAGCGGTGGAAACCAAAGCTGGGGAGACAGTTTCAGAACAGACGTGGTCTTCACAAGAAGTGATGGTGACCAAAGTGGTAGATTCTTGGCTGACAGTAGCAGTGGTAACGTTAGCAGCGGCAGAAGCGACAGC

>nucleosomal\_sequence\_260

ACTCTTGCCCTGAAGAGGACTTCTTTGTCGCTATCCTTAGCCTCATCCAAGTCAACAAACTTGACACGCTTCTGACCAGTTCTGTCAGAGTCACGAGACTGGATCAATGGCAACTTACCGTAGTTGTCCTTTGCGGTGTCTTCGGCAGCG

>nucleosomal\_sequence\_261

TGATGTACACCCTCTCATCGAGATTGAGTTTCAATAAATCCAAAGGTGTCTCCATTTTCTTGAGTGTGCGTGATGTTGTGTGTGTGTGTGTATTTATCTGCGTGTCTCTCCCCTGTTGTATTGGTTGCTAGAATGGATGGAAACATCCTG

>nucleosomal\_sequence\_262

TCTATAGAAGATGCCAATGAACCTGCGGAGGATTCCAATGAACCTGTGGAGGATTCCAACAAACCTGTGAAGGATTCCAACAAACCTGTGGAGGATTCCAACAAACCTGTGGAGGATTCCAACAAACCTGTGGAGGATTCCAACAAACCT

>nucleosomal\_sequence\_263

GAATGCCAGAATTGATTCCAGTCTTGTCTGAAACCATGTGGGACACCAAGAAGGAAGTCAAGGCTGCTGCTACTGCCGCCATGACCAAGGCTACCGAAACTGTTGACAACAAGGATATTGAACGTTTCATTCCAAGTTTGATTCAATGTA

>nucleosomal\_sequence\_264

ACTAATAGTAATCTTGGTCTGAACATTGTGTTCCGTCTGATTGAAACTGAGGACACCAATGTCAGATTGACCATTGTGGTGACTTCTAGAACGCTTCCTCGAGTGCAGGAGGTGATTAACCAGATTAAAGATTTTTACAACAAATCAGGC

>nucleosomal\_sequence\_265

GTAATGGCTGTGCATTCAGCGATTAAAGTCCCGTCATCAAGTTCAAGCACTGGCACTGTGCCTGAATAGTTCTTGGCAAGAAATTCAGGCTTCTTGTGCTCTCCCTTCCAGAGGTTGATCCTCACAAATTGCACACTTGATAGCATGTTC

>nucleosomal\_sequence\_266

AATTCTCAACAAGAGACAACACCTGGGACATCAGCTGTTCCAGAGAACCATCATCATGTCTCTCCTCAACCTGCTTCAGTACCACCTCCACAGAATGGACAGTACCAACAGCACGGCATGATGACCCCAAACAAAGCTATGGCCTCTAAC

>nucleosomal\_sequence\_267

ATGAAATCGAGGCTAGTTTCAAGATAACTTGTCTCATCTCATGGCTGAATCCAGTGAGTTCCATGTAGCCACCCCTTTGACCACATTCACCAGAAACACCCTTAGAAGTCGAATGCAAAGAAGCTAGCTGAACATTATCGAATTTACCTG

>nucleosomal\_sequence\_268

ACTAACGAACCATTGACTGAAATCAAGAACGTTATTGTCTCTAACAGAGTTGCTGCTCCAGCCAGAGCTGGTGCCGTTGCTCCAGAAGACATCTGGGTTAGAGCCGTCAACACTGGTATGGAACCAGGTAAGACTTCTTTCTTCCAAGCT

>nucleosomal\_sequence\_269

ACATACGAGTTCGTCTACCAGCATTGCCTCCATATCGTTCACATCATTCAGTTTCTCATCAGATTCAAGCACCAGCAGCTCTTCCTCTGCTTCTTCAGATTCTTCATCCTCCTCATCCTTTTCCATCTCTTCGACATCCGCAACTTCTGA

>nucleosomal\_sequence\_270

ATCCAGCATGCAATACAGTGACATATATATACACCACACCCACACACCACACCCACACCACACCCACACCCACACACACCACACACCCACACACTCTCTTACATCTACCTTTACTCTCGCTGTCACACCTTACCCGGCTTTCTGACCGAA

>nucleosomal\_sequence\_271

AAACTTCCAACAACAACCACAATACACTCAAAATTATCAACAACAACCACAATACATTCAACCTCATCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAACAGGGATATACTCCTGACCAAGGTGTAAGCTTAATTGATCTTTG

>nucleosomal\_sequence\_272

TTAAACGAAAGATAAATTTTGAATTAAGGCGGTCGTTACATCATACCTGGCATTCCTGGCATACCACCTGGCATACCACCAGCGCCAGCAGCTGCTGGTGGTTCTGGGGCATCAACAATAGCAACTTCGGTAGTAGCTAATAGTGAGGCA

>nucleosomal\_sequence\_273

GGTGCTCATTCGTCGGTGTAGCAGTCTTATCCATTCTTGCGGCGTCGTCCTCACCATCGTCGTCCTCCTGTTCATCGTCGTCCTCTCGTTCGTCCTCGTCATCATCATCGTCCTCATCATCATCATCGTCATCCTCTTCATCTTCACCAC

>nucleosomal\_sequence\_274

CTATTTTCTTCTTCTTCGATTTTGATTTAGATTCACTGCTTGCCGATGAAGATGGAGGCTGGGATGATGTTGACTGAGGACTTGTCACAGTAATGTTCACATTGGCAAGTGGTGACTGAGAGTTGAATTCAGTTGAAACGTCTCTATTAA

>nucleosomal\_sequence\_275

GTTGGTAATGTGCCCAGTTAGAAGCCATAGCTTTGTTTGGGGTCATCATGCCGTGCTGTTGGTACTGTCCATTCTGTGGAGGTGGTACTGAAGCAGGTTGAGGAGAGACATGATGATGGTTCTCTGGAACAGCTGATGTCCCAGGTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_276

ACAGGGATTACTACGTCATCTTCTATATGCTTAAACCTGAGAGACTTGATCTTCTTGGTTTTGTTCACTTGCAATGCTGGCGCCTCTGAGGCACCATTGGCTGGCAAGTCGATGGCATATAGATCTTTAATGTTGTCTGACAGGTTCTCA

>nucleosomal\_sequence\_277

ACTTTTCGGATATTTTACAGGGCGATCGCTAAGCTTAATCAACTTCTTCGACAGTTGGACCTTCAGCTTCTGGAGCTGGAGGAGCACCACCTGGGAAACCACCTGGAGCTGCGCCTTCTGGAGCACCACCAGCTTGGTACAATTTAGACA

>nucleosomal\_sequence\_278

GGCATAAAAAGGCGAGGACTTGTTGGCTTTGAACGTGGACGACTTGGTCTTGTCGAACACGCCATACTGGTCACAGTCCATCACAGAACCGCAGTAGGGGTTTCCCTTGCCAGGAACCCATAAGTCAGCTGAGCCTGTGTCTAACAGCAC

>nucleosomal\_sequence\_279

TACCACCGAAAGTACCGACTCCAACACTAGTGCTACTACCACTGCTAGCACCAACTCCAGCACTAATGCCACTACCACTGCTAGCACCAACTCCAGCACTAATGCCACTACCACTGAAAGTACCAACGCTAGTGCCAAGGAGGACGCCAA

>nucleosomal\_sequence\_280

GCTGGAGTTGGTAGTCGCATTGGTACTGGCATTAGCACTACCATGAATGCACGTGTTGCTGTCCTCATCACTGCTGCAATACTTTCTGCACCTGTCACTGCTATTGCTCTCCTGGAAGCTAGACGGTAACGCAACGATCGACATGGAAGC

>nucleosomal\_sequence\_281

AAACCCAAGGTAGAGCGTATACTGGAAGCGGAGTTGGTAGCAGCCCTCTGGAGTGCCCTCTTGCTTTTATGAGTCGACTTTGCAGTAGTGGTAGAGTTTGTCTTCTTGGTGGTGGTTGACCTCGTAGTGGTGGCAGTACTGGTGCCATTG

>nucleosomal\_sequence\_282

CAGTCATGTGGAAGATAGCCAAAATCACGTGAATGCCATCCCAAGAAGGAATTCTCTGTTGAGCAGACCCACTTTAAGAAGCAACAATGGTTCTTCCTCTGCCAACCCCTTTGCTATCAATGTTTCTCCTGCATCTCAAATCAGGGATGG

>nucleosomal\_sequence\_283

GTGTGTGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGTATATCTATGTCACCTTATTGCATGCTGGATGGTGTTAGACAAGGCCGTAGGGACATATAGCATCTAGGAAGTAACC

>nucleosomal\_sequence\_284

ACTACGGTGACTTCACCACCATGTTGACTGGTATTGCCCCAGACCAAGTGACCAGAATGATCACCGGTGTTCCATGGTACTCCAGCAGATTAAAGCCAGCTATCTCCAAGGCTCTATCCAAAGATGGTATCTACACTATCGCAAACTAGG

>nucleosomal\_sequence\_285

TTTCGATGGTGGCCTGCATAAAATCAGGCCTTTGAAACGGAGCTTCCCCATCTCTTAGGATCGACTAACCCACGTCCAACTGCTGTTGACGTGGAACCTTTCCCCACTTCAGTCTTCAAAGTTCTCATTTGAATATTTGCTACTACCACC

>nucleosomal\_sequence\_286

TACTAAATTCATTAGATGTTCTAAAATCGTAAATACGATTCATCTGTGCAGACTCTTCACTGCTAGTGTTCGATAGGACATCTGCATCGAAGTCCTCGTCGTCCTCTCCTGCAAAGGAGCTTTCATGCAAACTATCCAAAGATATTTCTG

>nucleosomal\_sequence\_287

CATCGTCGATGCTGAGCTATCAGTTGCTTCCGCACTCCAATGATGTGTCCCGGTCGAACTCCAGCTCGAGCTTCCTTCCCTCCGTGCAGCAGCCTACGGAAGGTTCCGCTTCTGCATCGGAAACTTCTTCATCTGCATCACCTTCACGTT

>nucleosomal\_sequence\_288

TCGTATCTGTGCCAACAAGTACATGACTACTGTCTCCGGTAGAGATGCTTTCCACTTAAGAGTCAGAGTCCATCCTTTCCATGTCTTGAGAATCAACAAGATGTTGTCTTGTGCCGGTGCGGATAGATTGCAACAAGGTATGAGAGGTGC

>nucleosomal\_sequence\_289

GGTGGTGGTAAGAAGAGAAAGAAGAAGGTCTACACCACCCCAAAGAAGATCAAGCACAAGCACAAGAAGGTCAAGTTGGCTGTCTTGTCCTACTACAAGGTCGATGCTGAAGGTAAGGTTACCAAATTGAGAAGAGAATGTAGCAACCCA

>nucleosomal\_sequence\_290

TACCATCCCAAGGTTTGAATGGTTTCAACAGTTGTAGACGGTCTGAAGTTGGAGAAACTTTAACTTCAACGGTGCTACGGTCTGCAGGTGGAGCTTGGTAAGTGTTCTCACCAGCATCATAACCTCTTTGAGGCAAACCATCACCATGTG

>nucleosomal\_sequence\_291

TAGCTGGCCGTTTCAGAGGTAAGAGAGTTGTCTACTTGAAACATCTAGAAGACAACACTCTATTGGTCACTGGTCCATTCAAGGTCAATGGTGTTCCATTGAGAAGAGTCAACGCTCGTTATGTCATTGCTACCTCTACCAAAGTCTCCG

>nucleosomal\_sequence\_292

TGGCCGCTCGTGTCGACATTGGTCAAATTATCTTCTCTGTCAGAACCAAGGACAGCAACAAGGATGTTGTCGTTGAAGGTTTGAGAAGAGCCAGATACAAGTTCCCAGGTCAACAAAAGATTATTTTGTCTAAGAAGTGGGGTTTCACCA

>nucleosomal\_sequence\_293

CATATCGTTCACATCATTCAGTTTCTCATCAGATTCAAGCACCAGCAGCTCTTCCTCTGCTTCTTCAGATTCTTCATCCTCCTCATCCTTTTCCATCTCTTCGACATCCGCAACTTCTGAATCATCGACGTCTTCTACGCAAACGTCAAC

>nucleosomal\_sequence\_294

CTCGATGCATAACCCTGGTCGACCCGCTGTCTGATTCGCATACCCACAGTCATCAACTGGTCCTTGTGGAAATCCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTCCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGAAGCTGTCTCTTTGGGACGAGGCTGCTTGCC

>nucleosomal\_sequence\_295

GTCTGAAGTTGGAGAAACTTTAACTTCAACGGTGCTACGGTCTGCAGGTGGAGCTTGGTAAGTGTTCTCACCAGCATCATAACCTCTTTGAGGCAAACCATCACCATGTGGTGGTTTCAACATGAACTCATTACCATCCTTGTCCTTTAA

>nucleosomal\_sequence\_296

CGTTCATGATACGTGTCTTCATGACGTCTGCTGGAGAGCACACAGTGGTGGCCACCAGGCCAGCCAACAGGGACGCTGTCAAGTGTGTATAGTTCTTGGATGCGTCGAAATCTAATTTTGTGACCAAGTAGTTCTTAAACACGTCATACG

>nucleosomal\_sequence\_297

TTCTCTATGTGAATAATAAATAGCCTTGAATCTTTCTAGTAGTGGAGTAGGGTCAAGATTAGGATGTGTCCTGCCCCATGTTCTGCAGTCTGGTGGTTGAGAAGGTATGCCAGGTGGTTTATTAACTATGAAGTAATGCGTGTTTTCAAA

>nucleosomal\_sequence\_298

ATTTCAGTCAAATTCCAGATTATAAGGAATATGATCAAAACCATTGCGACAGTGTTCCAAGGGACTCGTGCTCTTTCGATTGCCATCACTGCACCGAACACGATGATGTGTACACATGTTCCAAACTTTCCCAGACATTTGACGATGGTC

>nucleosomal\_sequence\_299

TACCTAAAATGATATCCTTCAAAGATATGTTTAATGAATATGCAGCCACAGCTTTGAATTCAGATTGACCTTGTGTTGCATTAAGTCAGACACCTCTAGATTTGTGTGGCTGCTCTCAAGAAAGGATGTTGAAGAAGATTTATTTACGGA

>nucleosomal\_sequence\_300

ATTACACCAGAAGAGGCAAGAAGAAGCCCAATTACAACAGCAGCAAGCCCAATTGCTACAACAGCAAGCCCAGTTCCAGCAACAACAACCCTTGAAGCAAACAAGGACTGGGAACCAGTCTATATCGGATAAATACAGCGACTTGAATAC

>nucleosomal\_sequence\_301

AACAGATGTGGTCGTCGTTCTTTCCATGTTCAAAAGAAGACCTGTTCCTCCTGTGGTTATCCAGCTGCTAAGACCAGATCTTACAACTGGGGTGCCAAGGCTAAGAGAAGACACACTACTGGTACTGGTAGAATGAGATACTTGAAACAC

>nucleosomal\_sequence\_302

AAGCTTCATGCTTTGGATACTCATCGATACATTCAGACTCCCCCACACCCAAGTGGAGATCCGCCAACTGAACAATTTTGAACTTTCCTTCATCAGTTTCTTGCAGCCGTTGAGCTCCTGTGTCTACAGGACGAGTACCAACGAATTTGT

>nucleosomal\_sequence\_303

CTGACGTTGTCGTTTTGCCACCAAAGGAAATCGTCAAGAGCAACACTTCCTCCAAGAAGGCTGACGTCCCACCTCCATCCGCTGACCCATCCAAGGCTAGAAAGAACAGACCAAGACCTTCTGGTAACGAGGGTGCTATCAGAGACAAGA

>nucleosomal\_sequence\_304

GGGTTGTCCCGCACCATTCAACGGCGGCTATCTGGCGATGTTGAAAGAGGGGGGGAGTGGAGAGGGCTCTGAGGGTCAAGTGGGAGGCTGTGACAGTTCTCATAAGCTGGGCACTGAGATACATGGAAAGAAATAGGCTGTTCACAGTGT

>nucleosomal\_sequence\_305

CCTTAGCATTCTTCAAGACTTGAGTTTGGTATTCCTTGAATTCTGGAGTGGCAGCTTGCTTCAAAGCAGTGGCCAAAGCAGCAATGGTATGGTTGTGTGGACCACCTTGGTGACCTGGGAAAACAGAGAAGTTAATTGGGTTTTCCAAGT

>nucleosomal\_sequence\_306

CCAAGAAGGAATTCTCTGTTGAGCAGACCCACTTTAAGAAGCAACAATGGTTCTTCCTCTGCCAACCCCTTTGCTATCAATGTTTCTCCTGCATCTCAAATCAGGGATGGTTTGTACTGGGATAGGTCGGTCCATGATTTACGTGAGCTA

>nucleosomal\_sequence\_307

CCAAAGTAACGCAAACACTTGTCTTTCTCTTTCTCTGTTTTGTTCCGCCAGCTGCAAAGCTGCCTTTGAAGTGTTCTGTGAGTCCATGCTCAGGACTTTGATTTCTGCATGCTTCACGATCTGCGCATACTCCTCGATGGTTTTAGATTT

>nucleosomal\_sequence\_308

AGCAGCATCAACATATCTATGTTCAAAAGTCAAAGAAGATATCAACTCTTCTGCGACTGACTCAACTTCCTCTGGGAATTTCTGAACAGCGATGGACATGGCCTCACGCCATCTTTTCGCTGATTGGTATGCCCCCATTGCTTCTTTGAG

>nucleosomal\_sequence\_309

TGTCTTGTCCTACTACAAGGTCGATGCTGAAGGTAAGGTTACCAAATTGAGAAGAGAATGTAGCAACCCAACTTGTGGTGCTGGTGTTTTCTTGGCTAACCACAAGGACAGATTGTACTGTGGTAAGTGTCATTCCGTCTACAAGGTTAA

>nucleosomal\_sequence\_310

ATATTCTGTCACAATTATCAAGCAGCAAGTTATATAAAGTTGTTTCTCACAGCTTCTTGCACTCCCTTGCGGTGCCTTTCCTGCACCACTAGTGTAACTGCTGATGTCTTCCATTTGATGTCAGAATCGATTTCTTGTTACGCCACGAAC

>nucleosomal\_sequence\_311

GTGGTGGGTGGAGAATCATCCATAATGAGGACGACAACAACAGTCATGTGGAAGATAGCCAAAATCACGTGAATGCCATCCCAAGAAGGAATTCTCTGTTGAGCAGACCCACTTTAAGAAGCAACAATGGTTCTTCCTCTGCCAACCCCT

>nucleosomal\_sequence\_312

TTTACTATATACTTTTGCTGTGTATTTCTATATGAGGCTAGTTGGTTGGTGGGAACTGGAAGTGAAAGTTCTGTTCTTTAGGGTGCAGCGGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTGGTTGGATTGATGCTTGTGATGTTT

>nucleosomal\_sequence\_313

GTAAAGAGAACCTTGCCTGGAGTCATAGCACTAGCGGCACCACCAGCAGCCATCCCAGCAATGATCTGAGGAAACCACATCACTACACATCTGGCTGGTGAGATGGCTCTGGCCAAACACAAAGAGAGAGAAACGGCTGGGTTCAAAGCC

>nucleosomal\_sequence\_314

CGTTCTCTAGGCTGATGGTAGGCAGGGCGATGCCATACTGGTGAAGTGTGGTCCGTCGGTCTGTCTCCTCCAAACGTTGATGTTCTCCTGGTAGCTTTCTCATCACCGTCAATATTACAAGTGTAAGAATGAGAAATGCTCTATATGAGG

>nucleosomal\_sequence\_315

TGAATTTGTGACCCTTGTTGATACCTCTGGATTTCTTACCAGTGGCAGTCAAACCTCTAGCTTCACGGTGCTTGTGAACTGGGTCACAGATCCAGTTGTAACGAGCATCTCTTCTGATAGCCTTGTGTTGAGGGTCGACCAAGATAACTT

>nucleosomal\_sequence\_316

GATCCTGACTTCCAAGCTGCCTTACAACTAAGTAAAGAAGAAGAGGAGTTGAAGCAATTGCAGGAACTACAGAGATTACAGAAGCAACAACAGTCTCTGTCTCAATTTCAAGCTCCTTTACAACAACAACAACCACAACAACAACCAGCG

>nucleosomal\_sequence\_317

TGAATCAACAAGGTTCTTCGACCCCATCTACAGCTACCGATGCAAATGCCGCCTCAACTGCTTCCACTCACACAAACACCACGACATTCAAAAGACACATTGTTGCCGTGGATGACATATCGAAAATGAACTATGAAATGATAAAGAATT

>nucleosomal\_sequence\_318

GTGTCTATTGATGAAGGATCACGGCCTCTTGGCTAAGCCCACCCACGACCACATCATCAGATTGGCTCCTCCTTTGGTCATCTCCGAAGAGGACTTGCAAACCGGTGTCGAAACCATTGCCAAGTGTATCGATCTGTTATAATATTAATA

>nucleosomal\_sequence\_319

ATGAGATCCAAGAATCCAATGATCTTAACATAGAATCTGACCATGACTTCCAATCTGACATTGAACTACATCCTGAGCAACCGAGAAATGTCCTTTCAAAAGCTGTGAGTCCAACCGATTCCACACCTCCGTCAACTCATACTGAAGATT

>nucleosomal\_sequence\_320

GTTGCCAGGTTTGAAGAGTAACTTTGCTACCATTGCTGACCCAGAAGCCAGAGAAGTTACTTTGAGAGCTTTGAAGACTTTGAGAAGAGTTGGTAACGTTGGTGAAGACGATGCTATTCCAGAAGTTTCTCACGCTGGTGACGTTTCTAC

>nucleosomal\_sequence\_321

TTATCTGTAGGTTTAATGTTTTTTGAGTCCAGGCCAATTGTTGGAGTTGGGGGAGGGGGTGGAGCTTGTGGAGGGTTGCTAACATGTGTTGGCAGAGACGCTGAAGGCAAAGGGGGTGCTGACACACTAGGAAGAGAAATATTAGAGCTT

>nucleosomal\_sequence\_322

ATATAGATGCAGCAGAAGAAGAAGAAGAAGGAGAAGTTCTTCTTCCCCCCAGCAGACCTACATCTGCCAGGCAGTTACATTTATCACTTGAAAGAGATGAGTTTGATCAGACACATAGAAAGAAGATTATTAAAGATGTACCTGGTACGC

>nucleosomal\_sequence\_323

CTTGGTCTTGTAAGAGTAAGAGAAAGAACCGGTGTTGAAATCAGACAACAAAGCACCGACAGACAAAATCAAGTCAGCAGATTCAACGGCTTCCTTAACTTCTGGCTTGGACAAGGTACCGACGTAAACACCACCGTATCTTGGGTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_324

TGATTGCCCCATAGAGAGCTATAAGCCGACGTGAAAGCTGCTGGTTCCAGCTTGGCTCATGTCGTCACCAGTCACTAGTCACTTGGTCGCATTCATTGCTACTCATCTGCGAGTGAGCATATTTGAGATCTGACTTGCCAAGGGATTAGA

>nucleosomal\_sequence\_325

GCTCCAGTTCATCCACAACAACAACAACAACCAAATGCCTATTCACACCCTCCTGCTGCAGGTGCCCAAACGAGACAGCCAGGTATGTTTGCGCAGATGGCCTCCACTGCTGCAGGTGTTGCCGTTGGTAGCACCATTGGACACACCCTA

>nucleosomal\_sequence\_326

AAAGAGCTATTCCTTGACTTATCCAAACTAATCCATTACGACGCCACCAGCGTCACGCACACACCATCAGACACCACACTCATAGACGCTACTACCTGGTACAGTGTCAAGACAGAGAGGACTACAAAGGACTATAAAGAATCATTGCAA

>nucleosomal\_sequence\_327

GTTGTGCAGCAGAAACAGGATAAACAGTTGCAGCATCAAACACAAGAGCAGCAGCAGATACGAGAGGACCAGCAGGAAGTCCCACCCCAACGTCCACGACAACAAAACAGATGGAAACCCTGGTGGAATTCCACTGCCGACGATGAGCCA

>nucleosomal\_sequence\_328

TTTACCTTACATGTCTCGTTCCCCAGTAGTGAAGTGTTTAGGTGTCTGGCTCAGCGTGAGAAGATCTTAGAAGGCTTGACCGGTGCAGACTTTGTCGGCTTCCAGACGAGGGAGTATGCAAGACATTTCTTACAGACGTCTAACCGTCTG

>nucleosomal\_sequence\_329

TCTACAATACTGGTTCCAGAAGTGGAACAGCAAGAACCTTCTCAGAGTGAAAGAACACCGTCTTTGTTTTCGTCCGAAGGCTCTGGCTCAGAGTCGGAAGCACCCTTGCTTCCAGAGATCACCACGCCAGGTCCTCATCAGCCTATGGGT

>nucleosomal\_sequence\_330

ATCATAAAGTTCTAAATGCGTCTCAGTAGCTACGCACAATTGCGACTGCTCACGCTTGGACCCTGCTTCCAGATCGACGAAGTGTCCGATGCAGGAGTGCACGAAATTCGTCTGTTTCTTTAAAGTAAGATGGTACAAGTATAGCTCATC

>nucleosomal\_sequence\_331

CAAAGTCAGCTTCCACATCACAATCATCTTCTCGCTCCTTAACTTCAAGCACCAGTCCATCTTCAAGCACTGGCTCATCTTCAAGCACCGGTTCATCTTCAGCTTCAAGCAGCTCCAAAAGTAAAGGCGTCGGAAATATTGTTAATGTTT

>nucleosomal\_sequence\_332

AAATTAAACCACAGACGGTTATAAAGAAACTATCCAAGGTTGCCAACGACACAGGAAGACATGTCATTGTTACAACGGGTGTGGGGCAACATCAAATGTGGGCTGCTCAACACTGGACATGGAGAAATCCACATACTTTCATCACATCAG

>nucleosomal\_sequence\_333

AATATGAGGGACCATTTGTGGGTTGACAATAGGATACGGTGTCTGTTGCTGCTGTTGATGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_334

AACTCACTGAACGAACTAGACGTCACAGCCACAACGGTCGCAAAGTCAGCTTCCACATCACAATCATCTTCTCGCTCCTTAACTTCAAGCACCAGTCCATCTTCAAGCACTGGCTCATCTTCAAGCACCGGTTCATCTTCAGCTTCAAGC

>nucleosomal\_sequence\_335

AGCATTTACATGAAGACGAAGAAATAAGATACTGTCTCGAGGGTGCTGGATACTTTGACGTCAGGGATGCTTCCACACCAGAGAACTGGATTAGGTGTTTGGTAGAGTCAGGTGATTTACTGATTCTTCCACCAGGCATCTATCATCGTT

>nucleosomal\_sequence\_336

ATGGAGGCTCAGGTGGTGGCGGTGTCTCCTCATGGGGTGGTGCTTCCACTTGGGGTGGCCAAGGTAATGGAGGTGCATCCGCTTGGGGCGGTGCTGGCGGCGGTGCCTCAGCTTGGGGCGGCCAAGGTACTGGTGCTACTTCTACTTGGG

>nucleosomal\_sequence\_337

GAGCATGCAATTCGCAAGAATGATGGACCCTAATGCCGGTATGGGCTCTGCAGGTGGGGCTGCCTCTGCCTTCCCCGCTCCTGGTGGCGATGCTCCAGAGGAAGGCTCCAACACGAACACTACTTCCTCATCCAACACAGGGAACAACGC

>nucleosomal\_sequence\_338

ATCGAGACCTACTCAGACAAGGTCCGCTTCTACCATGGCGGCTCCAGTTCATCCACAACAACAACAACAACCAAATGCCTATTCACACCCTCCTGCTGCAGGTGCCCAAACGAGACAGCCAGGTATGTTTGCGCAGATGGCCTCCACTGC

>nucleosomal\_sequence\_339

GATGAGGTTAGAAGAACAAGATTTGGTGTCGTAGTTATCAATGTCATCATCTTCTTCTTCGTCTTCTTCATCTCTATCCTGGTCGTCAAGACCATCCGTGTCACTGTGGTCAGTTTCATCGCCATGGTCCTTATCTGAATGATCTACTTC

>nucleosomal\_sequence\_340

GGGCGACAAGTTTAGGCATTGAAGAGGGGAACGTTGGAAAGCTGTTGGTGGAGTTTGTCATGGAATCTGTGTTGGAGAAGTTCTGCTCTGATGAGCAGAACATATTGTTGACCGACACCGTTGTGTCTATAGGTGACGATAACTCAGAGG

>nucleosomal\_sequence\_341

TGACGTCTGCAAATGTAAGCTTTCTTGGGGGCAATATGGAGGTATGTTTCAATGGTGGTGCCGCTGGAGCCTGAGTTTGAGCTGAAGCTTCAACTGGGGCTGAAGTTTGGACTGGGGCTGAATTTTGGACTGGGGCTGAAGCTTGAACTG

>nucleosomal\_sequence\_342

TACCCAGTTGAGATTGCTGAAGCTGTTTTCAACTATGGTGACTTCACCACCATGTTGACTGGTATTCCAGCTGAACAAGTCACCAGAGTCATCACTGGTGTCCCATGGTACTCCACTAGATTGAGACCAGCTATTTCCAGTGCTCTATCT

>nucleosomal\_sequence\_343

CTATGAACATTAATTCTTTCCCAAAGGAACTGAAGTAAGTGGGGTCCTGCCATGGTGAGTCATTGGTCACTTGAGTTGATTTGGTTGAAGAAACAATTGTTGTCACCTCTTCATCTTCTGTGGAAACCACTACTTTATCTTTTGCTTTCA

>nucleosomal\_sequence\_344

GGATGGACTCTCTTGAAGCTAGATTACAATTCATTCAGGTCCTGAAGAACCTGCAAAAGACGCTGCACAAGACCAGAGACTCTATCACATCATCGTCGACCACCACACCACCGTCATCGCAACAAAAGCTGAACAATGACCCTATACAGT

>nucleosomal\_sequence\_345

ATCGTGGCTCCTTTAATGTTTGATTATCTGGTACAGTATTCCCACTGTCTGCTTCCTTAGACCATTTGGAATGTGATGCCGATTCAGATTCCACTCTTGGAAGGGTGATTCCTGTATGGATACTTCCCACATTTGATTCAGATGATTGAT

>nucleosomal\_sequence\_346

AGGATACGGTGTCTGTTGCTGCTGTTGATGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCGGTTGATGCTGGGGTTGATGCTGAGGCTG

>nucleosomal\_sequence\_347

AGCGGCCCACAATTTAACTACTTTCAGTGCTCCTTCAACATCCAGTGCACAACTTGTAAGCAAATCAACTACCTCTAGCTCCATCCTGGTCACACCCAGAATCGACAGGTCTGGAAATTCCTCAACTGCCTCTAGAATTGCAACATCACT

>nucleosomal\_sequence\_348

TGTTATTTCATTTTCTGCTAAATTTCTTTGGTTCCATTGAACTCGCTCTTCTGGTGTCATCTTGGCCAACATGTCTTGCTCATGTTTCAGTGACAGTGTGTCCTTTGGAAGGAAGGTACTCGATGTTCCAATTATCTCCCCCTCCTCTTT

>nucleosomal\_sequence\_349

ATAATTGTGTAAATAGTCGATTGTCGTCTGCGGTATGAAATAGCCACCGGTGGAAGGGTCATTCTCTAGCCACGCAAGCACACCGGTATTCTCACCATCCCCAGGTGCATCAGCAATTACCTCACCCAAGAAATCAGGAACATCAGCTGG

>nucleosomal\_sequence\_350

AGATGATACCATTTCAGCTACTATTTCATACGACAAAGCTAACTCACTGAACGAACTAGACGTCACAGCCACAACGGTCGCAAAGTCAGCTTCCACATCACAATCATCTTCTCGCTCCTTAACTTCAAGCACCAGTCCATCTTCAAGCAC

>nucleosomal\_sequence\_351

CCAAGTGGAGAAGGTTGTTGTTTCTTACAAATTGCTAGATGCTCCAGCTGCCATCAGAACTGGTCAATTCGGCTGGTCTGCTAACATGGAAAGAATCATGAAGGCTCAAGCCTTGAGAGACTCTTCCATGTCCTCCTACATGTCTTCCAA

>nucleosomal\_sequence\_352

TAGCCACCGGTGGAAGGGTCATTCTCTAGCCACGCAAGCACACCGGTATTCTCACCATCCCCAGGTGCATCAGCAATTACCTCACCCAAGAAATCAGGAACATCAGCTGGGGGAAATTCATTGGGTGCTGTTGGATAGTAGAGTTTATAT

>nucleosomal\_sequence\_353

CGCTGGCGCAAATAACGCCACCGCCACCGGTGCAGCAGCTGGCACTGGCGCCACCCCGAACATGTCGTCAGGTCAAAGTGCAGGCTTCAATCCGCTGGCCGACTTGACCAGTGCCAGATACGCTGGATATTTGAATATGCCATCTGCAGA

>nucleosomal\_sequence\_354

GATAAGTGATGTAGGTATATCCTGTGTAAGACTACCTCGTACGCCAAGATCATCTGTGGCAACGACCGCTTCAACAGAGAGCTCTGAGCAAGGTCCCAAAATGAAGAGAATGGCAAGACGTAAGAGTGCAAAGTCTTTGGTAAACTACAC

>nucleosomal\_sequence\_355

TCCTTCAACATCCAGTGCACAACTTGTAAGCAAATCAACTACCTCTAGCTCCATCCTGGTCACACCCAGAATCGACAGGTCTGGAAATTCCTCAACTGCCTCTAGAATTGCAACATCACTCCCTAACAAAACTACATTTGTTTCTTCCCT

>nucleosomal\_sequence\_356

GCAAGGAATACCACATCCGCAACAATCGCAGCCACAGCAACAGCAACAACAACAACAACAACTGCAACAGCAGCAACAGCAGCAACAACAACAACCCCTCACCGGCATTCATCAGCCTCACCAACAGGCTTTTGCCAACGCTGCCTCCCC

>nucleosomal\_sequence\_357

ACCTCTGGCAAAGAAATCTAAGGCTTCTCTGGTATCAGCTCTGTTCCCCACGTAAGAGCCGACAATGGAGATAGACTTGACAACGTGGTTGAAGACATCAGAGGAGCACTTTGCACCGGCTGGCAAACCAACCAAGACAACAGTACCGTT

>nucleosomal\_sequence\_358

ATGAAGAAATTTGCCGTATGAATTATTCCTGTATGTACACCAAATGTGTCATGATCTTCTTGTTTCTTCAATGTGGCGCTGGCATTCGAGAGTGATGATGCTTGGTGTGAGCACTTGAAATGTCTCCTCTTTAAGAAAGACAATCCTATC

>nucleosomal\_sequence\_359

CAGTAAGTAGCCATCGAGTAGACGGCAGAGTTGATACCACCAGCTGGAGCACCGACATTAACAATGGCAATCTTCAGTCTCTTGTCCTTTGGTAGCTTTGGTTCGTTGTGGTCAGCAGAGTTGATAGCCATGAAATTGTTTAAATGTTCA

>nucleosomal\_sequence\_360

ATCAAAGAATACGAACCATTGACCAAGGCCTTGAAGGATATCTTGGGTGACCAAGTGGAGAAGGTTGTTGTTTCTTACAAATTGCTAGATGCTCCAGCTGCCATCAGAACTGGTCAATTCGGCTGGTCTGCTAACATGGAAAGAATCATG

>nucleosomal\_sequence\_361

GTTGCTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCGGTTGATGCTGGGGTTGATGCTGAGGCTGCTGGATCTGCTGTTGAGATGATTGCTGGGGCTGTGCTGGTGATTGCAAAT

>nucleosomal\_sequence\_362

TGATAAACTTGCTCTCGGTACGCTAGACAAAGAATTTCTCAATGAGGTCCTGGCCATAGCCTCTTCATCTACCATTCTTTCCAGAGACTTTCTTTGCTGGAGAACCAGCTCTGCTTCTGCGTCTTTACGTTCTTTGGTACTGGTGCATAT

>nucleosomal\_sequence\_363

ATAGTGAATTTCACCTTTCGCACACAGAAGAGGACAAGTTAAATGAGTTCCAGGTCATCACGAATTTCCCCCCAGAAGACTTGCCAGATGTGGTGAGACTGTTGAGGAACCATGGTTGGCAGTTAGAACCAGCATTGAGCCGATATTTCG

>nucleosomal\_sequence\_364

ATTCAACAGCAGCAACATCACACGCAGAATTCACAACCACAACAGCAACAGCAACAACAACCACAGCAGCAAATGTCACAGCAACAAATGTCACAGCATCCTCGACCACAGCAAGGAATACCACATCCGCAACAATCGCAGCCACAGCAA

>nucleosomal\_sequence\_365

TGGGGTGGCCAAGGTAATGGAGGTGCATCCGCTTGGGGCGGTGCTGGCGGCGGTGCCTCAGCTTGGGGCGGCCAAGGTACTGGTGCTACTTCTACTTGGGGTGGTGCTTCAGCCTGGGGTAACAAATCAAGTTGGGGCGGTGCATCCACT

>nucleosomal\_sequence\_366

GCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCGGTTGATGCTGGGGTTGATGCTGAGGCTGCTGGATCTGCTGTTGAGATGATTGCTGGGGCTGTGCTGGTGATTGCAAATCATTGAAGTGTTTATGTAGATTTATAGTTG

>nucleosomal\_sequence\_367

CAAGAACCTTCTCAGAGTGAAAGAACACCGTCTTTGTTTTCGTCCGAAGGCTCTGGCTCAGAGTCGGAAGCACCCTTGCTTCCAGAGATCACCACGCCAGGTCCTCATCAGCCTATGGGTAATACCAGCAATAATGTGGTCGAAATGATA

>nucleosomal\_sequence\_368

GCCACAGCAACAGCAACAACAACAACAACAACTGCAACAGCAGCAACAGCAGCAACAACAACAACCCCTCACCGGCATTCATCAGCCTCACCAACAGGCTTTTGCCAACGCTGCCTCCCCCTATCTGAATGCTGAACAGAATGCTGCCTA

>nucleosomal\_sequence\_369

GTAGTTATCAATGTCATCATCTTCTTCTTCGTCTTCTTCATCTCTATCCTGGTCGTCAAGACCATCCGTGTCACTGTGGTCAGTTTCATCGCCATGGTCCTTATCTGAATGATCTACTTCATGATATAACTGCAGGGTGCCTTCAACGAC

>nucleosomal\_sequence\_370

TAGTAGAGCTTCCAAACAATCCTGTAGAGTTGGTCGCTCCAGAGCCAAAGCCACCACCACTTCCAGTTCCGGTTCCAAACATGCCTGTTGCTGGCTTTTGACCAAATAATCCTCCTGTTGTAGCAGAAGTAGTGGAGTTATTATTACCCA

>nucleosomal\_sequence\_371

AGAGTTGTCGAAGTTTGTTTGGCTGACTTGCAAGGTTCTGAAGACCATTCTTTCAGAAAGGTCAAGTTGAGAGTCGATGAAGTTCAAGGTAAGAACTTGTTGACCAACTTCCACGGTATGGACTTCACTACCGACAAATTGAGATCAATG

>nucleosomal\_sequence\_372

TTATCGACACTGAAATAAACAGAATCAGAAAACTGGTCGGTCCAACTGCTGAAGTCATTGGTGCTGTTTCCGGTGGTGTTGATTCTACTGTTGCATCCAAATTGATGACAGAAGCCATCGGTGATAGATTCCATGCCATCTTGGTCGATA

>nucleosomal\_sequence\_373

AAACAAAGACACCGACACAGAACAAGAAACATGCAAATAGCTGGTTCATGTTCTTCAAAGCAACACCCATGTGGTACACAACTACAGGCAACCAAGCAACTGGAACAACCCACCAAGCTGTTTTAGTTAATGGTTCCAAGAAATTACCAA

>nucleosomal\_sequence\_374

AACACCATCCAGCATGCAATACAGTGACATATATATACACCCACACCCACACACCACACCCACACCCACACACCACACCCACACACCCTAACACAATCCTAACAGTACCCTATTCTAACCCTGATGAACCTGTCTCCAAACCTACCCTCC

>nucleosomal\_sequence\_375

ACAAATAGCACCTATGAACAAGGTGAAAAAGGAAGAAGTAGTGGAGAGGATTGTCTGCGATGCCACCGATGTGAATGCCAGCGAGGCATTGGTCACAAGGTTAGCTGTGAACCAAAGTATGCAGAACTCAGCACTTAACTTGATTGTTTC

>nucleosomal\_sequence\_376

AAGGAACAGCTATCTTTCGTTATGAATTTGTACTACGAGAAGAGTGGTGGTAGCAAATCTGACTGTAGCTTCAGCGGTTCTGCCACTCTACAAACTGCCACCACGCAAGCTAGTTGCTCCTCCGCTTTGAAAGAGATTGGTAGTATGGGT

>nucleosomal\_sequence\_377

ATATGGCACGTTCAAGAGGATCATCAAGACCTATATCGAGATCGAGACCTACTCAGACAAGGTCCGCTTCTACCATGGCGGCTCCAGTTCATCCACAACAACAACAACAACCAAATGCCTATTCACACCCTCCTGCTGCAGGTGCCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_378

AAAGTAATGTCGACGATGATGGCTATCAAGAGGATGATGATGATGACGGTGATGACGAAGGTGATGGAAGGGATAATGAAGAAGACAGCACTGCTGAGGAAGATGAAGTAGATGATGAAATCGAAACAGATATGAAGAACGCTTCGATTA

>nucleosomal\_sequence\_379

TGATTGACGATTCCAACTCTCTATTCAAAGGTATGAACGACTCTACTGTCTGGATGTCTCACGGTGATAAATTGCACGGCTTGCCAACTGGTTACAAGACCATTGCCACCTCCGATAACTCCCCATACTGTGGTATTGTCCACGAAACTA

>nucleosomal\_sequence\_380

GCAATATGGAGGTATGTTTCAATGGTGGTGCCGCTGGAGCCTGAGTTTGAGCTGAAGCTTCAACTGGGGCTGAAGTTTGGACTGGGGCTGAATTTTGGACTGGGGCTGAAGCTTGAACTGGGACTGAAGTTTGGACTTGTTCTTGAGCTG

>nucleosomal\_sequence\_381

CTTAGCAGCCAAGTTCCACAACATAATTTCACCGTCCTTACCAGCGGAAGCAATCAAAGTTCCGTCTGGGGAAGCAGTCAAAGTGTTGATGTTGGAGTTGTGACCGATGAAGTCAGCTTCAATTTGGAATTGGTTTAAGTTCCAAGCCTG

>nucleosomal\_sequence\_382

TCTCTAGCGGAGTTGGATCGCTATATCGTGTGTTATTAACGGTGGTTGTGTCACTTGGCATTGACGCAGAACTGGATGTCGTGCCAGACCATGATCGTCTCCCACTAGATTCCCCACCGAATTTTATATCTAATTCTGGATCAATAAGTA

>nucleosomal\_sequence\_383

AGTAGAGATACGACAGCTGGACTAGAAGAGGATATAGGAGCAGAGAGAGAAGACAACACTTCACCTACTGCCCCTCAAATCTCAACTTTGCCTCCAAGAAAATTGACATTTGAAGATGTCGTTAAACCAGATTACTCAAACGCTCCAATA

>nucleosomal\_sequence\_384

GCAGAGATGGATAGGTGTCGGTGGTTTTCATACGGTAAGCCAAATCAGTGTAAGAGTGAACTTTAGAGGAAAGACCAGACTCAGCAGAAGCTTCTGGTGCTGGTGGTGGAGTTGGCTTGGTTGAAACTGCGTTCTTAGTAGAAGTAACAC

>nucleosomal\_sequence\_385

TATTTGTTTCGGCCAGGAAGCGTTTCAAGTAGGCTTGCGTGCATGCAGGGGATTGATCTTTGGTCTTCCAACTTCTCTTCGTGTCGATCTTTGTTGCGGAACGGCTGGCACTGCACCATTTCCATTAGGATGTACTACCTTAGAAGGCGG

>nucleosomal\_sequence\_386

CCTTCAGCAGACCAACCACGGACGTCTTCCCAGTGGAATTCCTTGATGTATTCTGGACCACCACGAACCAAACCTTCATAACCTTCCATGACAACAAAGGCACGACAACCTTTGAAGATAGCGGAACGCACGATGGCTCTAACGTTAGAG

>nucleosomal\_sequence\_387

TGCTGGACCAAACACTAACGGTTCTCAATTCTTCATTACCACTGTGCCTTGTCCATGGTTGGATGGAAAACACGTTGTCTTTGGTGAGGTAACCAAAGGTATGGACATTGTCAAAGCAATCGAATCATACGGTACTGCTTCTGGTAAACC

>nucleosomal\_sequence\_388

GGTGATTTACTGATTCTTCCACCAGGCATCTATCATCGTTTCACCTTGACAACTAGCAACCACATCAAGGCCTTGAGACTGTTTAAGGACGAGCCCAAATGGCAAGCTATCAACAGGTCAAATCAGGCTGATTCATTGCCTGTACGCAAG

>nucleosomal\_sequence\_389

CCAGCTAATAAAGCTAACCAACCACAGTTTCTACCCATAACTTCAACAACGAAAGCTCTTGAGTGAGAGTTGGCAGTGGCTTCAACGTAATCGATGGCCTTACAGATTCTGTCCAAGGCAGAGTAAGCACCAATAGTAGCATCCGTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_390

CTATAAGCAATACTACGAATATTGACATCTTGAAACAAACCAAGGCAGGCGAACATCAACGTGATGGTCACCAACAGCACCCACACGGTGGTCATGGACCCATGAACAGATCACGTTTTTCTAATGCAGGGCCTTTTGGTGGTGGTAGCA

>nucleosomal\_sequence\_391

ATATTATGTGCTGGTGTTACTGTATATAAAGCACTAAAAGAGGCAGACTTGAAAGCTGGTGACTGGGTTGCCATCTCTGGTGCTGCAGGTGGCTTGGGTTCCTTGGCCGTTCAATATGCAACTGCGATGGGTTACAGAGTTCTAGGTATT

>nucleosomal\_sequence\_392

TTCGCCCTTGTAAGCAGCAACCAAGATAAGAGCGATGATACCACCGGAGATTTGACCCCAAGCTTGGTTAGCAAAGACAGCACCCATGATGGCACCTCTCCATTTGGTAGTGGCAAATTCAGAAGTAATAATAGAAGATAGTGGGTAGTC

>nucleosomal\_sequence\_393

CTTGGCTCCATATTTCGACCTCGAAGAAATCCTGTTTACCACACCACTCAGGTCACCAGCACCTCTGATAACATGGTACTTCACACCAGGCAAGTCCTGACAACGCCCACCTCTGACATATACAATCGAATGCTCTTGAGCATCGTGGCC

>nucleosomal\_sequence\_394

GGAGGTTGTACCTTCAGTGATGGTAATGTATGAGTCAATAGATAGACTAGTGACAGCAGACACAGGAGGTTCTGTGAAGTCTGTGGAGGGGTCTGGCCTGGTGCCTGTTTCAGCTACTGCGCTCCCTGTCGATGTGGTCGTCTTTACACT

>nucleosomal\_sequence\_395

GCCATCAGTAGATGAAGATAATACAGATGGTAGCGGCGGCGGTGGTGGTGTTTCTCCCTTGGGTTTGCCGAACAATGCCATGGGTGGAGGAGGAGGTGGTGGTGGTGGAGGGGGAGGAGCAGGAGAATCCCCAGTAGTTTCTTGCTTGAC

>nucleosomal\_sequence\_396

GGTGGTGGTGTTTCTCCCTTGGGTTTGCCGAACAATGCCATGGGTGGAGGAGGAGGTGGTGGTGGTGGAGGGGGAGGAGCAGGAGAATCCCCAGTAGTTTCTTGCTTGACAGTGTCGTCTTCCGACTTTTTCTCTTTCTCCAACGATTCA

>nucleosomal\_sequence\_397

AGGTTTTGCATTGAGTTACCATTATTAGTCGTGTTCGAGACCTGCGTGTGGATGACGGGTGCAGAGTCAATCGACATGTCTGTCAGAGAGGGGTTGGAGTCCGTGGAGGAGACACTACTAAACCTTCTTTGGCGTTGTTGTGACTTAGAC

>nucleosomal\_sequence\_398

AGCATGCAATACAGTGACATATATATACCCACACCCACACCCACACACCACACCCACACACCCACACCACACCCACACCCACACACCCACACCCACACCCATCACAACCCTAACCCTACCCTATTCTAACCCTGATGAACGTGTCTCTCA

>nucleosomal\_sequence\_399

GGCACAATCAACGAAGAATACAGGTGCTACTTCATCTCCTTCGCCAGCAAGTGCTACAGCGGCTCCAGCACCACCACCTCCTCCACCAGCCCCACCAGCTTCCGTCTTTGAAATCTCTAATGATACACCAGCAACGAGTAGTGATGCTAA

>nucleosomal\_sequence\_400

AGATAAGGATGAAGGTATTAGTATGCAGCAATTCTACAATTGGGTGACTTCATACTCCAACAGGCTGGTCTTCCACCAGTCTCAGGCCAAGTTTCAGCAAAGAGAGGACCATCCGGCCCCTGCAACGGAATCTTCGTCTTTGATGCCGCC

>nucleosomal\_sequence\_401

CGCAATCACCAATCGTACATAGCAGCAACAACACGCTGCACCACCACGAGCACCAACAACACTTGCCGCCCACACTAGAGTCGCTATCCTCCAAGTCGCACTCTGTGCCAGACTTAAATACAGCTACTCCCAGCTCTCCGAAACGAATGC

>nucleosomal\_sequence\_402

TCTAGGTGTTGGTATGCAAGGTGACATTTTCGGTATTGTTGTCCCAAGAAACACAACTGTTCCAACCATCAAGAGAAGAACCTTCACAACTGTCAGTGACAACCAAACCACCGTTCAATTCCCAGTCTACCAAGGTGAACGTGTCAACTG

>nucleosomal\_sequence\_403

AGTCCATGGAAGCTTTATGTTCTGTAGTATCATTTTGAATAGAAGAAGCAGAGAAAGCAGAGGAAGATGGTGCCGACAACGAGGCGCCTGCAGTCGTGGTGTGTGTGACTGGGATGTTTAACTTTGACTGGACTGACTCATTGTGCTGTA

>nucleosomal\_sequence\_404

AATATTCCTTCTACAATGACATCCATACTAAGTTTCAATAGAGACCAACAGCAGCCGCTATCTCAACCACTGCCTCCTCCTCCACAACAGCAACAGGATCTCCACACGCACAATTTACATACTATACCAAGGAAACCTGGAATGGTTCAA

>nucleosomal\_sequence\_405

ACATAATTAGATGCTGTGACGAGCTTTATTGCGTATGTCCCACCCAGTTCCCTGTACAAGTGATTTGCCACAGACACACCAAACACACCAGCACCAACAACAACTATGTTCTTTGTGTTAATTGTCATATATTTTGCAATTTCTTTCTTC

>nucleosomal\_sequence\_406

CATTTTGAATAGAAGAAGCAGAGAAAGCAGAGGAAGATGGTGCCGACAACGAGGCGCCTGCAGTCGTGGTGTGTGTGACTGGGATGTTTAACTTTGACTGGACTGACTCATTGTGCTGTAGCCTAATGGCATCGGCCACGTCAAATCTAG

>nucleosomal\_sequence\_407

AATACGCTGGTTACTATCAGCAGTGAAAGAGCATTCGAAGAGCAGATGATGGCGGCACAGGTGAGCCTGGCGAAACAGAGAGAAGAGCTCGAGACTACGGCCCTCAGCTTGCCACGAGATATTGAATTGAGGGGTGAAGAAGATGATATT

>nucleosomal\_sequence\_408

CACCTCTACTCATACCACTCACAAGTATGGTAAGTTCAACAAGACTTCCAAGTCCAAGACCCCAAACCACACTGGTACTCACAAGTACGGTAAGTTCAACAAGACCTCCAAGTCTAAGACCCCAAACCATACCGGTACTCACAAGTATGG

>nucleosomal\_sequence\_409

AGCTGGAGGATTCAGGTTCTGATTCAAAGACCAGTACGAAGGCTCAGCCTGCCGAACCACAGGCAGAAAAGAAACAAGAAGCGCCAGCTGAAGAGACCAAGACTTCTGCACCTGAAGCTAAGAAATCTGACGTTGCTGCTCCTCAAGGTA

>nucleosomal\_sequence\_410

CAAGGTTTCGGAAGACAAGGCCCACAAGGATTTGGAGGTCCTGGTCCACAAGAGTTTGGTGGTCCAGGTGGCCAAGGATTCGGTGGTCCAAATCCTCAAGAATTCGGCGGGCCAGGTGGCCAAGGATTCGGTGGTCCAAACCCTCAGGAA

>nucleosomal\_sequence\_411

TGAGTCAATAGATAGACTAGTGACAGCAGACACAGGAGGTTCTGTGAAGTCTGTGGAGGGGTCTGGCCTGGTGCCTGTTTCAGCTACTGCGCTCCCTGTCGATGTGGTCGTCTTTACACTGGAGGATGAACCAGACGAAGATACAGACGA

>nucleosomal\_sequence\_412

CGGTATTGTTGTCCCAAGAAACACAACTGTTCCAACCATCAAGAGAAGAACCTTCACAACTGTCAGTGACAACCAAACCACCGTTCAATTCCCAGTCTACCAAGGTGAACGTGTCAACTGTAAAGAAAACACTTTGTTGGGTGAATTCGA

>nucleosomal\_sequence\_413

CTCTTTGTTCGATTCCAATGTCTGAAAATAACGAAGAACAACATCAACAACAACAACAACAGCAACCTGTTGCCGTCGAAACTCCCTCGGCAGTTGAAGCTCCAGCATCAGCAGATCCTTCTTCTGAACAGAGCGTCGCTGTCGAAGGCA

>nucleosomal\_sequence\_414

ACGAAGAACAACATCAACAACAACAACAACAGCAACCTGTTGCCGTCGAAACTCCCTCGGCAGTTGAAGCTCCAGCATCAGCAGATCCTTCTTCTGAACAGAGCGTCGCTGTCGAAGGCAATTCTGAACAAGCTGAAGACAATCAGGGTG

>nucleosomal\_sequence\_415

CCACTTTAACTTTGTCATCGGACGGTAGTTTAACTACTACCACCTCTACTCATACCACTCACAAGTATGGTAAGTTCAACAAGACTTCCAAGTCCAAGACCCCAAACCACACTGGTACTCACAAGTACGGTAAGTTCAACAAGACCTCCA

>nucleosomal\_sequence\_416

CAGAGTTTAGGTTTCGAGCCAAACATCAATAACATAATATCAGGTCCTGGTGGAATGCATGTCGACACCGCTAGGCTGCATCCTTTGGCTGGTCTAGACAAGGGTGTGGAGTATTTAGATCTGGAAGAAGAACAACTATCCTCGTTAGAA

>nucleosomal\_sequence\_417

GTGTTCGAGACCTGCGTGTGGATGACGGGTGCAGAGTCAATCGACATGTCTGTCAGAGAGGGGTTGGAGTCCGTGGAGGAGACACTACTAAACCTTCTTTGGCGTTGTTGTGACTTAGACTTCCTGTTTCTTGCAACACTTTGCAGTTGA

>nucleosomal\_sequence\_418

TGAAAGCATCCTCATTACTGAACGCATGTCCTCCGGAGAATCCGCCCGCACCGCCAGGGAAGCCTCCAGCACCTCCAGCACCGCCAGGACCACCAGGACCAAAGCTTGGACCACCAGATCTAGCAGCCTCGAGACCGTATTGATCATATA

>nucleosomal\_sequence\_419

GGTTAAATGCTTGGGTAGCTGGGAAGCCAAGGGACGATTGAGTCCCACTCCCTGCTGCTGTTGCTGCTGTTGTTGTTGCTGCTGTTGTTGTTGCTGCAGAACGTTCAGTCCGGGCGGCAAACTAGCCACCGAAACAGGCGTTCCTATATT

>nucleosomal\_sequence\_420

CCCCACGTAATGAGTTGTTTGATTCTCCCTTATGTGAGAGCTGCATGGCTTGGGGACAGTCAGAGATACAAGAACAGCAGGATTAATTGAGGGCTGAGAGATCGGACCTTTGTCAACGTCCCAACCTGTGGGGACGTCCACCGAAACAAT

>nucleosomal\_sequence\_421

ATTGATAACGATTGGCCTGTTGCTGGGCCTGGGCTTGTTGCAATTGTTGTTGCTGCACTTTGGCTTGTGCTTGAGCCTGTGCTTGAGCCTGAGCCTGCTGTTGTTGTTGCTGTTGATTGTAATGATGGTGATGATCGGGTGATGAATATT

>nucleosomal\_sequence\_422

ACCACCAGCGTCCTATCAGAAGAAACTGGAGCAACGATTTCCTGGTGTCAAGTTTACGGTCGCCAAGAAGGCAGACTCGCTCTACTGCATGGTCAGTGTGGCGAGTGTCGTTGCAAAAGTGACCAGAGATATACTAGTCGAATCCTTGAA

>nucleosomal\_sequence\_423

TTGCCAACGAACAAGGTAACAGAGTTACTCCATCTTTCGTTGCCTTCACCCCACAGGAAAGATTGATCGGTGATGCTGCCAAGAACCAAGCTGCTTTGAACCCAAGAAACACTGTTTTTGATGCTAAGCGTTTGATTGGTAGAAGATTCG

>nucleosomal\_sequence\_424

AATTTGTTTGCCCCAACTGTAGATCAAGTTGTGATTTGGAGGCCTCCTTTGAAAGTAGTGACGAGGAAGATGAAAGTGATGTGGAAAGTGAAGGTGATCAACTGGTGGATCAACTTAGCGTCTTAATGGAAACTTCAAAGGATGTTGATA

>nucleosomal\_sequence\_425

ACAATAACAACAATAACGGTGGATTTGGCGGTCCAGGCGGCCCTGGCGGTCAAGGTTTCGGAAGACAAGGCCCACAAGGATTTGGAGGTCCTGGTCCACAAGAGTTTGGTGGTCCAGGTGGCCAAGGATTCGGTGGTCCAAATCCTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_426

ATACAAGGCCCAGTTACTACCTGAAGTGACTGTAAGGGCACTCTGCTTTAAGCTGAAGGAAATGCTAGTGAAGGAGTCAAACGTGATTCACATTCAGACCCCTGTCACAGTCGTGGGGGATATGCATGGACAGTTTCACGATATGCTGGA

>nucleosomal\_sequence\_427

GGCAGTTGGGTTAGCCACATTTTGGCCTTTAATATCTAAACCAACATGTCTGGAACCTGGTTCGAAGACAGCATAGTCCCTGCCAAAGTTGGCACCTGCCACCAATCCTGGACCACCGATCAAAGCAGCGCCAATGTTGCCTAAGATGGT

>nucleosomal\_sequence\_428

TGTCAGAGAGGGGTTGGAGTCCGTGGAGGAGACACTACTAAACCTTCTTTGGCGTTGTTGTGACTTAGACTTCCTGTTTCTTGCAACACTTTGCAGTTGATGCTGTTGCTGCTGATTAAACAATTGGGTGGCCTTGTTCGTGTTTTCCAG

>nucleosomal\_sequence\_429

TACGTACTTATTTAATCTTTCTAGTAGACAATCTTTCTACCGGTGAAGGTTCTTCTTGCCTGTTGTCTGCCTTCTGCACTCAATTCATCATTTTCATCATCTTCGTCCACCTTGGCTCTATTTAAGACTTTGATGAACGAGTCCACTCTG

>nucleosomal\_sequence\_430

TAAGTTCAACAAGACTTCCAAGTCCAAGACTCCAAACCATACCGGTACTCACAAGTACGGTAAGTTCAACAAGACCTCCAAATCCAAGACTCCAAACCACACTGGTACTCACAAGTACGGTAAGTTCAACAAGACCTCCAAGTCTAAGAC

>nucleosomal\_sequence\_431

AGCTGAAGAAGCTGAAGAAGCCGAAATGGAGTTAGTGGAAGCGGAGAACATGCAACCAAGAGCAGACATATTGCCCACTGAGGAGCAGGAAGAAATGATGGCACAAGAAACTCCTAATTTAACTTCCACAAGAACAAGAATGATTGAAAT

>nucleosomal\_sequence\_432

GTGTTTTGACCCTTAGGAGCTCTGACAGCTAATTGATCTAAAGTGATACATTCACCGCCAGCCTTAACGATCTTGGCTCTGGCACCAGCAGTGAATCTCAAAGCAGCAACAGTGGTCTTTGGGAATTCGAAGATCCTGGCATCGTCAGTA

>nucleosomal\_sequence\_433

GAAGCTGTTTCAATTCCGGTGATGGCAAAGGTCCGTATTGGACACTTCGTGGAGGCACAGATCCTGGAAGAGCTGCAAGTAGACTACATTGACGAAAGCGAGGTTTTGACTCCAGCTGATTGGACACATCACATTGAGAAGCATAACTTC

>nucleosomal\_sequence\_434

TCGGAGAGACTGTCGTTGGAAGGAACATCTACTGTACTTTCGTCGGCTACCACAACATGTGAGTCTTCATCAGCGTCATCTTCACCATCCTCATAGTCTTCTGTTTCTTCTGGAACATTAGTATCCTCTTGTACTTCGCCTTCCTGGTTC

>nucleosomal\_sequence\_435

GCCTCGAACAATTTCGACGCTACAATGTACGGATCCGGTTCCTCCTCGGAAGACGCACTAGATGAGCACAGAAGATGGAAGAGTTTGAGTACAAAGGACAAGTTTGTCGAAGGTCTATCTAATAACAAGTATAAGATCATCACCGGTGCC

>nucleosomal\_sequence\_436

CGAAGCTGCTTTGTCCGATGCTTTGGCTGCTTTGCAAATCGAAGACCCATCCGCTGATGAGTTGAGAAAGGCAGAAGTTGGTTTGAAGAGAGTTGTCACCAAGGCCATGTCTTCTCGTTAAGATGTCATTCTGGTTAAGGTTATACACAT

>nucleosomal\_sequence\_437

GAAGTAAGATTCACGGCTTGGACATGTTCGATGAAATTGGTTTCGCTCCAGATGCTGAAGGTGAGTACAAGTCCTCATACTGCTCTCACATGGATTGTTTCCGTTGGGTGAAGCGTGATTCTTATTTACCACAAGGTTCCCAGGGTTTAA

>nucleosomal\_sequence\_438

TGCCAAGGATCTAGGTGAGGCTTTGAGAAGAATAAACGAAGGTGCTGCAATGATCCGTACCAAAGGTGAAGCAGGTACCGGTGACGTTTCCGAGGCCGTCAAGCACATCACCAAGATTAAGGCGGAGATCCAGCAGTATAAAGAGAATTT

>nucleosomal\_sequence\_439

ATGATTCCGTATACACCTTATCAAATGTCGCCTATGTACTTTCCACCTGGGCCACATTCACAGTTTCCGCAGTATCCATCATCAGTTGGAACGCCTCTGAGCACTCCATCACCTGAGTCAGGTAATACATTTACTGATTCATCCTCAGCG

>nucleosomal\_sequence\_440

GCCTTTAGTTCTGGAGAGGAGCTTTCTAGATCGATGAAGGTCTTGGCGACTTGTAATTCCAACTCACTTGGAGCTTGGGATAAGATCTTGGATTGGACAGAGGACATTGGTCAGTTATGTGTCTAGTCTTTAGTGTGTTGGTTTCTCTTC

>nucleosomal\_sequence\_441

TGACATTGAGTCATATCTAGAAAAGTCGTCTAAGCAGTCTTCTCAAACCAGTGGTGCTGCCGCCGCCACTCCTGCCGCCGCTACCTCAAGCACTACTGCTGGCTCTGCTCCATCGCCTTCTTCTACAGCATCATATGAGGATGTTCCAAT

>nucleosomal\_sequence\_442

AACACACCCTAGCAGCAACAACGGTGCTAATAATAATGGCATGGGGAGCACGAACTCGTTGGACCAGTTTGTGGCAACAGCCTCATCGTCATCTTCTCTGGTGACCAGCAGCGAGAATAGGCGCCCCCTAATAGGTGACGTTACCAATAG

>nucleosomal\_sequence\_443

AGAACGTGAAGCTCAGTCACGTGTATGTGGATACTGTTGGACCACCAGCGTCCTATCAGAAGAAACTGGAGCAACGATTTCCTGGTGTCAAGTTTACGGTCGCCAAGAAGGCAGACTCGCTCTACTGCATGGTCAGTGTGGCGAGTGTCG

>nucleosomal\_sequence\_444

TGCTGTTGGTTAAGCATATTCATCAAAGAATTCAATTGAGCAGTGGGGTCAAATTGTTGCTGAGGTACAGGGGGAGCCGCTGCGGCAGGTCCCTGAGAAGGTAATGGTTGGTTGGGGGCATAACCATACGGTTGCTGCATCATAGGTTGC

>nucleosomal\_sequence\_445

CCGTTGCTGTCGAAGTTGAGGATGAGGTCGATGTGGTGGATGAAGAAGTTGCCTGCGTAGAGGACGTTTCTGAACTGGAAGAGGCAGAAGTGCTAGAGGAAGTGGTGGAAGGAGAAGAAGAAGTAGAAGTAGTACTAGAGGTAGTAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_446

GGGACCTATGCATCCAAACAATTCTCAACGATCTTTGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAAAAACAACAGCATCAACAATATCCATACCACCATCAAGGACCATCTCCATCTCCATCCCCATCTCCGTCTCCATTAAACCCTTA

>nucleosomal\_sequence\_447

CTCTAGGAATTGAAAGCATCTTAGATACGTATGCACTAACTGGTCCTTCTTTATCACATGTCTTCATGGCTTTCAGAAGTCTTGGATCCATGGCTGCTGTGTCGGATTCGGAGACCAAAATAGTGTTCAAACGATCGGTTTGTGATTCCA

>nucleosomal\_sequence\_448

AAGAGGTACTTTGACCAAGAACTTGAAGCATATTGATGTTACCTTCACCAAGGTCAACAACCAATTGATCAAGGTTGCTGTTCACAACGGTGACAGAAAGCACGTTGCCGCTTTGAGAACCGTTAAATCTTTGGTTGACAACATGATCAC

>nucleosomal\_sequence\_449

TCTCAGTGGTTTCCTTTAGCTTGGTGTCGCTTTCCTCCAAGTCTTCTTCCAATTGCTGGTTCTTCTTGGAGAAATTGTCGTTGTTGGACTGCAAGTGGTGAGAGTCCTCGGACAATTGCTTGGATTCAGCCAATTCTGCTTCCAACTTCT

>nucleosomal\_sequence\_450

ACAGTGGACGACGAGGGCGAACTATATGGGTTAGACACCTCCGGCAACTCACCAGCCAATGAACACACAGCTACCACAATTACACAGAATCACAGCGTGGTGGCCTCAAACGGAGACGTCGCATTCATCCCAGGAACTGCTACCGAAGGC

>nucleosomal\_sequence\_451

TTACATTGCCATCACACGTAAACTGGATACGCACGATTTGGCAAGAGACAGAGTAGATGACATCACTGAGGTCCTTTCTACCATCCAACAACCATCCCTGATCATCGGTATCCAATCTGATGGACTGTTCACATATTCAGAACAAGAATT

>nucleosomal\_sequence\_452

CCGAGAGCAATCATCCCTATATGCCGCTGCTTTAACTTCCGCTTCACCTCTCTTCTTTCTTGTGGTGAGCTCTCTGTTTCCTTAGCAGCATCATCCTCGACTTTTCTCTCTGTGGTGATGGCCTTCGTAACGTTCTCCCCAGAATATTGT

>nucleosomal\_sequence\_453

TCAATGTCGCTTGCATTGTCGTAGTGGAGGAAAACAATCTCTGCGCCTGTCTCAAGGGCGTACACCATGTGTTGGACATAAACCTCGACAACATGGCTCTTGTTGGCCTGCTTCAATTCTGGTGTACCTGTAAGTTCTCCGTCTTTTCCC

>nucleosomal\_sequence\_454

TTCAGCGCTGGTGTTCTCTAAGTTTATATCGTTGACAATGGTGCCTGTCTGCTTGGCCAACTGAGTGGCCTTCACCATCAGTTCCACCTCCTCTCTGTTCTGTGTGTCCACTTGATTTTGTAGATGTGATATGTACTCTACCGCCTGTGT

>nucleosomal\_sequence\_455

AAGTTGCTAGCTCTTCTATTGCTTCATCCACTAGCTCTTCTGTTGCACCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCACCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCACCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCG

>nucleosomal\_sequence\_456

CTGTTGACGAATTAATTACTGAAGGTAACGAAAAGTTGGCTGCTGTTCCAGCTGCTGGTCCAGCTTCTGCTGGCGGTGCTGCTGCTGCCTCTGGTGATGCTGCTGCTGAAGAAGAAAAGGAAGAAGAAGCCGCTGAAGAATCTGACGACG

>nucleosomal\_sequence\_457

AAGCACAGGCACAGGCACAGGCACAAGCCCAGGCGCAGGCCCAAGCCCAAGCCCAAGCACAAGCACAAGCACACGCTCAGCACCAGCCCTCCCAACAACCACAACAAGCTCAGCAACAACCTAACCCACTACATGGGTTGACACCTACTG

>nucleosomal\_sequence\_458

CCTCAAACTTGTAAGCGGTACCATACATGACGTAATCATAATCATCTGCAAGGGATCTGTCACCAGCCTGTGGAGGTCTCCAGCTTCTTGTCGCAGAAGAGTCGTTAGCTGGGGTGTCTTCGAGGTTTAAAGAGGATGCAATAGTCACTG

>nucleosomal\_sequence\_459

GAACCGAAGAAGCGGAGCCTGATTCTGTGGCAGAAGATGAACCGGAGACTGATGAGCCTGATTCTGTGGCAGAAGATGAACCGGAGACTGATGAGCCTGATTCTGTGGCAGAAGATGAACCGGAGGCGGATGAGCCTGATTCAGTGGCAG

>nucleosomal\_sequence\_460

ACGACGAGTGCTGCACCACCTCCGCCACCAGCATTCCTAACTCAACAACCTCAATCTGGAGGAGCTCCAGCTCCACCCCCACCTCCTCAAATGCCAGCTACATCAACATCCGGAGGCGGTTCATTCGCTGAAACTACTGGAGATGCAGGT

>nucleosomal\_sequence\_461

GGTTTAGTCGGTATCGATCAATTCTTGTTGAAGACTGGTACTTTGACCACCAGTGAAACTGCTCACAACATGAAGGTCATGAAATTCTCTGTCTCTCCAGTTGTGCAAGTCGCTGTCGAAGTCAAGAACGCTAACGACTTACCAAAATTG

>nucleosomal\_sequence\_462

CAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCACCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCTTCATCCTCAAGTGAAGTTGCCAGCTCCTCTGTTGCGCCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCTTCATCCTCAAGTG

>nucleosomal\_sequence\_463

TGGAACCACGAGGAACAACTAAGTCGATGTACTCATCTTGATCCAACAAGTCGGAAACATCCTGTCTGGTTTCGATCAATTGCACAGAGCCCACAGGAACACCAGTCTCACTTTGGAATTGTGCAATGGTGTCGTTAACGATCTTTGCCA

>nucleosomal\_sequence\_464

GCCGGACTCTTCAGCTTCTGCCAATCAGCAGGTGCAACATGCTCAGCAACATGCTCAACAACAACATGAGGCCCAAATGCATGCACAGGCACAAGCTCAGGCTCAGGCACAGGCACAGGTGGAACAACAGAAGCAGCAACAGCAATTCTT

>nucleosomal\_sequence\_465

TGCAACAGTCACTACAGCAAATGCAGCATTTACAGCAATTGAAAATGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAACAACAACAGCAGCAACAACAACAGCAGCAACAACAACAGCAACAGCACATATATCCCTCCTCGACTCCTGGTGTGGCTA

>nucleosomal\_sequence\_466

TGGGCCTCCTGTTCAGGATCCACTCTAGAAGGCTCCTCTTCATGATGTTCTTCCGTTTCCTGTGGTTGTTCTGGTTGTTGTTCGTGTGACTGTTGGGTGTGATTGTCGCCGGACGTTTCCCCCAATCCTGCTAATAAAGGGTCCTGTTCT

>nucleosomal\_sequence\_467

ACGTAACCAGTAATACCCTGAATTCTGCCGGTGGAAATAGCCTCCTTCCACAGGCCACTGGAAGAAGAGGGCCAGCACCACCACCTCCTCCAAGAGCATCTCGCCCCACACCAAACGTTACGATGCAACAAAATCCACAACAGTACAATA

>nucleosomal\_sequence\_468

GAGACTGAAGAGCCTGATGAAGTAATAGAGCTCGAGACTTCAGAGGACGAGGTTGATGGAGCAATGGAGCTCGAGACTTCGGTGGAGGATGACGTTAACTCAGTGAGAGAGCTCGAGACATCAGAAGTAGATGAGGTCAACTCAATAGAA

>nucleosomal\_sequence\_469

CAAGCGGCGCAAGCGCAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAGGCACAGGCACAGGCACAAGCCCAGGCGCAGGCCCAAGCCCAAGCCCAAGCACAAGCACAAGCACACGCTCAGCACCAGCCCTCCCAACAACCACAACAAGCT

>nucleosomal\_sequence\_470

CAGAAGAGGTAGCAGCTTCTGAGCTGGTAGAAGTACTACTTGGAGACCAGGTGTTGCTGCTGCCTTCACCAGTCCAGACAAAAGTAGCATCTTGGGTGACAGTCTTAGTGTAGACGTGACCGTTCTTGGTGGCAGTGATAGTGGTAGTGA

>nucleosomal\_sequence\_471

GTTGCTCCTTACAACTCAACCATTGCTAGCTCTTCTTCCACTGCCCAGACTTCTATCTCGACCATTGCTCCTTACAACTCCACAACCACCACCACCCCAGCTAGTTCTGCTTCCAGCGTTATTATCTCAACCAGAAACGGTACCACTGTT

>nucleosomal\_sequence\_472

CCATCATTTGACTTCTGCTTCCAAGACTTATTATTCAAATCTTGCTGTGGGTGCTCGGATGGGTGATTAGAATTGGATGGAGACAAGAGTGGAGACGATTCATCAGCTTGGTCAGCAGCTTTGTGCTCCTTGTGAGAGCTAGTGTACAAA

>nucleosomal\_sequence\_473

GATACCACCCCACCAAAGGACATGTGGAAATTGATCGTCGATCCAATGGATGCTCCGGACCAACCACAAGATTTGACCATTGACTTTGAACGTGGTCTTCCAGTCAAGTTGACCTACACCGACAACAAGACTTCCAAGGAAGTTTCCGTT

>nucleosomal\_sequence\_474

CCTCCGCTGTTTCCTCTTCGACCGAGTCTGTTAGCTCTTCCTCTGTCAGTTCTTCCTCAGCCGTTTCCTCTTCTGAAGCTGTCAGTTCCTCTCCAGTTTCCTCAGTTGTTTCATCTTCGGCCGGACCTGCTAGCTCAAGCGTTGCTCCTT

>nucleosomal\_sequence\_475

CCCCTTTGGATATCAGACAAATAGCAACATGTCATCTCCACCCCCTCCTCCAGTGACAACTTTCAATACCCTGACACCACAAATGACTGCAGCAACTGGACAACCTGCAGTTCCCCTTCCTCAGAATACTCAAGCACCTTCGCAAGCCAC

>nucleosomal\_sequence\_476

CATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCTTCATCCTCAAGTGAAGTTGCCAGCTCCTCTGTTGCGCCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCTTCTTCTACAAGCGAAGCTACTAGTTCTTCTGCTGTCACATCTT

>nucleosomal\_sequence\_477

GACAAATCGCAGCTAGATAAGCCCTCAGTTTTACTGCAGGAAGCACGTGGAGAATCTGCTTCACCACCAGCAGCGGCTGGAAATGGAGGCACACCTGGTGGACCTCCGGCTTCTTTAGCAGATGCGTTGGCAGCAGCTTTAAACAAAAGA

>nucleosomal\_sequence\_478

GTCAAGTAATTCCTCAAGTATTCTGCATCTTTACCTATTTCCATGACACACACATCCACATTAGAACCAGACCCCAAATCATTCCAGATACCAGCCTGGATTGCATCAGAGGCCAACTTTATGGCTTCCTCCTTCGTAAGGTCTTGCTTC

>nucleosomal\_sequence\_479

TGCTTTAGGAAGGTACTATACACTCGCTTCTGTCATGCTCGAGTCCGCTTCATCTGTGAAAGATTCAGCCACGCTTGAAGTAACAACAGGAGGCAAGACGAGGGGTCTGGTGCCATACTGTTCATCAAATTCAGTAAAGTCGAGTTGTGA

>nucleosomal\_sequence\_480

ATCCAAAGTGATACATTCACCACCAGCCTTAACAATCTTGGCTCTGGCACCAGCAGTGAATCTCAAAGCAGCAACAGTGGTCTTTGGGAATTCAAAGATTCTGGCATCGTCAGTAACAGTACCAACAACGACAACAGTCTTGTTAGCAGC

>nucleosomal\_sequence\_481

ACCACCCCAGCTAGTTCTGCTTCCAGCGTTATTATCTCAACCAGAAACGGTACCACTGTTACTGAAACTGACAACACTCTTGTCACCAAAGAAACCACTGTCTGTGACTACTCTTCAACATCTGCCGTTCCAGCTTCCACCACCGGTTAC

>nucleosomal\_sequence\_482

AGGCGCAGGCCCAAGCCCAAGCCCAAGCACAAGCACAAGCACACGCTCAGCACCAGCCCTCCCAACAACCACAACAAGCTCAGCAACAACCTAACCCACTACATGGGTTGACACCTACTGCAAAGGATGTCGAAGTAATTAAGCAATTGT

>nucleosomal\_sequence\_483

CGTTCTTGGTGGCAGTGATAGTGGTAGTGATACTAGAACCAGAACCTTCATCAGCAGAAGAAGTCTCAGCAGCAGAAGAAGTCTCAGCAGCAGAAGTGGTAGCGGCAGCAGAAGTGGTAGCGGCAGCAGAGGTTTCGGCGGCAGAAGTTT

>nucleosomal\_sequence\_484

GGTATGACCACCATTGTCAGAGATTTGGACAGACCAGGTTCTAAGTTCCACAAGCGTGAAGTTGTCGAAGCTGTCACCGTTGTTGACACTCCACCAGTTGTCGTTGTTGGTGTTGTCGGTTACGTCGAAACCCCAAGAGGTTTGAGATCT

>nucleosomal\_sequence\_485

TCTACAAGCGAAGCTACTAGTTCTTCTGCTGTCACATCTTCCTCCGCTGTTTCCTCTTCGACCGAGTCTGTTAGCTCTTCCTCTGTCAGTTCTTCCTCAGCCGTTTCCTCTTCTGAAGCTGTCAGTTCCTCTCCAGTTTCCTCAGTTGTT

>nucleosomal\_sequence\_486

GATTGTGTGATAGATGATTCAGATGCTGATGAGGATGAGCCTGATTCTGTGACAGAACCGGATGAGCTAGGAACCGAAGAAGCGGAGCCTGATTCTGTGGCAGAAGATGAACCGGAGACTGATGAGCCTGATTCTGTGGCAGAAGATGAA

>nucleosomal\_sequence\_487

CCTCAAGTTCTGCTGCCACATCTTCAAGTGAAGTTGCTAGCTCTTCTATTGCTTCATCCACTAGCTCTTCTGTTGCACCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCACCATCCTCAAGTGAAGTTGTCAGCTCTTCCGTTGCAC

>nucleosomal\_sequence\_488

GTTCTTGTATGATCTGTAAGCACCGAACAGGTAACCAATTTCACGACCACCAACACCGATATCACCAGCTGGCACGTCAGTGTCTTGACCAATGTGTCTGCTCAATTCTCTCATGAAAGCATAACAGATTCTTCTGATTTCGTTATTAGA

>nucleosomal\_sequence\_489

CTTTACGTGTCACTGACGGTGCTTTGGTTGTCGTCGACACCATTGAAGGTGTCTGTGTCCAAACCGAAACTGTTTTGAGACAAGCTTTGGGTGAAAGAATCAAGCCTGTTGTTGTTATCAACAAGGTCGACAGAGCTTTGTTGGAATTGC

>nucleosomal\_sequence\_490

AGAAGAATCTTGCCAAAGCCATCTAGAACATCTAGACAAGTCCAAAAGAGACCAAGATCCAGAACCTTGACTGCTGTTCATGACAAGATCTTGGAAGACTTAGTCTTCCCAACTGAAATCGTTGGTAAGAGAGTTAGATATTTGGTTGGT

>nucleosomal\_sequence\_491

CTCGAGACTTCAGAGGACGAGGTTGATGGAGCAATGGAGCTCGAGACTTCGGTGGAGGATGACGTTAACTCAGTGAGAGAGCTCGAGACATCAGAAGTAGATGAGGTCAACTCAATAGAACTACTGATGGAAACGGAACCTGATGAAGTT

>nucleosomal\_sequence\_492

TGCTGGCGTAAGAGTCTTCACCACCCCAAACAAAAGTAGCATCTTGGGTGACAGTCTTAGTGTAGACATGACCGTTCTTGGTGGCAGTGATGGTGGTGGTGATACTCTCAGCAAGAGCAGTAGCGGCAACAGCAGATAGAACCAAAGCGG

>nucleosomal\_sequence\_493

GATTGAGGAATTGAACTCGAGATACCTGGAGCAGAAGAAGCTGATGAACCGGAAACGGAGGAACCAGATTGTGTAACAGAACCGGACGTGCTGGAGGCTGATGAACCGGAAGCGGTACCAGATTGTGTGATAGATGATTCAGATGCTGAT

>nucleosomal\_sequence\_494

CAATACCCAAGACTCTGTAACCCATAGCCTTGGCGTATTGAACAGCCAAAGAACCTAGACCACCAGCAGCACCGGAGATAGCAACCCAGTGACCGGCCATCAAGTTAGCAGACTTCAAAGCCTTGTAGACGGTGATACCAGCACACAAGA

>nucleosomal\_sequence\_495

AGACCAGGTTCTAAGTTCCACAAGCGTGAAGTTGTCGAAGCTGTCACCGTTGTTGACACTCCACCAGTTGTCGTTGTTGGTGTTGTCGGTTACGTCGAAACCCCAAGAGGTTTGAGATCTTTGACCACCGTCTGGGCTGAACATTTGTCT

>nucleosomal\_sequence\_496

GCAGCCTTGGTAGAGGAAGCGACGGTGGAAGAGGTAGCCTCACTGGAAGAAGCGACAGCAGAAGAAGTAGCAGCAGAAGAAGAAGCTTCACTGGAAGAAGCGACGGCAGAAGAAGTAGCTTCACTGGAGGAAGCGACGGCAGAAGAAGTA

>nucleosomal\_sequence\_497

TCAAGGAAAGTATTGAATAATATTGTCGAAGAAACAAACGCACTTCAAAGGCCAGTTGTTGAAGTTGTCAAGGAAGACAGAAGTGTTCCTGACCTAGCAGGTGTTCAGCAAGAGCAAGCAGAGAAATATTCCTATTCAAACAATAGTGGA

>nucleosomal\_sequence\_498

ATCATCTGTATTATAGATTTCGTTACCGATAGTCTTTCCTTCAGAATTCTTTCGGTCCTCTTCAATGTCACTGACAACTTCAGAAACCTCTTCACTCAGGTTGTCGTCATCCTCTAAATTGGTTGTAATAAAAGAACTAGGTATTTGTGT

>nucleosomal\_sequence\_499

CTAAGAAATTGCCAAGAAAGACTCACAGAGGTCTAAGAAAGGTTGCTTGTATTGGTGCTTGGCATCCAGCCCACGTTATGTGGAGTGTTGCCAGAGCTGGTCAAAGAGGTTACCATTCCAGAACCTCCATTAACCACAAGATTTACAGAG

>nucleosomal\_sequence\_500

AAGCTCAAGCTCAGGCACAGGCTCAAGCACAAGCTCAAGCACAGGCGGCACAAGCGGCGCAAGCGCAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAGGCACAGGCACAGGCACAAGCCCAGGCGCAGGCCCAAGCCCAAGCCCAAGCAC

>nucleosomal\_sequence\_501

CGATGTCTAACATCACTATTAGTGCATCTTCATTATTATCTCAAACTCCAACTCCAACAACACAATTGCAACAGCGGTTGAACTCAGCAGCTGCAGCCGCCGCCGCAGCTGCTTCACCATCGAATTCCACCCCAACTGGATACACAGCAG

>nucleosomal\_sequence\_502

TTCAAAGATTCTGGCATCGTCAGTAACAGTACCAACAACGACAACAGTCTTGTTAGCAGCACCTTCTTGCTTCAAAGCTCTAGCAATTCTAGAGACAGAAACAGGTGGTCTGTTGATCTTAGACAAGAACAAAGCCTTCAAGACAACCTT

>nucleosomal\_sequence\_503

CTAGAAAAAGTACTAATGAACATCACACCGTTTATTGTTGGGAGAAGTGTTCCATGATCATGGACAATTCATCAGTTTCAGCACCCCAGTTCTTGACAACAACAACGGAGGCACCGACAACCTTTCTGGCGTTACCTTCACGGTCGATCT

>nucleosomal\_sequence\_504

CGCATACAAGGAATACAAAAGTTGGTAACGACATCGTCAGAGGTGTTTCCGGTGGTGAAAGGAAGCGTGTCTCCATTGCTGAAGTCTCCATCTGTGGATCCAAATTTCAATGCTGGGATAATGCTACAAGGGGTTTGGATTCCGCTACCG

>nucleosomal\_sequence\_505

TGTCAGCTCTGTTACCGACGTAAGAACCAACAATAGAGATGGACTTGACGACTTGGTTGAAGACATCAGAACAACACTTGGCACCAGCTGGCATACCGACCAAAACGGTGGTACCGTTAGCTCTAACGTATCTGGTAGAAGCTTCAATAG

>nucleosomal\_sequence\_506

AAAATGCTCCTGATTTACTAGAAGATTTCAAGAAATTCTTGCCGGACTCTTCAGCTTCTGCCAATCAGCAGGTGCAACATGCTCAGCAACATGCTCAACAACAACATGAGGCCCAAATGCATGCACAGGCACAAGCTCAGGCTCAGGCAC

>nucleosomal\_sequence\_507

ATGCTTACATATGTATCTTGCGTTGCTTAGATGATATCATATCCTGGGGGTTCAAGACTCCACCGATCTCAACAGTGTCCATCGAGATTGTTCCAGATGAATGGAGGAAGCAAGTTATTAACGAAGTCGTGATAGCCCACGGTAACCAAT

>nucleosomal\_sequence\_508

TGGATGGCACCGTTGCTTGGATGCAACCCCTGATTATATTCTTCTCGCACCAGGTGATTAGCTGAACCTGTGGCGGTTGGCTTCAAAGGTTCTAACGGAAGTTGCTGTGGAACAGTGGTGTTATTCACATTGCTAGTTGGTAGAGTATTG

>nucleosomal\_sequence\_509

TTCTTCCTTGATTTGCACCCTCCGCTGCGATGTGTACAGACGTTGCTTTCTTTTCGCTGGACTGTCTGGCCACCTGGTTAGGTGGAGTTTGCTCCACATCCGACCTGAGACTACCCAACTTTGGATCGCTGAATGTAACAGTTGGTATCC

>nucleosomal\_sequence\_510

TTTCCCAGAATCCAAAGTCGAGACCTACTATCAAGAATCCGCTGGTGTTGCAGATCTGATCACCACCTGCTCAGGCGGTAGAAACGTCAAGGTTGCCACATACATGGCCAAGACCGGTAAGTCAGCCTTGGAAGCAGAAAAGGAATTGCT

>nucleosomal\_sequence\_511

GAGGTAGCCTCACTGGAAGAAGCGACAGCAGAAGAAGTAGCAGCAGAAGAAGAAGCTTCACTGGAAGAAGCGACGGCAGAAGAAGTAGCTTCACTGGAGGAAGCGACGGCAGAAGAAGTAGTTTCACTGGAGGAAGCAACAGCGGAAGAA

>nucleosomal\_sequence\_512

ATCTTCTCCCCTGTTGCAGTCTCGCTTGTGCTTGTTGTGCCTGTTGTGCCTGTTGCGCTTGTTGCGCCTGTTGTGCTTGGAATTGTGCCTGCTGCATCTGCGCCTGCTGGGGCATAGGAGAATTTATCTGCGAACCTGGCATCACATTTG

>nucleosomal\_sequence\_513

ACGCCATTGATGATGTAGTTGATGATGTAGTCGATGATGTAGTTGATGTTGTGGAGGACGTTGTTGAAGAAGTTGTGGAAGACGACGCAGAAGTAGACTCCGTACTTGAATCTGAGCTGCTTATGCTATTGCTATTTGTGTCAGAGTCAA

>nucleosomal\_sequence\_514

GAAGGTAAGGCCTTGTTGAAGGTTGTTATGAGAAAGTTCTTGCCAGCTGCCGATGCCTTATTGGAAATGATTGTCTTGCACTTGCCATCTCCAGTCACTGCTCAAGCCTACAGAGCTGAACAATTATACGAAGGTCCAGCTGACGATGCC

>nucleosomal\_sequence\_515

GCTAAGCGTAACTGGTGCAAGCCATAGGTAGCCTCACTACGGTACAGAGGTTACTTTGAAAGCAAGAACCCTTCACATGTCACACCTGCACGCAGAGGCATGGAGAGGCCAGCACAAACCACCATGGATGGGTAAAGTCATAGAAGGAAA

>nucleosomal\_sequence\_516

TATGTCACTCAATGACATGCTTGATCAGCAATCCTTTATGCTAGACACTGCGGGAACCAGGGCTCAGCCGCTCCAGCAACAACAGCAGCAGCAACAACAGCAACAGCAGGCGTCGTTGCCTTCCCTTAATATTCAAACAGTTTCGTCTAC

>nucleosomal\_sequence\_517

ACTGGAAGAAGAAGCTCCAGAAGCATATCCATTCCTTGCAAAACGTTCGTTTCTGCGTGCCTGTCTTCTCCACTTTTGTCTCGGTCAGCCAACAGGCACGTGGTGGGTGTGCCTGGAGATTAGAAATTGTAGTTCCTCAGATTATGTAAA

>nucleosomal\_sequence\_518

TGGTTGTTGCATATGTTAATGTTGTGGTATAAACAGATGGGGAGCCGGAAATCAAGGTGGAAGCCGTTGAACCAGTCACGGAAGCACCGAATGAAGTGGAAGCGGTTGAACCAGTTACGGAAGCACCGAATGAAGTGGAACCGGAAGTAG

>nucleosomal\_sequence\_519

TTCAGTGGCGGAGGATGAACCGGAGGCGGATGAGCCTGATTCAGTGGCAGAAGATGAACTGGAGACTGATGAGCCTGATGAAGTAATAGAAGATGAGCCGGAGACTGAAGAGCCTGATGAAGTAATAGAGCTCGAGACTTCAGAGGACGA

>nucleosomal\_sequence\_520

TTAGCTCTTCCTCTGTCAGTTCTTCCTCAGCCGTTTCCTCTTCTGAAGCTGTCAGTTCCTCTCCAGTTTCCTCAGTTGTTTCATCTTCGGCCGGACCTGCTAGCTCAAGCGTTGCTCCTTACAACTCAACCATTGCTAGCTCTTCTTCCA

>nucleosomal\_sequence\_521

CACATCCCGCACTTGACAGTATTCCAAACTTTATACACAGTGGCAAGACTGAAGACACCAAGGAACCGAATCAAGGGTGTCGATAGGGACACATTTGCCAAACACATGACTGAAGTGGCAATGGCAACTTACGGACTGAGCCACACTGCA

>nucleosomal\_sequence\_522

CTTCTGATGTTAAAGTGTGTGGTGGTAAGACATTATTTCTCACCTTTGTCTTAGCTTGAGGTACTTCAGAGTGTTGATCCTGTGAACCGATTGGATCAGGTGAGGAAGTACTCAGCGGTGGGATATACTGTGGCAGCGGATAGTGTGGGT

>nucleosomal\_sequence\_523

AAAACTATGATCGATTATTTTGAAAGCCATGGTGCTCATAAATGCCCTGCTGACGCCAACCCAGCTGAATGGATGCTAGAAGTTGTTGGTGCAGCTCCAGGCTCTCATGCAAATCAAGATTATTACGAAGTTTGGAGGAATTCTGAAGAG

>nucleosomal\_sequence\_524

GATAACTCTTTCAGAGGCGGTAGTGGCTGGGGTAGCGATTCCAAGTCTTCTGGCTGGGGTAACAGCGGTGGTTCAAACAACTCTTCTTGGTGGTGATTTCAGACAAACTAGGGTGAGGATTCTTCGTTTTCTGCTCTAGCATGTCTTATA

>nucleosomal\_sequence\_525

ATATCAAAGAAGTATTTTAATTCGACGAAACTCATATTCTCCACACAGTGCAGGAAAGGTTTGGACTTGACAAGACTCTTAAATCCTCGTCCGGAAGCGAACCTGTCTCCACTCAAACTATCCAGATAGTGATTGACGTTATCAATTGTA

>nucleosomal\_sequence\_526

AAGTACTACTTGGAGACCAGGTGTTGCTGCTGCCTTCACCAGTCCAGACAAAAGTAGCATCTTGGGTGACAGTCTTAGTGTAGACGTGACCGTTCTTGGTGGCAGTGATAGTGGTAGTGATACTAGAACCAGAACCTTCATCAGCAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_527

AGAAGAACAGCATAATATTGCTACCAAAGAAGCAGAATTGCTTGTTAAGAAAGAAGAGGAAAGGTCGAAGAAGCTTGCAGCCACTAGAGTTTCTGGTGGCCATCTGGAGAGAGACAATGTGGTTAGGGAAGAAGATAAATTGTGGACAGT

>nucleosomal\_sequence\_528

GGAGACTGATGAGCCTGATGAAGTAATAGAAGATGAGCCGGAGACTGAAGAGCCTGATGAAGTAATAGAGCTCGAGACTTCAGAGGACGAGGTTGATGGAGCAATGGAGCTCGAGACTTCGGTGGAGGATGACGTTAACTCAGTGAGAGA

>nucleosomal\_sequence\_529

GTCACTCAAGCCGTCGAATCATCTACATCCTCCTCATCCTCCTCATCCTCCTCCTCCTCTTCTGCCTCTTCTTCTGGTGCTGCTCCTGCTGCATTCCAAGGAGCAAGTGTCGGTGCATTGGCCCTTGGTTTGATTTCTTACCTATTATAA

>nucleosomal\_sequence\_530

TTCTAGCAGCTTTCTCTTGAATTGATTCAAGGCCTTGTTATGGGCCTCCTGTTCAGGATCCACTCTAGAAGGCTCCTCTTCATGATGTTCTTCCGTTTCCTGTGGTTGTTCTGGTTGTTGTTCGTGTGACTGTTGGGTGTGATTGTCGCC

>nucleosomal\_sequence\_531

CTGATGAACCGGAAACGGAGGAACCAGATTGTGTAACAGAACCGGACGTGCTGGAGGCTGATGAACCGGAAGCGGTACCAGATTGTGTGATAGATGATTCAGATGCTGATGAGGATGAGCCTGATTCTGTGACAGAACCGGATGAGCTAG

>nucleosomal\_sequence\_532

AGCGGTTGAACCAGTTACGGAAGCACCGAATGAAGTGGAACCGGAAGTAGAGTTGGTAGCCCCTGATGTGGTAGATGTGGATGAGGGTGTAGCGCTGGAAGCAACAACACCTCCGTAATTTAGATAATAAGCATAGGCACCAGCAAATGT

>nucleosomal\_sequence\_533

ATTGTCGTCTTCGTCTTCATCTTCGTCTTCCCCTTCTTCATCTTCATCTTCTTCGTCTGCAACGTCTCTTGGGTCAACAGAAAGACCTGTTACACTTCTGGGTGTCTCAGATCCAACTACGTTATCGACACTATCGTCTGACTCATTCTC

>nucleosomal\_sequence\_534

AAAGTAGCATCTTGGGTGACAGTCTTAGTGTAGACGTGACCGTTCTTGGTGGCAGTGATAGTGGTAGTGATACTAGAACCAGAACCTTCATCAGCAGAAGAAGTCTCAGCAGCAGAAGAAGTCTCAGCAGCAGAAGTGGTAGCGGCAGCA

>nucleosomal\_sequence\_535

TTTCGTAAATTTCTGGCAAGGTAGACAAGCCGACAACCTTGATTGGAGACTTGACCAAACCTCTGGCGAAGAAGTCCAAAGCTTCTCTGGTGTCAGCTCTGTTACCGACGTAAGAACCAACAATAGAGATGGACTTGACGACTTGGTTGA

>nucleosomal\_sequence\_536

CCGTTGTAGATACCGACGACGGAACCGATCATTTCTGGAACAATGATCATGTTTCTCATGTGGGTTCTGACTGGAGCTGGCTTTTCATTTTCTGGGGCAGCCAACTTGGCAGCTCTCAACTTCTTCATGAAACCGGCTGGCTTGGAAGTC

>nucleosomal\_sequence\_537

TGCCAGCTGCCGATGCCTTATTGGAAATGATTGTCTTGCACTTGCCATCTCCAGTCACTGCTCAAGCCTACAGAGCTGAACAATTATACGAAGGTCCAGCTGACGATGCCAACTGTATTGCTATCAAGAACTGTGATCCAAAGGCTGATT

>nucleosomal\_sequence\_538

TATACTCCCTAGATCCACGTCAAAATGCTCCAATCTTATTATTGGAGAACACTCAAAGCCAGACTCTCTTGGTATCACGACCGTTCCTGATTTGACTCAGGAATTTGCCTGTCAGGGAGCTTTAATCCATTATCTGCTGCATATAGAACG

>nucleosomal\_sequence\_539

TGATCAATCATCGATTAACCATTAGTGATAAGAAACAATGTCTTTGGAAAGAGAGGAACCACAACATTTCGGAGCAGGGCCAGCTCAAATGCCTACACCAGTTTTGCAACAAGCTGCTAAAGACTTAATCAATTTCAATGACATAGGTTT

>nucleosomal\_sequence\_540

AGCCGAAGAGGTAATAGAACTTAAGGTACCGGAGGTGATAGAACCAGAGGCAGTGGAAGCCGATGAGGTTGATTGAGGAATTGAACTCGAGATACCTGGAGCAGAAGAAGCTGATGAACCGGAAACGGAGGAACCAGATTGTGTAACAGA

>nucleosomal\_sequence\_541

ATCGAGAAGGCTAGAGTGGAGGCCCAAAGTCACAGACTAACGTTGGAGGATCCCGTGACGGTGGAGTATCTCACACGTTATGTCGCTGGTGTGCAACAAAGGTACACGCAGTCAGGAGGTGTTAGACCATTTGGTGTGTCGACGCTGATT

>nucleosomal\_sequence\_542

CTTAGAGAACTGATAGAAAAGCAGATCATGGGCAGTAGATCGGAGAATGTGGGAACAGTGACTAGAGAAGGCTCCAGAGTGGAACAAGATGATGTCCTCATGGATGATGACTCTGACTCATCGGAATACGTGGATATGTGGATCGATTTA

>nucleosomal\_sequence\_543

GCATTCCTAACTCAACAACCTCAATCTGGAGGAGCTCCAGCTCCACCCCCACCTCCTCAAATGCCAGCTACATCAACATCCGGAGGCGGTTCATTCGCTGAAACTACTGGAGATGCAGGTCGTGATGCACTTTTAGCTTCAATTAGAGGG

>nucleosomal\_sequence\_544

TTCAGTAAGATAACTTAGCGCACACTTTCCTACTTTAAGCTCACCAAATGGCATCCCCAGGATCGACAGCATTACCACACAAGCGACAAAGAGTCCGAAAGGCTTGCGTGCCCTGTAGGGAACGTAAAAGGAAATGTAATGGCAAATCTC

>nucleosomal\_sequence\_545

CGACTAGGTTTGATAGCACGTTGGAAGACATACGGAAGGGCAAAAGAACTGTCTTCCCTGTGTCCGGATGCACGGTGGAGTCCAGTTGTTTCTTGGCTCGCCAGAACTCCGGAGTAGTCTCTTTTAGTTCACCGTGACGATACGCACTGA

>nucleosomal\_sequence\_546

TCGTAAAGAATATCATCATAAAGTATGGTATACAAAATTTACTGTGCAACAACAGCACAATGCAGTCCATGATCTGCTCATCTGAGCACGAAAACCTAACCTGCAAGTACTGGCCTGTTAGCTTCCTCGCTTCTTGGTGTGAGAATGGGT

>nucleosomal\_sequence\_547

GTGTAACAGAACCGGACGTGCTGGAGGCTGATGAACCGGAAGCGGTACCAGATTGTGTGATAGATGATTCAGATGCTGATGAGGATGAGCCTGATTCTGTGACAGAACCGGATGAGCTAGGAACCGAAGAAGCGGAGCCTGATTCTGTGG

>nucleosomal\_sequence\_548

AAACAGATGGGGAGCCGGAAATCAAGGTGGAAGCCGTTGAACCAGTCACGGAAGCACCGAATGAAGTGGAAGCGGTTGAACCAGTTACGGAAGCACCGAATGAAGTGGAACCGGAAGTAGAGTTGGTAGCCCCTGATGTGGTAGATGTGG

>nucleosomal\_sequence\_549

TCTGGTAGAAGCTTCAATAGCGGCTTCGGAAACGGAAACGTTGATGACACCGTGAGCACCACCGTCAGTGGCCTTTAGAACAGCACCGACAATGTCCTTTTCCTTAGTGAAGTCAATGAAGACTTCACCACCGATGGATCTGAATAATTC

>nucleosomal\_sequence\_550

CACTGACTATTCCTTGTCAAAGTACAATCCTGACGATACCATTGCTCCTCCTCAAGATGCCACTGAAGAATCACAAACAAAATCTCTGAGATTCTTGCACAAGGGTGGAAGCAGAAGATCTCCAAAACAGATTGGAAGAAGAAACACCGC

>nucleosomal\_sequence\_551

TATCAGATGCAACAACAGCAACAAGCTCAAGCTCAAGCTCAAGCTCAAGCTCAGGCACAGGCTCAAGCACAAGCTCAAGCACAGGCGGCACAAGCGGCGCAAGCGCAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAGGCACAGGCACAG

>nucleosomal\_sequence\_552

GAAGAAGTAGCAGCAGAAGAAGAAGCTTCACTGGAAGAAGCGACGGCAGAAGAAGTAGCTTCACTGGAGGAAGCGACGGCAGAAGAAGTAGTTTCACTGGAGGAAGCAACAGCGGAAGAAGTAGCAGCAGAAGAAGCTTCAGTAGAAGAG

>nucleosomal\_sequence\_553

GAGCTAAGAAAGTGTATAATTTGACTAACAATTTCAAGTAGACATTGTCAGACTTTGGAGCAGTTCTGTGACCAGATCTCTTGTGTTGCTTGGAAGTGTGATCGATACCCATTGTGAATCCGTAAGCTTGATGATCTCTTCTTGTGATGG

>nucleosomal\_sequence\_554

GCAACAGTTCCAGGGAATCATCCTCATCAAAAGAACCTCCATCAGAGCTCAAAGTTCCATCATCCAGACAGGACAAGCAGCTCAACAAGGATAAAGAATCTCCGCTTCTGAGTTGACCATGCTTATTGAACATATGGTGTGATTGCGATT

>nucleosomal\_sequence\_555

GATTGGAGACTTGACCAAACCTCTGGCGAAGAAGTCCAAAGCTTCTCTGGTGTCAGCTCTGTTACCGACGTAAGAACCAACAATAGAGATGGACTTGACGACTTGGTTGAAGACATCAGAACAACACTTGGCACCAGCTGGCATACCGAC

>nucleosomal\_sequence\_556

AGCCCACATTTCTTACGAGGCAGGTATCTTGGAAGACCCAGATACCACCCCACCAAAGGACATGTGGAAATTGATCGTCGATCCAATGGATGCTCCGGACCAACCACAAGATTTGACCATTGACTTTGAACGTGGTCTTCCAGTCAAGTT

>nucleosomal\_sequence\_557

TTTGGTTCATCATCGTCATAGTACTCGCCCTCCTCCTCGTCATCTTCTTCAGATCCGCTTGAGCCGTCTTCTTCATCATCTGAGAATTCCTCTGTGCCAGAACTACATTCGTGGTCAGCGTTATCAAATTCAAATTGCTCAGAAGCAGCA

>nucleosomal\_sequence\_558

TTGTGCACCGTAGAATTGTAGAATACAAATACATAAATAAGTGTGTTCCCGAAGGACTAAGGAATGACGGCAGAGGAGTCTTGTGACCGCCCTGCTGCAAAACTTGGCAAGGACAGAAATTAAGTAATAGATACGCACAACCTTGGAGCA

>nucleosomal\_sequence\_559

AAACTCTCATATAGGTCTTGGATTTTGGTCTCCCCTTCATCTCCGTCATGTCCGTCGCCTTCTTCATCTTCTTCTGACCCCAGTCTAGACTGTGAACGTCTTTTGTCTCTTTCTGATATCCTTGATGATCTCCTTCTAATACCATCCCTT

>nucleosomal\_sequence\_560

AGGCTACGATCCGTGGGATTTACTGAGCAAGAAATCGAACTGCTGAGGCAACAGTTTCGGGCCACGTATGGAGATTTGGAGGAGGAGGAGGAGAGACTTGCTCAAAATGGCAACAGAGATGATGAGGGCCATGACATTAGACAGTTGGAG

>nucleosomal\_sequence\_561

ACAAAGTGATCAAGACATAGGGAAACGCCAACCACAATTTCAACAGCAGCAGCAGCCCCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAGAGACAACACCAGGTCCAGACACAACAACAAAGACAGATACCTGATAGGAGATCTCTTTC

>nucleosomal\_sequence\_562

CCGGCAGGGCATCGTAGTAGTCTGGATCAACGATGACGTGACAGGTGGAGCAGGCACAAGAACCGCCGCATGCGCCCTCCATGTCCAGGTTGTGACCTTGAGCGATGTCCAGGATGGTTTCGCCCTCACAGACTTCGTACGTCTTCTGGG

>nucleosomal\_sequence\_563

CTGTTGGTAAGCAAATTGTCAACATCCCCTCTTTCATGGTCAGATTGGACTCTGAGAAGCACATTGACTTTGCTCCAACATCTCCATTCGGTGGTGCTAGACCAGGCAGAGTTGCTAGAAGAAATGCTGCAAGGAAGGCGGAAGCTTCTG

>nucleosomal\_sequence\_564

TTGCTCGGGGATAGTAATAATGCGGGGGGGAAGACGAAACAGACCGTGTGTGGTGTGGGTGGGATTTCGTGGGAGCACGTGGCGAGCAGAGGAAGAGCCTCACACAATGCTGCGTTCTTCATAAAGGGGATCAAAGCAAATAGATAATCG

>nucleosomal\_sequence\_565

TCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTTGAGGAGCTTTGGAAGTTGGAACCTCTGGCTGCACTCCAGTCAATATCTGGCTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGCCTCGAGGAGCTTTGAAAGTTAGAGCCTCTAGCTGCACTCCAGTCAATATCT

>nucleosomal\_sequence\_566

TTTAGGATCTGATGCTTATGTTGTTTCAAGATCAATGACCCAGAAGGTCTCGGATGGGGTCAAAGCCCTAATTTGTGGGGTTGTTGGCGTGGGGATGATGTGTTCTTTGTCACCTCAACTATCAATATTGTTACTATTCTTCACTCCACC

>nucleosomal\_sequence\_567

CAAACTGAGCACCTCTGGCAGCACCCCAATCCAAAGCTGGTTCTTCCTTTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTTGAGGAGCTTTGGAAGTTGGAACCTCTGGCTGCACTCCAGTCAATATCTGGCTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGCC

>nucleosomal\_sequence\_568

GCTGTACGTTCAGTGACAATAAAGGATTGTCATGCATATGTGTGTGGCTGTGACTATGAGTATGTTGCAACAACGACTTCACAGAGGAAGCCTTGCCTTCCTTCTTTCCTTCACTTTCATTCTGTCTGGAATTCGATCCATTCTGTGAAG

>nucleosomal\_sequence\_569

ATGATTTCTTCGGATTCTTCAATGGTTGGGCTTTCCTCTTCTTCGCAGTGGCTGTCTCAGAATCCTCATGATCTGCTTCCTTGTCACCAGAGTCATCCTCCTCAGGGACATGCTCTAGCTCCGACTCCTGACCAACGCTGTTTCCGCCTG

>nucleosomal\_sequence\_570

AGCGTTGGAGATACCTTGACCTAATGGACCGGTAGTAACTTCAACACCTGGCAACTCAAATTCAGGATGACCTGGTGTTCTGGAACCCAACTGTCTGAACTGTTTCAAGTCTTCAATAGACAGATCGTAACCAGTCAAATGTAGCATAGA

>nucleosomal\_sequence\_571

AACACTCTCAAGATAGAGTTGAGTCTTCTGATATCCAGGAAGCCTTGTCAAGATTGCAACAAGAGGACAAGGTCATTGTCCTTGGCGAGGGTGTAAGGAGATCAGTTCGCCTGAATAACCGTGTCTGATGCTGTCTACTACAATCATTCC

>nucleosomal\_sequence\_572

ACCACAATTTCAACAGCAGCAGCAGCCCCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAGAGACAACACCAGGTCCAGACACAACAACAAAGACAGATACCTGATAGGAGATCTCTTTCACTTTCTCCTTGTACAAGAGCCAATTCTTT

>nucleosomal\_sequence\_573

TTAATATGTTGTTGATTTCCTCATCTGGTCCAATCAAGACACCTGTTGGTGCCTGTGCCACATCCGTGGAATCTGTTGACATTGGTGTAGAAACCATCTTGTCTGGTAAGGCTAGAATCTGTATTGTCGGTGGTTACGATGATTTCCAAG

>nucleosomal\_sequence\_574

TCCTTAAACTGTGAAAGAAAGAATAGCGATACAAATGTCTAGGCAGTCCCTAGGACAGTGCCGGAGTTGTCATTGTGGAGAGGCAATGGTGTTTCTGTGGACATTAACGGTTCGTAATCTTTAGTTCTGTCGATATCCTCATCTCTGTAA

>nucleosomal\_sequence\_575

TCTGAGAAGCACATTGACTTTGCTCCAACATCTCCATTCGGTGGTGCTAGACCAGGCAGAGTTGCTAGAAGAAATGCTGCAAGGAAGGCGGAAGCTTCTGGTGAAGCTGCTGATGAAGCTGATGAGGCCGATGAAGAATAATTGTGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_576

TTTAACATACACAAACACATACTATCAGAATACAATGACTAAGCTACACTTTGACACTGCTGAACCAGTCAAGATCACACTTCCAAATGGTTTGACATACGAGCAACCAACCGGTCTATTCATTAACAACAAGTTTATGAAAGCTCAAGA

>nucleosomal\_sequence\_577

CCGGTGTCATCAAGCCAGGTATGGTTGTTACTTTTGCCCCAGCTGGTGTTACCACTGAAGTCAAGTCCGTTGAAATGCATCACGAACAATTGGAACAAGGTGTTCCAGGTGACAACGTTGGTTTCAACGTCAAGAACGTTTCCGTTAAGG

>nucleosomal\_sequence\_578

GACCTATCCTTGTAGGTATTTTTGGTTTGTTGAGGCTTACCAAACTGAGCACCTCTGGCAGCACCCCAATCCAAAGCTGGTTCTTCCTTTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTTGAGGAGCTTTGGAAGTTGGAACCTCTGGCTGCACTC

>nucleosomal\_sequence\_579

CTTTCCTCTTCTTCGCAGTGGCTGTCTCAGAATCCTCATGATCTGCTTCCTTGTCACCAGAGTCATCCTCCTCAGGGACATGCTCTAGCTCCGACTCCTGACCAACGCTGTTTCCGCCTGGCGAATTCTTAATGTTGCTATCGCTGCTGC

>nucleosomal\_sequence\_580

TTTATTCTCTTGACTCGTCCATCATAGAGCTTTATAGAAATGTCAGAGAAGGCTTCTGAAGAGAGACCCATACGGCTGGCCGTTCTGGGGGGCACTTCTACCGGAAAGACCTCCCTGGTATCTAGGCTTACTGTTAATATCGTCCACGAG

>nucleosomal\_sequence\_581

AGACGTACTCAAAATGTCTCAGAACGTTTACATTGTATCGACTGCCAGAACCCCAATTGGTTCATTCCAGGGTTCTCTATCCTCCAAGACAGCAGTGGAATTGGGTGCTGTTGCTTTAAAAGGCGCCTTGGCTAAGGTTCCAGAATTGGA

>nucleosomal\_sequence\_582

GCCTCTTGCAGCGCTCCAGTCGATATCAACTTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTGGAAGAGCCTTGGAAATTGGAACCTCTTGCAGCAGTCCAGTCAATATCAACTTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGACCTCTGAAGTTAGAACCTCT

>nucleosomal\_sequence\_583

CCAAGATGCTTTGACAGCTTCCACTGAAAACGGTGTCAAGTTGAGACAAACCGATAGACTGTTGGATGGTGTTGCTGATGGCTCCATGAGATCCAAGGCCGACAGGATGGCCAAGATGGAAAGAAGAGAAAGAAATAGACATGCCAAGCA

>nucleosomal\_sequence\_584

GAAGATGCAACTTTCATGGAAGGATATCCCTACTGTCGCTCCAGCAAATGATTTGCTGGATATTGTCTTGAACAGAACCCAGAGAAAGACACCAACTGTGATCAGACCTGGTTTCAAGATTACAAGAATCAGAGCGTTCTATATGCGTAA

>nucleosomal\_sequence\_585

ACAGGTGGAGCAGGCACAAGAACCGCCGCATGCGCCCTCCATGTCCAGGTTGTGACCTTGAGCGATGTCCAGGATGGTTTCGCCCTCACAGACTTCGTACGTCTTCTGGGAGCCATCCTTCAGAATAAAAGTTATCTTCAGTTCTTCGCC

>nucleosomal\_sequence\_586

AGAATCAGAATGAGTATGAGTATGATTTGTTGATTTAGTGTCATGAGAGTGCTCCAAATCACCTTTAGAGTCAGAGGTTACATCAACAAACTCGACGTCCACCTTCCCACGTTTGGCACCTTCATACGTAAATCCTCTCTTATAGTCGAA

>nucleosomal\_sequence\_587

TTACCTTCTTTTGGAAGGTTTAGTAGTCGTATCTCTTTCAATGATTCCGCCTGTATCCTCCAGACGCTCTTCCTCAAGGGTCACCTGATCTCTTCTTTCCCACCAACGGTCTTCACATAACTCAAATGACTTCGTCTTTAACTGTTTACC

>nucleosomal\_sequence\_588

CTAAGCAGGTTATCAGACAGAGAGTTTGCCACAGGTAAATTCAAGTTTGTTCCTCCTGGGGTGAAGGTCGAAAAACTGACACCAAAGCAAGAGGAAGAGTTGAAGGCCAAGACCATTGCAAAATATGAAGCTCTAGACAAGGATCCTAAA

>nucleosomal\_sequence\_589

ATTGGCTTCTAGAATTGAGAATAAGTTGAAATCTCAGTCTAGAATCAACAATGTTCTGAACAAGATTCATGTTGCTCAACCTCAAGCAAGAGATGATGTCAAGAGAACACCATTTATCCCAGAATCTGTCAAGAATTTGAAGAAATACGA

>nucleosomal\_sequence\_590

ATTATCAACAACAGCAGTCAAACACCGGTAACTACAACTACCACATCCACAACAACTGCGACATCTTCTCCTGGGAAATTCTCCTCTTCTCCGAACTCCTCTGTACTGGAGAACAACAGATTAAACAGTATCAACAATTCAAATCAATAT

>nucleosomal\_sequence\_591

ATAACTCACAAGGACCCCAGAATCAGCCAGAACAAGAAGGACAAAGTGATCAAGACATAGGGAAACGCCAACCACAATTTCAACAGCAGCAGCAGCCCCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAGAGACAACACCAGGTCCAGA

>nucleosomal\_sequence\_592

TTCTTTCAGACAATCTCTTAGCCAACAATTGAGCGTATTCGGCAGCAGCTTCTCTTTGAGCTTGAGCGTTTCTGACCTTCAAAGCTCTTTGGTGTCTCTTTCTTTGCAATCTTTGAGGAGTAACCAATCTTTGGATCTTTGGAGCCTTGG

>nucleosomal\_sequence\_593

GTAATTTGTCATTCGTGCCATTATTCTCTCCGAAAGTTTGTGAATGTGAGGATAATGGTGAGTTCATTTGTGGCTGAGAGCTTACAACAGGTGGTGGAGATCTCACTGGAGAGTCTCCGTAGTTTACACTATATAGTGCCATATCTTCGA

>nucleosomal\_sequence\_594

AGCCAAGTCTGTCCACCATGCAAGAGTTTTAATCACTCAAAGGCACATTGCTGTTGGTAAGCAAATTGTCAACATCCCCTCTTTCATGGTCAGATTGGACTCTGAGAAGCACATTGACTTTGCTCCAACATCTCCATTCGGTGGTGCTAG

>nucleosomal\_sequence\_595

AGGTCGATTCTTTGCATAAGAGGCTACTGACCGAAGTTAATGAGGAGCAAGCAAGTCACTTAAGGCACTCCCTGGACAACTTCGTCGCACAAGCCACGGACTTGCAGTTCAAACTGAAAAATGAGATTAAAAGTGCCCAAAGGGATGGGA

>nucleosomal\_sequence\_596

CCATCAGTAGAATTCGTTATGCTATCCTCTTCATCTGAAGATGGCTCGAAGACTCCTTCATTGTGTTTGGCGGAGCTACTTGCTGCAGTTGTGTTGCTTGTATGACTCCCAGTAGAATGATGCTCTGTATACGCAAGTACCAAACTTGCG

>nucleosomal\_sequence\_597

GATGTCTTGGACCAAGAACCGGACGCAGGTTTAGGTAATGGTGGTCTAGGTCGTCTTGCAGCTTGCTTCGTCGACTCAATGGCAACGGAAGGCATCCCTGCCTGGGGTTATGGTCTACGTTATGAGTATGGTATCTTTGCTCAAAAGATT

>nucleosomal\_sequence\_598

CCCAATCAAAGCATCTCTTTCCATTTCACCGACACGAATACCACCATGTCTCTTTCTACCTTTGACAGGCTGCATAGTCAAACTATTCACAGGACCAGTGGAACGAACTTGGAACTTGTCATTGACCATATGACGTAATCTTTGGTAGTA

>nucleosomal\_sequence\_599

GTCTTCTTGGAAGACATGTAGGAGGACATGGAAGAGTCTCTCAAGGCTTGAGCCTTCATGATTCTTTCCATGTTAGCAGACCAACCAAATTGACCAGTTCTGATAGCAGCTGGGGCATCCAACAATTTGTAAGAAACAACAACTTTCTCC

>nucleosomal\_sequence\_600

GGTGTTCATAAACGTGGTCAATTGCGTTGGCCTTTTAAGCATGAGCTCCAACGGTCCAGAGCCCATCTGCAGTTGACAGGGCCTGAAGAAAAGATTCATGACAGTCATGTTCCTGGTGAGGGTGCCTTGGGTGTAACACTTATCCTTACA

>nucleosomal\_sequence\_601

GAGAGTAAATCAAACACACGTAGAAACAAGTAGCAACTAGAACAGGTTCAGTGACAGAGAAGTACAAAGGTCTCAACAGACAAGCCCTCATCATTTCACCCATACTGACACCTTGCGCTTCCTGCTCAGTCATAATCTTGGGATTACCAG

>nucleosomal\_sequence\_602

GAAGCCACCAAGGGAATGATCACCAACTTGCAAAGAAATGTGGATCGCTTGTACAAGCTGAACGTGAGAAGCAACGATCCTCAATCCAGCTTGTCTAAGGTGGACATTCCCTTGGAAGTTGTTCAATACATTGAGGACGGTAGAAATCCA

>nucleosomal\_sequence\_603

GTTCCGATGAAATCTTCGGTGGTTATCTATATTTCGCACAAGCTCCTTCTGCGGCAGAATTTCACACTGAATCCGTGCAACGTGTCAAGAACTTGCATTTGGCAGATTGTTTGAGAGCTAACAAGTCTACGATGGCTTGGGGTCTAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_604

AGAAGGTAAATGAAGATTCTCCATCATCTTCTTCAAAACTAGCTGAACGACCTCGTCTTCCAAACAACGACTCCACTACTAGCATGCCTGAAAGTCCCACCGAGGTAGCTGGTGATGATGTTGATAGGGAGAAACCGCCAGAGTCAAGTA

>nucleosomal\_sequence\_605

TGCTCACGGGACATATCTTTACATGCGTTGTAAGTATTGGAAGCAAAGTGACACCACACCTCTTCCACGTGTTATTCGTGGTGGATGTTACAGTTTCAGGGTCAGCCGTGAAGCTTTCTAAATTGAACGTTTCCTCGAGAAAGCTGTTCT

>nucleosomal\_sequence\_606

TTAACTAGCTTTGGGGGAGAGCCATGGAAAATAGCACTCGGTCTTGTGGCGGAGTTGGATTTGCTTGACTGTGGCCCCCTCACGCTGTTTAATGACGACGAGAGGCAGCAATGATGTTGTTCATTTCTTCGACCTTAGCCTTGGCTCTGG

>nucleosomal\_sequence\_607

TGGCAGATAATAGTTGTTGCTGGTCCATTGGAGTTTGAGAAGGTGGTTGAGGAGGCGGACCAGCCTGATAACGACCATACCCTTGAGGAATTTGTTGTTGTGGAGGTGGTGGTGGAATAGAAGTCTGGTAGCGACCGTAGCTCTGATTCA

>nucleosomal\_sequence\_608

GTTGAACGAATAATGGAATATCCGACTTAAGACTTTGGGCCACAGACTTCACGGTGCTCACGCTACTTGCATGAGGTCTTCTAAGTGTCTTCAACGAACCTTGGGGTGTTGAGCTAAATGTATTCAAGGTATTGGTTGAATGGATGGATG

>nucleosomal\_sequence\_609

GTTTGGTAGGGATCTGAAGTGTGCTAAAGTTTCAATAGGTTGATGTGTTGGACCATCTTCACCGACACCGATAGAGTCATGTGTAGCAACCCAAATAACTGGGTGGCCAGACAAAGCGGACAATCTAACGGCACCAGCAGCATAAGAAAC

>nucleosomal\_sequence\_610

GTTAAACGTGGAACAAGCTATATCACATCCGTTCCTAAACGAGGTGCGGAAGCCAGACGACGAGCCTGTTTGCCTTCAGGGTCCTTTCGACTTCACCTATGAATCCGAGTTGAATTCAATGTCCAAATTAAGAGACTACTTGGTTGAAGA

>nucleosomal\_sequence\_611

GCCTTTGAGAAATCTAACTGAAACGCACAACTTTAGTAGCACAAACCTGGACACAGATGGTACAGGCGACGATCATGATGGTGCTCCTCTTTCCTCATCTCCTTCTTTTGGACAACAAAATGACAATAGCACCAACGATAATGCTGGTCT

>nucleosomal\_sequence\_612

TTCGTGGTGGTGGGTTGTCCATTAGTGATATTGCTCAAGGTAAGTCTCAGAATGCACCTTCAGATGGCACCGGCTCATCCACTCCACAACATCATGACGAAGACGAAGATGAATTATCTCGTCAAATCAAGGCGGCTGCCTCTACCTTAG

>nucleosomal\_sequence\_613

CATGGCCTACAGATGAAATATGTGCTCAACTAATGACACAATTCCCACCAGGAACGCCGACCAGTGTCCTGCTGCAGACTATTTCAGATGAGCTAGAGAAAAGTTCTGACAACCTGTTCACGTTATCTGATTTAAAGAGCAAACTGAAAG

>nucleosomal\_sequence\_614

AGCATCAGCAACAACAACAACAACAACAGCAACAGCAGCAACAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAACAACAACAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAAGGACAAATACCGCAATCTCAGCAAGTTCCTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_615

TCATGTGCAAATACAACAGCAGCAACAAAAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCATCAGCAACAACAACAACAACAACAGCAACAGCAGCAACAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAACAACAACAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAGCA

>nucleosomal\_sequence\_616

GTCATCATTGGCATCGTAGTCCCAAGCAGGACATGAGTTACAAGCACTCAAAGTGTTGGCACCAGCGGATTCAGCTTCACTGACAGTCTGCAAGGTGATGTTGAATTGGTCACCTAAACCATCAATGAAATATTGAGCAGTGTCATGACA

>nucleosomal\_sequence\_617

CCGACCAACTCATTGACCACAGATCTTAAATATTGGTACTCTTCCACATCTCCACGACTTGGCACTGCAACCTGTACCAGAACAACCTTGCCCCTCCATTCTGGATGCTCGTTCAGAAACACTTCCATGGCGTGCAACTTCTGAGGCACA

>nucleosomal\_sequence\_618

TAATTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTGCCTGCGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGCGCTTG

>nucleosomal\_sequence\_619

CTTCCACATCTCCACGACTTGGCACTGCAACCTGTACCAGAACAACCTTGCCCCTCCATTCTGGATGCTCGTTCAGAAACACTTCCATGGCGTGCAACTTCTGAGGCACACCTTTGATGTAATCCAGCCTGTCGACACCAACTATGATCT

>nucleosomal\_sequence\_620

AACAGCAGCAACAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAACAACAACAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAAGGACAAATACCGCAATCTCAGCAAGTTCCTCAAGTTAGATCCATGAGTGGACAACCTCCCACCA

>nucleosomal\_sequence\_621

CAGCAGGGATATAACCAGCAGGGATATAACCAACAAGGCCATCAACAACCAGTCTACGTCCAACAACAACCACCCCAGAGGGGTAACGAAGGTTGTCTGGCTGCATGTCTGGCTGCATTATGTATATGCTGCACCATGGATATGCTATTC

>nucleosomal\_sequence\_622

CAAACAACTCAAGATCCGTTAGACATTTCAGCTTCCAAAACAGAAGAATGTGAGAAGGTTTCCACTCAGGCTAATTCTCAACAGCCAACAACACCTCCCTCATCTGCTGTTCCAGAGAACCATCATCATGCCTCTCCTCAAGCTGCTCAA

>nucleosomal\_sequence\_623

GTCATTTGTGGCCTTCGGAATATTTAGCTTTAAATATGGCTTCCCTGAGAGCTTTCCTCTATTGCTGTTCAGTTGGTGCAGGTGATGGACCATCGCCTGCACTGGAGCTGGACCTTCCAAAGTATTTGATATAGCAACTGTCGGGTGTAT

>nucleosomal\_sequence\_624

TTGAGATAACACCAGCACCTGCGACACCTCTTAAGATGTTAGCACCACAACCCTTGAATAGAGAACCAACACCTTCAGCAGCAACAATCTTCCTCAAACAGTCAAAGGCACCGTCGTACTTAACAGCTTGACCGGAGGTCATCATCATTC

>nucleosomal\_sequence\_625

ATCTGGTTATGTGTCTTCATTTGGTAATCACTGGGATGTTACTGGGGCAGCAGCAACTCCGTGTGTACCCCTAACTCCGTGTGTACCCCTAAAGAACCTTGCCTGTCAAGGTGCATTGTTGGATCGGAATAGTAACCGTCTTTACATGAA

>nucleosomal\_sequence\_626

AGTACTACAAACATGCAAGATTCGAACCCCAGCTATGGAGCTTCACCCATGCAAGGTCAGCCTCCAGTCGGTGGACAACCGCCTGTGCCTGTAAGAATGCAGCCACAGCCACCGCAACCAATGCAACAGGGAAACATCTATCCGATTGAG

>nucleosomal\_sequence\_627

TAACGTTTCAGCTTCCGCTAGCTCTTCTTCCTCTTCTTCTAAGAAGTCTAAGGGTGCTGCTCCAGAACTTGTTCCAGCCACTTCATTCATGGGTGTCGTTGCTGCTGTTGGCGTTGCTTACTATAAGATTAAAGCAACAATTTGTGTTTC

>nucleosomal\_sequence\_628

TTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTGCCTGCGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGCGCTTGTGCATGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCCTGTGCTTGCGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCTTG

>nucleosomal\_sequence\_629

CTCAACTGTACTACAATAGCAACGTCAATGCTCACAACAACAACAACAACAGCAACAACAACAACAACAACAACAACAACAGCAACAACAACAACAATCTTTACAACCAGACGCAGTTCTCCACGAGGTACTTCAACTCGAACTCCTCTC

>nucleosomal\_sequence\_630

GTTTCTTATCTGTTCATTCCAAATATCTTTTATGCTCTCCCCCATGGTCCTGCTCCATGCAGTGCCATCATCCGTCACAACTAGCTTGCGGTTCCTGGTCTCCCCAGGTACCACTTCTTTTCTATCCACCAGGTCCTGTACCTGATGATC

>nucleosomal\_sequence\_631

TGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGCGCTTGTGCATGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCCTGTGCTTGCGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGCGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGAGCTTGTGCTTGTGCTTGAGCTTGTGCTTGAGCTTG

>nucleosomal\_sequence\_632

TCTGCAAGACCAACTAAAGTAGACCCTACCGGTATCTCTACCATTGTTCCTATGGCCTCTCATGTAGATCAAACTGAGCATGACCTGGACATCTTGGTCACTGACCAAGGTTTGGCGGATCTAAGAGGTCTATCGCCTAAGGAAAGAGCC

>nucleosomal\_sequence\_633

TTTCAGGAAACCATACCCATATCTGAAAGTGGACGACAAGTGTGGTGTTGACTCCATCCCGGTTGATCCTGAAAAGGTTGTTGCGATTGTGGAGTCCACCATGAGGGACCAGGTCCCACCAAATACGCCCTCTGACGACATGTCCAGGGC

>nucleosomal\_sequence\_634

CGGAGATGAAGAACCACTTGTCAATAGACTTGTCAATTGGAGCATCTGCCTTTGGAGAAGCTGGTGGGATGGCATCAGAGGCAGCCTTGGAGTAGGTTGGGGTGTCAGGCAAAGTAACATTGGTCAAATCAATACCCTTGCTGTCAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_635

ATCGAACAGCCGCAGCGGTGGCATCAGTAGTTTCGGTAGTAGCCGTTGGTCTTGCAGGCATGGCAGGAGGAGGGCCCTCTTCATCCTCATCTGGAGCTTGGTCTTCTTTACTTTGCATCATACGAGCTCTATCATTGTGTTGAGGAGGTG

>nucleosomal\_sequence\_636

TGGATCAGGCATGTACCTGTAATCGATCGTGGTTTCTTTGCTTCTCAACTTCACCGTTGATGAGCCTGTCCAGCCCCTTGTTTCTGGCTCCATCAGTGAGCTAGTGTCACCCACAGAAATCAACTCAACTTGCCGCTGATATTCGTACTT

>nucleosomal\_sequence\_637

GAAGCACTAAATTCCTATTATGCTTCTCAAACGGATGACCAAAAGGATAGAAGAGAGGAAGCACATTGGAACAGACAGCAGGAGAAGGCCCTCAAGCAAGAAGCCTTCTCCACCAACTCTTCGAATAAAGCCATAAATACGGAGCACGTT

>nucleosomal\_sequence\_638

CTGAATTTCTTGCTTCGCTTGTTGGTACGTTCCTGGACGCAACTTGAACAGAGCAGTTTCAGCTTCCGAGACGAATCCGTGGCTCACCAGCCACCTTGGAGATTCGTCCACTTTGAGCCAAGCTAAAATATTCGCTACCGCAATCACGGA

>nucleosomal\_sequence\_639

GTTCTTCAATGTTGATTCTAATGGATGTCTGTCATTCAATTGTGTGGAAAGAGGTACTGCACCGCCTTCTTGCTGGCGTAATGTGTCTGGCAAGGAGGGCACTGCAGATGAAAGAACACTTTTGTCTTGATCTGTAGAGACTTGAGATTT

>nucleosomal\_sequence\_640

CCAACACGTGCGAGAACGTATCGACATCTTCGTTTGTCACAGACCCGCTGTTGTTGTTGTCAAACTGAGAATTCCTGTTCGAGTCTGAGTCAGAGACAAACATCGGTCTCATCTTCTCCCAAAGTCGAGATGCAGGCACCAAGAGCAGCC

>nucleosomal\_sequence\_641

AAACACCATCTGAAGCAGCAAAAGAGATGGAGTTACCGAAACAACTCGACCAGACACCAGAACCGGCAGTCCCCCCTTGGTTGTTCATGAATGTACAGTTGCTAGTAGAGCCTGGGACAAAGTAGGAACCTCTGGACCAGTCACCGTTAG

>nucleosomal\_sequence\_642

CTTGTGCCTGTGCTTGCGCCTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGCGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGAGCTTGTGCTTGTGCTTGAGCTTGTGCTTGAGCTTGAGCTTGAGCTTGAGCTTGTAATTGAGGGGAAGCTCCATTACTGTACATTG

>nucleosomal\_sequence\_643

CCAAGACATGCTCGTAGGCTTCCTTCGCACCTTGCCACTCTCCCATACTCTCCAAAACACTACCCAACTGAAACCATATGTCCCACTCCTGCAAGGGAGCAGGAGGTTGAGGGAGAATGTATCTGAAGCATTCCAAAGCTTGAGACCATT

>nucleosomal\_sequence\_644

TTTCTGGTGAAATTCCATCTACCTTGAATGAAGAGAGTAAAGACAAGGTCAAGGTCAAGGAGAGCAGCTCTGGTAAGTTCAAGAGAGTCATCACTTTGCCAGACTACCCAGGTGTGGATGCAGACAACATTAAAGCAGACTACGCAAATG

>nucleosomal\_sequence\_645

AGTTACCGAAACAACTCGACCAGACACCAGAACCGGCAGTCCCCCCTTGGTTGTTCATGAATGTACAGTTGCTAGTAGAGCCTGGGACAAAGTAGGAACCTCTGGACCAGTCACCGTTAGTGTTAGAAGATGATGACGAAGATGATGAAG

>nucleosomal\_sequence\_646

CTCTAGGACAATTCTATTCAAGTCTGACGCCGAAAACGGACCATTGGACCTCCCCTGCTGTTGAGACTGGCCTTGACTCTGTTGCTGTGGCTGCTGGCCGGAATTGGCGCCAGCAGCATTATTAGTTCGTTGATTCTTTACTGGTTGTGG

>nucleosomal\_sequence\_647

CAACAACAACAGCAACAACAACAACAACAACAACAACAACAGCAACAACAACAACAATCTTTACAACCAGACGCAGTTCTCCACGAGGTACTTCAACTCGAACTCCTCTCCCTCGTTGACTTCTTCCACTTCTAACTCATCCTCTCCATA

>nucleosomal\_sequence\_648

CTCATAAGCTGGGTATGAAATTCATCACCGATTTGGTTATCAACCACTGTTCTACAGAACACGAATGGTTCAAAGAGAGCAGATCCTCGAAGACCAATCCGAAGCGTGACTGGTTCTTCTGGAGACCTCCTAAAGGTTATGACGCCGAAG

>nucleosomal\_sequence\_649

CTGTCATCATGGTGAGATATTCGTTGTTTCTTACTTGGGAACTGGTGCTGTTGCAACTGTTGCTGCTCCGGTTGTCTTTTCATGTGAGCAGAACTAAAATCTTGGTCTTGGTCAGAATCTCGATTATCCTTCACCATGACGAGAATGCGT

>nucleosomal\_sequence\_650

GCAACATTGGAACTCCATCTTTTAACATGGCGCAAATTCCGCAACAGCTGTATCAGAGCCTCACACCACAACAATTGCAGATGATTCAGCAACGACACCAACAGTTACTGAGGAGTCGTCTACAACAACAACAACAACAACAACAACAAA

>nucleosomal\_sequence\_651

CGTTTGTCACAGACCCGCTGTTGTTGTTGTCAAACTGAGAATTCCTGTTCGAGTCTGAGTCAGAGACAAACATCGGTCTCATCTTCTCCCAAAGTCGAGATGCAGGCACCAAGAGCAGCCACGAAGCAAAATACATAAAGGTCAGATAGA

>nucleosomal\_sequence\_652

CTTCAAGGTTTCAGCAATGTGAGTACCGTCAATGTTGGAAACGAAGTGGACATCCAAGACACCAGCGTAGTGCTTCAAAGCCTCAGTGACCATGACTGGACCCAAATCGGAACCACCAATACCGATGTTAACAACATCGGTGATCTTCTT

>nucleosomal\_sequence\_653

TTGCCGCCGATGAAGAGGAAGAGGATTCGGTTGTCTTAGAATTGTTCGTGACATTCTTCACTCCAGCATCACGATGGCGGTGGTGGTGATGATGATGGTGGGGCTGAGTAGCATCTGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTATTGTTATTAGATG

>nucleosomal\_sequence\_654

GTCAAGTTGAACGTGATCGGATACTGATTTCTAGAAACAGGGGGGGCTGGTGTTGGTTCTGGCGAAGCCGCTTGCTCCGACTGCTTTGATGTCACAGCTTTGGGTTTCTCCGCTACACTGTCTACCTTAGGATTATTGATCATGACTCAA

>nucleosomal\_sequence\_655

TCACCGTTAGTGTTAGAAGATGATGACGAAGATGATGAAGCAGCAGCAGCAGAAGAGGTGGTTTTAGAGGAAGAGATGGAAGACTGGCTTTCACTCGTTTCAACTGCTTGAGCACTGCTGGACAAAACAGTAGAGTCTTTAGTGTAAGAA

>nucleosomal\_sequence\_656

GAACTAAATCTTTGTGGTTAGATAAAGGAACTAAAAGAACCTTTGTTGGAGCAACCAAAGGTGGGAAGGAAAGAACACTTCTGGCATTGTCTTCTGGTCTGTTCCAGAAAGAGTGCTCAAAAACGGAGTAGATGATACGGCCAATACCGA

>nucleosomal\_sequence\_657

CAATGTCATCCAAGTAGGTTGTGTCGTATTCATTTACAATGTCATCATTGGCATCGTAGTCCCAAGCAGGACATGAGTTACAAGCACTCAAAGTGTTGGCACCAGCGGATTCAGCTTCACTGACAGTCTGCAAGGTGATGTTGAATTGGT

>nucleosomal\_sequence\_658

AGCAACAACAACAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAAGGACAAATACCGCAATCTCAGCAAGTTCCTCAAGTTAGATCCATGAGTGGACAACCTCCCACCAATGTTCAGCCCACTATTGGCCAACTTCCTC

>nucleosomal\_sequence\_659

CCCTACAATCGAAGATCACGTAGCGCACACCGTCCTTGAGATCCTGCCACAGATCCAGCGGAGGTCTGACAAATTGCTTCCTTTGCAGAGACTTTTCACCTTGCGGAGACTGTTCACCTTCCATACTACTAGTATCTAACTCTTTCTCTC

>nucleosomal\_sequence\_660

ACCAGATTTAATGGTGACATCACCAAGAGCTTGAGCGGAGGCAGCACCAGAAACACCATCTGAAGCAGCAAAAGAGATGGAGTTACCGAAACAACTCGACCAGACACCAGAACCGGCAGTCCCCCCTTGGTTGTTCATGAATGTACAGTT

>nucleosomal\_sequence\_661

GAGCAACCAAATGGGTTTGAGCACCAAAGAAGTTGTTGTACCAGACAGACAACAAACCACCCAACAATGGAATGTTGTCTTCCAATGGGGTTTGGGTGAAGTGGTTGTCGACGGCTTCAGCACCCTTCAAGAAAGCCTCAAAGTTGTCAT

>nucleosomal\_sequence\_662

CTACTCAAATGCAGATACCGAAATATGAGAACAAGCCATTCAAGCCTCCAAGAAGGGTTGGATCAAATAAGTACACACAACTCAAACCAACCGCCACTGCAGTCACAACAGCCCCTATATCTAAAGCCAAAGTTACTGTCAACTTGAAAA

>nucleosomal\_sequence\_663

CAACAACAACAGCAACAACAACAACAATCTTTACAACCAGACGCAGTTCTCCACGAGGTACTTCAACTCGAACTCCTCTCCCTCGTTGACTTCTTCCACTTCTAACTCATCCTCTCCATACAACCAAAGCACCTTCGAATACATTTTGCC

>nucleosomal\_sequence\_664

GTTTGGCACACAGTGAACAGATTGGTCTATTCTCGTCGCATCTGCGTTTCTTGAATCTGCATGCCCAGCACCCAGTAAATGTCCTCCCCTTGGTGGGGGGCACTTTGGAGGATGACGCTACTTTCTTGCTTCTCTGCTGCCTCTTACTAT

>nucleosomal\_sequence\_665

CATTTTGAATTTGCATTTGCTGTTGGACTTGCAGTTGTTGCTGAACTTGCATCTGCTGCTTGGCTTGCATCTGTTGCTTTGCCTGCATCTGTTGTGCCTGCAATTGCTGGGCTTGTATCTGTTGCGCTTGCTGCTGATTCATGGAAATAA

>nucleosomal\_sequence\_666

TATAACAATAAAGCAGCTGCACCTGCAACAACAGCACCGAAAGAGGCAGCGCCTGCATTGACTCTTTGACCGGCATTGGAAGCAGTTTCGACTGTAGAAGTGCTGACAGAAGAGGTAGTTGGAGCGACAGAAGAAGAAACGGCCTTAGAA

>nucleosomal\_sequence\_667

ATCTAGTACTGTGCTATCCTCCTCAATCTGTGAATAGCGTCCCCCAGAGATTCTGGGCTCTTGGTCTACCGACAATCTTCCCGAAGTGCGACGGTTGGTGTCGGAAGTCGAGGATCTCGGAGTCGTAGTAGCACTATCGCTGATAGAGCC

>nucleosomal\_sequence\_668

CCACTGTATCTTGTCTGAAAACAGCTCCGTACAATGGAGAATTAGGATTTGTGAACATGGTCTGGAAGTGACCCACCATGTGGGATAGATCCCTGTAGGTCACCTGAGTGTCCGTTTCAGGAACAATAACGGCGACATTATCGGATACGC

>nucleosomal\_sequence\_669

AGATTCGTTATCTGGACCGAAGCTGCTTTCACCAAGTTGGACCAAGTCTGGGGTTCCGAAACCGTTGCCTCCTCCAAGGTCGGCTACACTTTGCCATCCCATATCATCTCCACTTCTGATGTCACCAGAATTATCAACTCTTCCGAAATC

>nucleosomal\_sequence\_670

CTGTCGACGTAAACAGTGGAAGTAACTTGAACATATTCAACAGCAACATCCCTCTTGTGCTGATGCTTATGTCTGGAGACAACAGCTTCACCTTCCTTACAGGACTCGATTGATTGTTTCTCTGATCTTTTCTTCAAAGCATTAGATTCA

>nucleosomal\_sequence\_671

GCCCTGTCGCCATCACCAAGGGTTTCTGCCAAAGAAGCAATGGAGAGCCAAGTTTCCGCAGTTGATTGTGTTAATGGGTCGAGTGGCTGCTGAGGAACTGCTGCCTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGTTGCTGT

>nucleosomal\_sequence\_672

GGACATGTTAGTGCCAACTCACATGGTTTCTCAATACTAAGCAAACACCCTCACCCAAATAATCTTGTCCATTCCCACTCACTTTCTCACACAAATGCGAAGAGCCACCTGCCTATCAGTAGCACTAGCACTAAAGAGAACAGCACGAAC

>nucleosomal\_sequence\_673

GGGGACGAATTCCACAGTACCGAACTGACCGTTGATTCTACCGACCAACTCATTGACCACAGATCTTAAATATTGGTACTCTTCCACATCTCCACGACTTGGCACTGCAACCTGTACCAGAACAACCTTGCCCCTCCATTCTGGATGCTC

>nucleosomal\_sequence\_674

CGTTCACTTCAAATGCACACCACGAGAATAAAGTACTAGCGTCAGTTGAGGTCAAGTTCAAACCCTTGTTTTCCTTGTTCAATCTCTTGGCAATGTCATCCAAGTAGGTTGTGTCGTATTCATTTACAATGTCATCATTGGCATCGTAGT

>nucleosomal\_sequence\_675

ATAACTATAAACACTTATAGAACAATTACCGTTTCTTCCTTCACACAACATGGCTTCTACTTCGAACACGTTCCCTCCAAGCCAAAGCAATTCTTCCAACAACCTTCCAACTTCTAGACATGCATCCATTGTGGAGATGCTGTCTACTCC

>nucleosomal\_sequence\_676

ATGTACAGTTGCTAGTAGAGCCTGGGACAAAGTAGGAACCTCTGGACCAGTCACCGTTAGTGTTAGAAGATGATGACGAAGATGATGAAGCAGCAGCAGCAGAAGAGGTGGTTTTAGAGGAAGAGATGGAAGACTGGCTTTCACTCGTTT

>nucleosomal\_sequence\_677

TCTTGCGTTTACCATAGAGTTTTTGAGCATTTGGCCCATAACAACTGCATTGGGATCTTTCCTGAAGGTGGGTCCCACGACAGAACAAACTTGTTGCCCCTGAAAGCAGGTGTGGCGATTATGGCTCTTGGTTGCATGGATAAGCATCCT

>nucleosomal\_sequence\_678

TGCTTTAGCGCATAGCGAAACTCCTACTAGTAGTAATAATAAGGAGGCAGTATCACAACCAAGTGAAGGGAAGCACAAGCACAAGCACAAGCACAAGAGCAAGCACAAACACAAGAACAGTAGCTCCAAAGATGGCTCTTCCGAAGAAAA

>nucleosomal\_sequence\_679

CCGTAAACTCATTGCCATACATATCCTCCAGATGGAAGGGTCCCCCAAGTGAAGGTTTACCGTATCCTCTGTTTGCTTCAGCCTCCTTCTGTGTTTCCAATCTGCGTTTCTCCCTGTTGAAGAAATAAGAAAGTGCCCCACCGACTGCTA

>nucleosomal\_sequence\_680

CATTTACCGCAGAAGGAGGATAGTTCCCAGTCTTTGCCTACTACAGCTGTTGCTCCACCCTCTTCCCACGCCAATGTAGAGGCTTCAGCAGATGTACAGCATCTGGACACTGCGATTAAGCTAGATAATCAATATTACTTCAAACTGATG

>nucleosomal\_sequence\_681

TTCTTAACGGTGGCCATAACCATATCACCTAGAGAGGCGGCTGGCAATCTGTTCAATCTGGAACCAGAGCCTTTGACGGCGATAATGTACAAGTTTCTGGCACCACTGTTGTCAGCACAGTTCATGATGGCACCGACTGGTAGACCTAAC

>nucleosomal\_sequence\_682

TATGCTCTCCCCCATGGTCCTGCTCCATGCAGTGCCATCATCCGTCACAACTAGCTTGCGGTTCCTGGTCTCCCCAGGTACCACTTCTTTTCTATCCACCAGGTCCTGTACCTGATGATCTTGTTTCAACCATGTAGCATCGTGATCGTA

>nucleosomal\_sequence\_683

CCAAAGTAGCTGGAGTAATCTTTTGAGCCAAGATAGAGGTAGTTGGTCTGTTACCTGAGAAGACCTTGTGTGGGACCAAACCACCAGTGGCACCTTCAGCCTTAACTTGTTCTTCATCCTTACCAACCATTAAAGCTTCAGCTTGAGCAA

>nucleosomal\_sequence\_684

CAACAACAACAGATATCTAAACTCTTTCCAATCTTCCTTGGAAAGTGTCTCTGACTCTTTACAATTCTCTTCCAACGGTGACAACACTACTTTGGCCTTCGACAATTTGGTCTGGGCTAACAACATCACTTTGAGAGATGTTAACTCTAT

>nucleosomal\_sequence\_685

TTGGTTTGTCTAATGAATAATTCCATTGTGCTCTATGATGTTGCACATGCACGTGTTTTGTTGTACCTCTACTCTGGGTCGAAGTGGTTTGATGCTCACCGTCCAGAGCCACTTTGTGTCCCGACGTACCTGTTCCATCCTTCAAACGCC

>nucleosomal\_sequence\_686

CAGAAGAATGTGAGAAGGTTTCCACTCAGGCTAATTCTCAACAGCCAACAACACCTCCCTCATCTGCTGTTCCAGAGAACCATCATCATGCCTCTCCTCAAGCTGCTCAAGTACCATTGCCACAAAATGGGCCGTACCCACAGCAGCGCA

>nucleosomal\_sequence\_687

GTTTGTACAAATCCTCCAATGAGGCGATTGCTGTAATGCATCTTTGCCACACATCTGTCTATGCAGCATTGCTCACCTTTCGTTAGATCAGGCTCACCAAAGCCCTCATGCGGAATACATTTCTCAAGACACGTACTGAGAATATTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_688

ACAAGAAGAAGTTGGATTATGTTTTGGCTTTGAAGGTTGAAGATTTCTTGGAAAGAAGATTGCAAACTCAAGTCTACAAGTTGGGTTTGGCCAAGTCTGTCCACCACGCCAGAGTTTTAATCACTCAAAGACACATTGCTGTTGGTAAGC

>nucleosomal\_sequence\_689

ACCGGAATTTGATAGAGATTCCACTAAGGTTAATTCTCAACAAGAGACAACACCTGGGACATCAGCTGTTCCAGAGAACCATCATCATGTCTCTCCTCAACCTGCTTCAGTACCACCTCCACAGAATGGACAGTACCAACAGCACGGCAT

>nucleosomal\_sequence\_690

GAAAAGATTAAGCATTGCCAAGGCATCGCTCGATCTCAAACATCATACTTCTGAACTCAACTCTAGCACATCAGAGCCAGACAGTCAAAGACGGTCCAAAGATAGTTCTGTGCCCCTAATAATTGATAGCAGTGGTTCAGCAAATTGAGA

>nucleosomal\_sequence\_691

GGAAGAAGATGCAGCCTTGGAAGAAGATGCAGCCTCGGAAGAAGATGCAGCCTCGGAAGAAGCTGGGGAAACGGAGGCAAGAGCAGCAGCGATTTCAGAACTCAATCTTGTGGTGTACCATGGCAATTTAACAATTGTCTTAGTGATAGC

>nucleosomal\_sequence\_692

ATTCAGATAGGTGTAATGGAAATTGTGTACCAGGCAAATTCACTCCTTGGAGTGATCTAGACAACCAAAATTGCCAGGCAACCTGGATAAGACACTCTATGTCTGAGGAAGAGTTAGAAATGTATTGAAGACATTAGCTTTGAGAATTTG

>nucleosomal\_sequence\_693

TGACAATTGTTGCAAGTAGGCTGGGAATCTGTGCAAGTATTGGTCGAATGGAGCAACCAAATGGGTTTGAGCACCAAAGAAGTTGTTGTACCAGACAGACAACAAACCACCCAACAATGGAATGTTGTCTTCCAATGGGGTTTGGGTGAA

>nucleosomal\_sequence\_694

CCAGAAATCCCATTGGTTGTCTCCACTGACTTGGAATCTATTCAAAAGACCAAGGAAGCTGTTGCTGCTTTGAAGGCTGTTGGTGCTCACTCCGACTTGTTGAAGGTCTTGAAGTCCAAGAAATTGAGAGCCGGTAAGGGTAAGTACAGA

>nucleosomal\_sequence\_695

GATGATGAAGCAGCAGCAGCAGAAGAGGTGGTTTTAGAGGAAGAGATGGAAGACTGGCTTTCACTCGTTTCAACTGCTTGAGCACTGCTGGACAAAACAGTAGAGTCTTTAGTGTAAGAAGAAGGAACAGCAGGACCGACAACGGTATTG

>nucleosomal\_sequence\_696

CAGAGGCTAGACTGCTGGACACATGCAACGAAATTAGGATTGAAGCTCACCTGAGAAGGGAAACCACTGACGAGGGCCAAGTGCAACATAAGTTGGCTGCGCCCTTGGACCTTGAGCAACGGTTATTTTACTACCCATGCGACTTGTCCT

>nucleosomal\_sequence\_697

TCTCTTGCGAGACCTTCACTCTTTAGTTCAGAGTAAATATTTGTATCCATGATGATTAACACGTCTTGGTCGGTTCTGGTTTCTTGTCCAGCTTGGACAGCAGATTCTGGCAAGCCTCTAATAGCATTCAAATCTCCTTTAACCAGTTCA

>nucleosomal\_sequence\_698

CCGGACCCACACTATCCGCTGCCACAGTATATCCCACCGCTGAGTACTTCCTCACCTGATCCAATCGATTCACAGGATCAACACTCTGAAGTACCTCAAGCTAAGACAAAGGTGAGAAATAATGTCTTACCACCACACACTTTAACATCA

>nucleosomal\_sequence\_699

ACCCCCCTCATTTACGCTAAGCACATTTATGAAAACATAGACGGCTACAAGTGCGTTCCGTCAAAGAGGCCTCTTGAACAACTTTCCCCCACGGAACTCCACCAGGGAGATCGCCCCAATAAGGCTAGCTTTTCCAACAAGAAGGCAATC

>nucleosomal\_sequence\_700

TAGCGGATATTTCACTATGTTTGATCCTCTCGATTTGTACACCCCTGATGACATCCAGGTTGAGGCTTTACAGTTCAATCTAGCAGAGAGAGAGCCAAAAGATCCTTGCTCACCGCAACGTGACGAAATATTAACGGCTGTAGATGAAGA

>nucleosomal\_sequence\_701

GCAGTTGTTGCTGAACTTGCATCTGCTGCTTGGCTTGCATCTGTTGCTTTGCCTGCATCTGTTGTGCCTGCAATTGCTGGGCTTGTATCTGTTGCGCTTGCTGCTGATTCATGGAAATAACAGGTCTCACCATTGGAATTGCTGGGGAAT

>nucleosomal\_sequence\_702

GTTACGCCACTGCTTCTGCTATTGCTGCTACTGCTGTTGCCTCTTTGGTCTTGGCCAGAGGTCACAGAGTCGAAAAGATTCCAGAAATCCCATTGGTTGTCTCCACTGACTTGGAATCTATTCAAAAGACCAAGGAAGCTGTTGCTGCTT

>nucleosomal\_sequence\_703

AATTCTACCCAACATGTCTTCAGACACAGGAATTCTCAAACTCTCACCAGTGAATTCCACGGTAGTCTTCTTGACATCAATACCAGATGTACCTTCAAACACTTGCACAATGGCTCTATCTCCTCTAATTTCCAAAACTTGACCTTGTCT

>nucleosomal\_sequence\_704

TGAAACCGGTGGTGATCACACCAATGAATCCCGTGTAGATGAATGTTGTGCTGAGAAAGTGAACGACACTGAGACTGGCTTGGATGTGGACAGCTGTTGCGGCGATGCTCAAACAGGTGGTGACCACACCAATGAATCCTGTGTTGATGG

>nucleosomal\_sequence\_705

GTAGCCATCTGTCCTGCTCTCTTAGCGTGGAAATTTGCTGCAAACTGCCGCTGGAGCTAGCGTTTCCACCGTTCTCCTGAGTATCCTCTGGGCTTGTGCTAACATGTTCGGACTCGTTGGTATTCATATTCTCGAGAGGTTTGTGCCACT

>nucleosomal\_sequence\_706

AACTTCTTACCAAACAAGATCATTTGCAGTTGGTCGTACATTGAGATAACACCAGCACCTGCGACACCTCTTAAGATGTTAGCACCACAACCCTTGAATAGAGAACCAACACCTTCAGCAGCAACAATCTTCCTCAAACAGTCAAAGGCA

>nucleosomal\_sequence\_707

CCGTACCAAGGAGAAAAGTCCTGTGAATGTTGAGCACCAACACCCACTGCAGCACCATTAGGACCTCTGAAGACCATTTGACATTTTTGAGTACCACCAGACATGTAGTGAGTCTTTGCAGCGGAATTGACAACATGATCGATAGCTTGC

>nucleosomal\_sequence\_708

ATGTGTACATGAGGTAACTGGTCTATGGTTGATTTGATGACTGTCATCATGGTGAGATATTCGTTGTTTCTTACTTGGGAACTGGTGCTGTTGCAACTGTTGCTGCTCCGGTTGTCTTTTCATGTGAGCAGAACTAAAATCTTGGTCTTG

>nucleosomal\_sequence\_709

CAATTCGTCTGTTGAATAATTGTTCCTCTTACTGGAACCTTTGCGTCCAGAAAGCTTAGCTTGTTGAATTGATGCAGACGATGAAGACGATGAAAAGGAGGAGACAGCAGCACCAGTATCATCTCTTGATAAGTCCATCTCATTCAAACT

>nucleosomal\_sequence\_710

AACCACATAAGTCTGATATCGTAACTACAATTATCTCCATGTTTGGCACACAGTGAACAGATTGGTCTATTCTCGTCGCATCTGCGTTTCTTGAATCTGCATGCCCAGCACCCAGTAAATGTCCTCCCCTTGGTGGGGGGCACTTTGGAG

>nucleosomal\_sequence\_711

CTTGGCTCTCAACTTTTCAGCCATAGTCATTTTCTTTGGACCAGAAGATGGAGTTGGGGTTGCTGGGGTTGCTGGAGTAGCTGGAGTAGCTGGGGAGGACCCACCAGCTGTTCTACCGGCTAGTCTCTGTTCGATGGCTTCTTCCATTTC

>nucleosomal\_sequence\_712

AACAACCTTGCCCCTCCATTCTGGATGCTCGTTCAGAAACACTTCCATGGCGTGCAACTTCTGAGGCACACCTTTGATGTAATCCAGCCTGTCGACACCAACTATGATCTTGCAGCCCTTGAAAGTTTCCTTCAATTGTTGGATTCTCTT

>nucleosomal\_sequence\_713

GTTCTTACATTGATAAGAAATGTCCATTCACTGGTTTAGTTTCCATCCGTGGTAAGATCTTGACCGGTACCGTCGTCTCCACCAAGATGCACCGTACCATTGTCATCAGAAGAGCTTACTTGCATTACATTCCAAAGTACAACAGATACG

>nucleosomal\_sequence\_714

GCGAACAATAAATTACTATATTATCAACCATTTCTATCATCTTGGCACATTGCAGGTCGAACCTTCGGAATAGACCTCTCCTTCCCCAGACGTCCTGCCCACTCCGTTTTAGCGTGGTATTAGACCCAACCTTGTTTCTAGAATACCTTT

>nucleosomal\_sequence\_715

TCCGCAACAATCTCAACCCATTGCTAATCAATCAGCGACTTCTACCCCTCCTCCTCCTCCAGCACCACACAACTTACATCCCCAAATTGGTCAAGTGCCCTTAGCTCCAGCGCCTATTAATTTGCCTCCACAAATTGCTCAGTTACCTTT

>nucleosomal\_sequence\_716

TACTGCAGCCAATGCAGTTTCTGCCACCGCTCAATCGTCTGCTAATGGTGCGACTCCAATGTCAAAGTCATCCTCTTCAACATCCCTCAACTCCCACTCTCCGTTGATGACAGCAATGGAAGACCCACCATCCCCACGTTCTTCGGCCAT

>nucleosomal\_sequence\_717

CCCAGCTGGTGTTACCACTGAAGTCAAGTCCGTTGAAATGCATCACGAACAATTGGAACAAGGTGTTCCAGGTGACAACGTTGGTTTCAACGTCAAGAACGTTTCCGTTAAGGAAATCAGAAGAGGTAACGTCTGTGGTGACGCTAAGAA

>nucleosomal\_sequence\_718

CACTGATAACGTCTGGTGCGAGGTTGATATACGGCAATTCTGGATCAGGCATGTACCTGTAATCGATCGTGGTTTCTTTGCTTCTCAACTTCACCGTTGATGAGCCTGTCCAGCCCCTTGTTTCTGGCTCCATCAGTGAGCTAGTGTCAC

>nucleosomal\_sequence\_719

TTCGAACACGTTCCCTCCAAGCCAAAGCAATTCTTCCAACAACCTTCCAACTTCTAGACATGCATCCATTGTGGAGATGCTGTCTACTCCGCCATTGCTGCCCCACGTTCAAGTGAACGATACAGACGACAAGGAACAACCAGAAGAGTC

>nucleosomal\_sequence\_720

CCTCTGTCAAATGGCTTTGGGCAACAGCAACAGCAACAGCAACAGCAACAGCAGCCTCTGAACCAAAACAACGCTTTGTTGCCACAAATGAACGTGGAAGGAGTTTCTGGGATGGCTGCGGTTCAGCCTGTCTATGGCCAAGCCATGTCA

>nucleosomal\_sequence\_721

GGGGTTAATGTCCTCACCTTCTTGAATATCGTCTAATTCTTCAGACTCTTCTTCAGTGGCTTCTACTCTCTTATGATGTTGCAATTCTGAGTCTGGTATCCTCTCCACCACAATATCCTCCAACTTAGGCGTAGCAGGGCTGGTGCTTTC

>nucleosomal\_sequence\_722

GAAATGACAGAAATCAAAATAACAGCATTTATAAAGTGAGGCACAACTTTGACACCATGTGATGCAACAGCAATGACAAATGGGGAGGCATGGGATCCAGAGGAGTCACTAGACCCTAATAATTCGTCACTGTTGTATGGAACAAGAAAG

>nucleosomal\_sequence\_723

GCTGATCTCGCAAGTGCATTCCTAGACTTAATTCATATCTGCTCCTCAACTGTCGATGATGCCTGCTAAACTGCAGCTTGACGTACTGCGGACCCTGCAGTCCAGCGCTCGTCATGGAACGCAAACGCTGAAAAACTCCAACTTTCTCGA

>nucleosomal\_sequence\_724

ACGGCATTAAACTTTTCCAGCAAGTCCTTCCTCACCTGATCCTTCTCATCGTCAGGAATCTCTAGCCCAGGCCATCCGAACCACTTGAAAGTGTACGTCTTCTTCAACCCTTCCAACGCCGTGACCAGCCCTCCGGACGACATTGCGTAC

>nucleosomal\_sequence\_725

AGGTACCATTGAGTTCTGGGAATTATCATCGAGCTGTATACCTAATGAATCGTGGGGTTTGTCTTCGTCTTTGTTGTCTCCCAGGGATGAAGAAGCAGCAGCGGCAGCAGCGGCAATAGCATCGTCATCATCTTGCTGCTTTTGTTGAAG

>nucleosomal\_sequence\_726

GGTTCAGGGATATAGGTTATCACCATACTCCGTACACGAACTGTCCAACTTGTCCAGCAGATTCAGATAGGTGTAATGGAAATTGTGTACCAGGCAAATTCACTCCTTGGAGTGATCTAGACAACCAAAATTGCCAGGCAACCTGGATAA

>nucleosomal\_sequence\_727

AAGACTTGTTATTGTCTGATTTGTCTAGATTCTTCGCAAATTTCCAGCCTTCAGAGGCTTCGCTGAACAATACCGGATGACAAGAGTATCCTCCACAAACAATCTCGTGGTCGTTTATCCATACTAAGGACCTGTAAGGTAAACCTTCCG

>nucleosomal\_sequence\_728

CTTGTTCCTCTGGTTCTTCCTTGATTATACTTTGACCGAAGTTTGAGGTGGGAGTAAATTTCTTCAATCCAGAGGAGGAGTGAGTTAAAGGTGGAGGCTGCTGTGGCTGTTGTTGTTGTAATGTTGCTTGGCCATTGTTATTATCATATG

>nucleosomal\_sequence\_729

GTTTCAAAGCTTTGAAAGCTGGCTTACTGACAGAAACTTATTTAGAGGCACAGTTTGTCCGTCAACACAAGAAGAAATTTGCGTCTTTCAGTCTGACTTCTGATGTAGAAGAGAGAGTTATGGAATTAATCACCTCTGGTGATGTTTATA

>nucleosomal\_sequence\_730

GACCTTAAGTTTGTTTTCAGCTTATTTGATAGTTTACTGGCTATGACACTTCCACCAGCTGTGACTGCAGGAGCGTTGAGTAGGGAGGTGGAGGAAGATTGAGTCGGTTGGGCATAACTTGGATAGTTCCTTTTCTGCTCCAGTAAACTG

>nucleosomal\_sequence\_731

TCCAGATTCCAAGAAATTGTCAAGGAAACCTCCAACTTTATCAAGAAGGTTGGTTACAACCCAAAGACTGTTCCATTCGTCCCAATCTCTGGTTGGAACGGTGACAACATGATTGAAGCTACCACCAACGCTCCATGGTACAAGGGTTGG

>nucleosomal\_sequence\_732

TGAATTCCACGGTAGTCTTCTTGACATCAATACCAGATGTACCTTCAAACACTTGCACAATGGCTCTATCTCCTCTAATTTCCAAAACTTGACCTTGTCTCACGGTTCCATCTGGCAATGTCAAATTAACAATTTCGTTGTAACGTGGGA

>nucleosomal\_sequence\_733

CGCAGTGGCACTCGAGGACAAGGAGTATCCAAATTGGTTATGGAGCGTATTGGATAGTGATCACGTTGTCGAACATGCGGCTGAGGACCCAGAGGGACAGGCTCTCTTAAAGAGAAGAAAGAACATAAGGAAGGCGAACAGGCAGCGAAT

>nucleosomal\_sequence\_734

TATTGCTCTCCTGGAAGCTAGACGGTAACGCAACGATCGACATGGAAGCTGTCGCCTGATTTTCAGCCAATCTGTCCATTCTTTCTATCAGTTCCACTGTGTCAGCAGACAGGTCTGTCCTGGAGCCACAGCATCCAACATGCTGGCCCT

>nucleosomal\_sequence\_735

GTAAGAGATGAGATCCGTAACTTATTCACACAAATGGGGGATCTGGCGCTGGAGGACGCTGTCGTCAAACTAGGTGAGCTGAGAAGAGGAATTAGGCTGCTGGCACCAGACGACAAGGATGTCAAGTACCGCATGGATTGGGCCAGACGC

>nucleosomal\_sequence\_736

GAAATCCTTAGAAATTGTTGTCATTGTTTCTATCCTGTTGACGATCGTCAAACAAGATCTGTCTGTTGAGGACGACAGCCCGTTTGAAGGAAGTTCCTCTTCTGCTGGTCTTCCAAGTCCAAATACGAACACAAACGCAGATTCGACCAC

>nucleosomal\_sequence\_737

TATCAAGGGATGAGCCTGTTAAAGATTTTAGATCACTTAAGTTTCGGAGCGGTAGTGATTTCAAATGCTGGGGTGACGAGAAGACAAGTTCTCATGTTCATTCATCCAGTGTGAACTCAGTTAATTCCTTTACTTCTACCACCTCTTCTT

>nucleosomal\_sequence\_738

CCAATAAGGAAGACATCATCATCACGGTCCAATTCTTCCGCCATGGCACTATTCAAGGCCTCTCTGACGGTCATCGTCTTTGTTGATGAGAATCTCAATGCTGCTGCTGCTGCAGAGGGTCTTACAAAAGAAGTTGGGGCACGACGTGCA

>nucleosomal\_sequence\_739

ATTCAGACTTAGAAGCCGGTTTAACAGTCCAAGCATCATCTGTCTCAGCTGATGTGGAAGGAGCTGTTTGAGCAGGACTTGTTGTTTGTGGCAACAATTGCTGAGGCAGTGAGGTTTCCGGACTTGTAGCAACGTTCAATGAACCATCAG

>nucleosomal\_sequence\_740

GTCGTCAAACTAGGTGAGCTGAGAAGAGGAATTAGGCTGCTGGCACCAGACGACAAGGATGTCAAGTACCGCATGGATTGGGCCAGACGCTGCACAGACCTCTTCGGCATTCAGCACTGCCACAACATCGACGTAAAACGTCTGCTGGAT

>nucleosomal\_sequence\_741

TGGGAATAAATTTCCAAAGTGTCAGGGTCATTGAAGTCCAGTTGTTGGGGTGGGAGAGGCAAAGTGGAAGTTGATGGTAAAGGCGCATAAAATCTCTCAGTGGACATCTGGGCTTGATTATTAACGTTTGTTTGGTACAACGATGAAGAA

>nucleosomal\_sequence\_742

GGACGTGTAAGTGGTTTTCATACAAATGAAGGATGCAAAGACGAGGAGGAGGAGGATGACATTGACCCACTGCACAAGGAGAATGGCATTAACACGCCATCGCAGCAATCGCAAAATTACGGTATGTTAGAGGCTAAACATGATAATCCA

>nucleosomal\_sequence\_743

CTCTATGATGTTGCACATGCACGTGTTTTGTTGTACCTCTACTCTGGGTCGAAGTGGTTTGATGCTCACCGTCCAGAGCCACTTTGTGTCCCGACGTACCTGTTCCATCCTTCAAACGCCATTTCGTGTAGCAATAGCCAGAAGATTGAG

>nucleosomal\_sequence\_744

CCTAATTGTTGTAATACTTTGGCATGATGTTGATTTTGAGCCAAGACATGCTCGTAGGCTTCCTTCGCACCTTGCCACTCTCCCATACTCTCCAAAACACTACCCAACTGAAACCATATGTCCCACTCCTGCAAGGGAGCAGGAGGTTGA

>nucleosomal\_sequence\_745

ATTCGTTCTCTATCGAGAACTCTAATTAACTCTACCAAGGCCGCAAGACCTGCCGCTGCTGCTTTGGCTTCCACCAGAAGATTGGCTTCCACCAAGGCACAACCCACAGAAGTTTCCTCCATCTTAGAGGAAAGAATTAAGGGTGTGTCC

>nucleosomal\_sequence\_746

AAAGTCGATAGTATCTTTAACTAATTCGTACTCCACTAAAACATCGTCGGTGGCTTCCAAACCACACTTCTTTCTCAATTTTTGGATTCTGTTGACCAGCTCTCTTGCGAGACCTTCACTCTTTAGTTCAGAGTAAATATTTGTATCCAT

>nucleosomal\_sequence\_747

ACTCAAGCTTTGAACTTCGCCTTCAAAGATAAGATTAAGTTGATGTTTGGTTTCAAGAAAGAGGAAGGCTATGGTAAATGGTTTGCAGGTAATCTGGCTTCTGGTGGTGCAGCTGGTGCTCTTTCGTTATTATTTGTTTATTCTTTAGAT

>nucleosomal\_sequence\_748

GCTTCTGCAGGAACAGTAGCAGTAGAAAGTTCTATGGTCTCAGCAGTGCTTTGGTCATTTGCTTTTGTTGTTGAACTTTCTGATGATACAGTTGGTTGGACACTAGATGACTCTGGTTCCGTATTAAGCGGTTTTGTAGAAGGAGAAACA

>nucleosomal\_sequence\_749

GAGCATGTCAAAGATGTTGAAGTTGCTGTTAAGTTGTCCTGAATGCAATCCATGAATAATTGTAGACCAACCCTCCCCAGCTTTCGAGGCCTGTTTGATTGAAGTCGTGTGTTGGTAGCTTCATCTACTTGTAGGGAATCTAGTAACTCA

>nucleosomal\_sequence\_750

ACCAAGTTGGACCAAGTCTGGGGTTCCGAAACCGTTGCCTCCTCCAAGGTCGGCTACACTTTGCCATCCCATATCATCTCCACTTCTGATGTCACCAGAATTATCAACTCTTCCGAAATCCAATCTGCTATCAGACCAGCTGGCCAAGCT

>nucleosomal\_sequence\_751

CTGTGGTTGTTGCATAATTCCATCGGTGTTGAATGTGTTCATCATCTGTGGTTGTTGCATAGCACCACCAGTATTGAAAGTAGTCATCATTTGGAGCTCTTGCATAACACCACCAGTATTGAAGGTATTCATCGTTTGTGGTTGCTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_752

TGAAGGTTGAAGATTTCTTGGAAAGAAGATTGCAAACTCAAGTCTACAAGTTGGGTTTGGCCAAGTCTGTCCACCACGCCAGAGTTTTAATCACTCAAAGACACATTGCTGTTGGTAAGCAAATCGTCAACATCCCATCTTTCATGGTCA

>nucleosomal\_sequence\_753

ATTTAGACAGTGACCAGATCTTTAGCTTCACTAAAGAGTACGAAGACAAGACGCTGTTTGCTGCTTTGAATTTCAGTGGCGAAGAAATTGAATTCAGCCTCCCAAGAGAAGGTGCTTCTTTATCTTTTATTCTTGGAAATTATGATGATA

>nucleosomal\_sequence\_754

AAAATTGATATTACAGCATCAATTGACATCAATCATTAAATCATCATTAGCTTCCTGTGGATCAACAAACTCCCTGCTGGCTCCTGCCAATAGTTCTCTTCTAATCTCAGGACCGATATCTTTATGGCCTCTTTGACGAACAGTTTCCAA

>nucleosomal\_sequence\_755

AGATGATTGAACTGGTTCCCGAACATTGTTGTATTGGAAACAGCTTGACGAAGCAGCTCCAGATAAAGGTGTTGAAGACCTCACTTCGTGACGATTCGGCTTCGATGTTTCCTCACGTTGTGATGTTACTTCAGGATCTTTATCGTTGTG

>nucleosomal\_sequence\_756

TATAACGAAATCAGCTCTTCAAATGGTATAGACTTGTGCATGAAATGGATGGGGACGAATTCCACAGTACCGAACTGACCGTTGATTCTACCGACCAACTCATTGACCACAGATCTTAAATATTGGTACTCTTCCACATCTCCACGACTT

>nucleosomal\_sequence\_757

TGTAATTTAGCAATATCCCAAGAACAATCATCGAAATGTCCCGTCCACAAGTTACTGTTCACTCTTTGACTGGTGAAGCTACTGCCAATGCCTTGCCATTGCCAGCTGTCTTCTCCGCTCCTATCCGTCCAGACATTGTCCACACTGTTT

>nucleosomal\_sequence\_758

AGCTATGGAGCTTCACCCATGCAAGGTCAGCCTCCAGTCGGTGGACAACCGCCTGTGCCTGTAAGAATGCAGCCACAGCCACCGCAACCAATGCAACAGGGAAACATCTATCCGATTGAGCCTTCTCTTGATTCTACTGGCTCAACCCCA

>nucleosomal\_sequence\_759

TCACATGATTTTTCTACAAATAATCTTAAAACGTACGATATCGTGGAGAGTCTGTTCTCACTAAGTGATAGCTTGTTTGTGGTTGACACTGTCAAGTTTCGAAGAAGGTCACAGTATTTTGTGTGTTCAGATGCAAGTAACTCTACCAAA

>nucleosomal\_sequence\_760

CAACAACTTCTAGGTAGTAGTCTAAGTTGTATTTCTTACCTGGCTGAAGCATGTCACCAGAGTAACAAACAGTAGCTTCGACAACACCACCGGCCTTCTTGACAGCATTCACACCAACTTTTAATTGTTCTAAATCATTCAAGGCATCAA

>nucleosomal\_sequence\_761

GAGGGTTCGTCGGGCTTTGAACAGGATCTAAGGACGATGAAGTGCCTGCAACCGAAGAAGGTAGGTCATGATAAGTGGCATCTGAGTCGAAACTTTGAAGACTTCCACAAGCCATAAATTCGGCTATGTTTCTCTCCTCTTCATTCCAAT

>nucleosomal\_sequence\_762

ATCTTCCTTGGAAAGTGTCTCTGACTCTTTACAATTCTCTTCCAACGGTGACAACACTACTTTGGCCTTCGACAATTTGGTCTGGGCTAACAACATCACTTTGAGAGATGTTAACTCTATTTCTTTCGGTAGTTTGCAAACTGTTAACGC

>nucleosomal\_sequence\_763

CCTGCAAGGGCATGTGCGGTTGTTGGAGCGATTGTAGCCAAATCGTGGGTTCTGACTCTTGTTGCAAGTAGAGATTGATGAGCGTCTCTCCAGGTGGTGTCCATCAGTAGAGTACCATTGAACTGTCTGACTTGCTTGGCAAATTCAGAT

>nucleosomal\_sequence\_764

TACTGCTCAAGCTGATTTGGACAAAATCTCCGGTTGTAGTACCATTGTTGGTAACTTGACCATCACCGGTGACTTGGGTTCCGCTGCTTTGGCTAGTATCCAAGAGATTGATGGTTCCTTGACTATCTTCAACTCCAGTTCTTTATCTTC

>nucleosomal\_sequence\_765

TGTTGAAGCTTTCAGTGAATACCCACCATTAGGTAGATTCGCTGTCAGAGACATGAGACAAACTGTCGCTGTCGGTGTTATCAAGTCTGTTGACAAGACTGAAAAGGCCGCTAAGGTTACCAAGGCTGCTCAAAAGGCTGCTAAGAAATA

>nucleosomal\_sequence\_766

TGGACCGATCCCTCCCAGTGTAGAAATTTCTTTGGCTATAATTAGCAGGTCCTTTGGGTTGGTCCTGTTGTTGCTGCTGTTGTTCAACTCTAGATTGATACTGAGATTCATCTGGAAAGGTATTCCCTTGTGTACCTGTTTGATTTTGAG

>nucleosomal\_sequence\_767

TAAATGTGGTCTCCATGTTGCTCACTCTTTTCTAAAGAAACTTGCACCGGAAAGGTTTGCCAGTGCTCCTCTGGCCGGGCTGCAAGTCTTCTGTGAGGGTGATGTACCAACTGGCAGTGGATTGTCTTCTTCGGCCGCATTCATTTGTGC

>nucleosomal\_sequence\_768

GTTGTTGCATAGCACCCCCAGTGTTAAAAGTGTTCATCATCTGTGGTTGTTGCATAATTCCATCGGTGTTGAATGTGTTCATCATCTGTGGTTGTTGCATAGCACCACCAGTATTGAAAGTAGTCATCATTTGGAGCTCTTGCATAACAC

>nucleosomal\_sequence\_769

GTTGTTGCATAGCACCACCAGTATTGAAAGTAGTCATCATTTGGAGCTCTTGCATAACACCACCAGTATTGAAGGTATTCATCGTTTGTGGTTGCTGTTGTTGAAGAACGCCCCCTGTACTTAAAGTATTCATGGCTCCACCAGTGAACT

>nucleosomal\_sequence\_770

GAGCTGTATACCTAATGAATCGTGGGGTTTGTCTTCGTCTTTGTTGTCTCCCAGGGATGAAGAAGCAGCAGCGGCAGCAGCGGCAATAGCATCGTCATCATCTTGCTGCTTTTGTTGAAGAAGTTGTTGTTGTTCTTGAATAGCAGCAGC

>nucleosomal\_sequence\_771

AATTCACTAAACAAGGTAGTGTAAGCGTCATCGGTGTAAGTCATGACTTGTTGATACACACTCAAGACATCAGATGGAATTTGGAATCCACTGTTGCCAGTTTCTAGACCCAAGTAGTCAGAAAGATGAGAGTTGATGTCACCGATAATA

>nucleosomal\_sequence\_772

CTCAATAGATCGTCATCACTATTCTCTAAGTCCTCATACTGCCTTCTCCTTCTTCGTCTTTGCACAGGAAGGCCCATTTCATCAAGTTGCGCTGCACCTTCTTGTTCTTCGTCCTCGTCATCTATGTAGGCAACATTTCTCAATAGCCTA

>nucleosomal\_sequence\_773

CAGCAACAGCAACAGCAACAGCAGCCTCTGAACCAAAACAACGCTTTGTTGCCACAAATGAACGTGGAAGGAGTTTCTGGGATGGCTGCGGTTCAGCCTGTCTATGGCCAAGCCATGTCAAGTACTACAAACATGCAAGATTCGAACCCC

>nucleosomal\_sequence\_774

GGTATACTTCTGGTACATCCTTTGGAGGCTTTTGTTTCGAACTTCCATCTCCAGAATCCGATCGACTGGATGATGACTGTCCACCTCCAGAAGCGGAGCTTCTGGAGTTTTTCGAAGCTTCACCTTCTTGGTCCTTATTAACAATTTCAT

>nucleosomal\_sequence\_775

TCATTGCAACGTCGAATGTAGCACCACCCCAACATTCTAAAGCGAAAGCACCTGCAAGGGCATGTGCGGTTGTTGGAGCGATTGTAGCCAAATCGTGGGTTCTGACTCTTGTTGCAAGTAGAGATTGATGAGCGTCTCTCCAGGTGGTGT

>nucleosomal\_sequence\_776

GGTGATGTGGTGGGTGGAGCGCTCGATAATCCGTTTGAAGATGACATGGACGGTGTTGACTTCAACCAAGCTTTCGAAGGAACAGATGATAACGAGGAGGCCAGTGTGAAACTTGATTTACAGGATGACGAAGATCATAAGTTCCCCATT

>nucleosomal\_sequence\_777

TACCCTGATCCATGAAACTGGATAAGTCATTGGCGTCTTCATCGTGGCCAGCAAGCAGGTCATCTGCTTCATCCAAAAATTGATCATGGATCAGGGATGAGTAGCTTGGACCTGTTCTGTTTCCAAACCTTCCTCTAATTTTGGAGATAG

>nucleosomal\_sequence\_778

GGGCAGCAGAAGAGGATGGAGCGGCAGAGGATGTAGCTTCGGAAGAAGATGCAGCCTTGGAAGAAGATGCAGCCTCGGAAGAAGATGCAGCCTCGGAAGAAGCTGGGGAAACGGAGGCAAGAGCAGCAGCGATTTCAGAACTCAATCTTG

>nucleosomal\_sequence\_779

CTGAAATTGAGAAACGTGAAAACTACAAGAGAAAATTGGAAGCTGCCGAAGGAGATGCCACTGTTGTTACTGAACGCTCTGATTCTGCTTCTTTCTTGGAAGAGAAGGAAGAACCTCAAGAGAATCATGATAACAAAGAGGAGCAGTCGT

>nucleosomal\_sequence\_780

CAACGATCGACATGGAAGCTGTCGCCTGATTTTCAGCCAATCTGTCCATTCTTTCTATCAGTTCCACTGTGTCAGCAGACAGGTCTGTCCTGGAGCCACAGCATCCAACATGCTGGCCCTTTTTTTCCTTTCTTTGATTCAAGTCCATAG

>nucleosomal\_sequence\_781

GATACTGTTCCATTTGTCTTTGGCGCTGTGTGGTTTCCCAGTTCTTCAATGTTGATTCTAATGGATGTCTGTCATTCAATTGTGTGGAAAGAGGTACTGCACCGCCTTCTTGCTGGCGTAATGTGTCTGGCAAGGAGGGCACTGCAGATG

>nucleosomal\_sequence\_782

TGCTATCCTTATCCTTCGAATGCCGGTATCTTTCCAAATCGTGCCTTTGCTTGGAACCAGTCCTGTGTGTTTCATGCTTGCCATTTGACCGGGTTGACAGTTCGTGACCAGTACTGTGGCGCTTATTCTCAGTTATTGCGGTGGAAGCAT

>nucleosomal\_sequence\_783

CGGTGACTCCTTGTGGCTGGCCCACAGTACCAGGCTTTCTCTTTCCTGGAGGCAGATTGTTTGAGGTCATTTGATGTGATGCTTCGGTCATCGCATAGGCCTCCAAGACAGGTGCATTGAATTCCTTCTCCAGCTTATGGAACGTTGCTG

>nucleosomal\_sequence\_784

GGAGCGACAGAAGAAGAAACGGCCTTAGAAGATGATTCGGCAGATGATGATGGGGCAGCAGAAGAAGATGGGGCAGCAGAAGAGGATGGAGCGGCAGAGGATGTAGCTTCGGAAGAAGATGCAGCCTTGGAAGAAGATGCAGCCTCGGAA

>nucleosomal\_sequence\_785

CTTCGTTCCAGCATTTCTATCTGGCTGTAAATATTCTCATGCGGCCCCATTGAAGGCATTGTAGTTCTAGGGACACCACTATGGCTCCCTCCGGGAGAGGCTGCAGGCGCACCTCCGCTATCTATGGTAATATGCTGAGCTGTAGTTGCA

>nucleosomal\_sequence\_786

GAACGAGGACATGGATAAATACTTGTTGGAGTACCGCAGTTTGAAGCTCCTTCATCAGTCCAGTAATTCCTTCCAGTCTCACAATGCGCCCTCCCACCAGTCGAACTACCACCCCCATTACAATCACATGAAATACAACAACACTGGTAG

>nucleosomal\_sequence\_787

CTCTTTAGAATGCTGTCTTACTTCGTCTTCTACAGGGCTTGCTTCTGCAGGAACAGTAGCAGTAGAAAGTTCTATGGTCTCAGCAGTGCTTTGGTCATTTGCTTTTGTTGTTGAACTTTCTGATGATACAGTTGGTTGGACACTAGATGA

>nucleosomal\_sequence\_788

GCAGCATCCTCGACTTCAGTTTACGCAGGAAGTTATTGGATCCCAGGACATCCATTGTGGGTACTACTGTACCTTCTCCGTATCCACCTAGAACACCATCCACAGTGGCGTCCACATCCGTCCAATAGTCGATGGCATCTTCGTATTTGA

>nucleosomal\_sequence\_789

GATAACTGGTTCAACTCTATCAATAGATTGGTCTCTTTATTCACCAAAGGTGACGGTCATGCAAGAGAAATAGTTTGTCATGGCTTCATTAACTTAGAAGATGGCAAACTGGTGGAGCATTTGCTGAACAGTGATAGCAAGACAAAGGAA

>nucleosomal\_sequence\_790

GGACGACAAGTGTGGTGTTGACTCCATCCCGGTTGATCCTGAAAAGGTTGTTGCGATTGTGGAGTCCACCATGAGGGACCAGGTCCCACCAAATACGCCCTCTGACGACATGTCCAGGGCTATTGCAGGTCATTTGGTCGAGTTTTTCAG

>nucleosomal\_sequence\_791

TCCTTTAAGGATCTCGAGCTTTCGTAAGAAAGTGGCACAAACTGAATGGAATCACCGGGTTTAACCTGTCCAACCTTCCACAGTTCTGCTTCTGGGACAACAGCTTGACACACAAAACCACCTAAGGAAGGACCATCGCAAGTAATAATA

>nucleosomal\_sequence\_792

TAACAACACACAATTGAAGGTCATTGACGGTTTTAACAAGGTTCAAACTGTTGGTGGTGCCATTGAAGTTACTGGTAACTTCTCAACCTTGGACTTATCTTCTTTGAAGTCTGTTAGAGGTGGTGCTAACTTCGACTCTTCTTCCAGTAA

>nucleosomal\_sequence\_793

ACCACACCCACACACACCCACACCACACCCACACACCACACCCACACACCCACACCCACACACACCACACCCACACCACACCCACACCCACACACCCACACCCTAACACTACCCTAACACTACCCTATTCTAACCCTGATTTTACCTGTC

>nucleosomal\_sequence\_794

TGAAGCTCGATACCGTTCGAGGTCTTTTCCACTTTCTCTGCCTTCTTGATCACAGGCTTCTCCACTTTCTTTGCAGGAGTTGCCACTGGCTGGTGCTGGTGCTGCTTCTGCTGCTGCTTCTGCTGCTGCTTCTGCTTCTGCTTCTTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_795

TTCAAGCGCTGGCGCAGTTGTTTCTTCAAGTTGACGTTCTCCTCGTCCATGGTCACACCGTCCAAATTCACCTGCTCCTCCCCCTGCGGTGGGGCCCCACTGCTCAACACAAGGTAGTACTTCTTATTCTTTTTAGACTCTGGGTCGTCC

>nucleosomal\_sequence\_796

TGCTTCCGGCCTGGCTGCCTTGGCTTCTCAATTCTTTAAGTCAGGTAACAATTCCCAAGGTCAGGGACAAGGTCAAGGTCAAGGTCAAGGTCAAGGACAAGGTCAAGGTCAAGGTTCTTTTACTGCTTTGGCGTCTTTGGCTTCATCTTT

>nucleosomal\_sequence\_797

TACGAACCTGAGTCTACCGGTTCCTCCTTTCACGATTTCTTGCAATTGTTTGATGAAACCAAGGTCCAGTACGGACTGGCACGTGTGTCCCCACCAGGGTCAGACGTTGAGAAGATTATTATCATTGGTTGGTGTCCTGATTCTGCGCCA

>nucleosomal\_sequence\_798

TAGTACACAAGGGAACTCGAACTATGTTCCTGAATCAACTGCAAGTGGAAGTTCACAATACCAGGACTGGTCAAGCTCTTCTCTTCCGCTGTCACAAACCACTTGGGTTGTCATCAACACAACTAATACACAAGGGTCTGTAACGTCAAC

>nucleosomal\_sequence\_799

TTAGAAGTAGGAGATCCGTTGATGGCTGTGTTACTCAATGGTGCCACGGAAACCTGGGGAGGTGGTTGCTGTTGTTGAAGTTGCTGCTGTTGCAGTTGCTGTTGTGGTAGTTGTTGTTGGGCGTTTGAGGACACCACAGGCAAAGTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_800

GCTCAACAACAACAGCAGCAATTACAGAAAAGCCGTTTGAATCAGCCATCCCAGTCGGCTCAACCTCCAGGAGTGAATGTCCCAAATCCTCAAGGTGGGATTGCTGCAGTTCAATCAGATTTGGAACAGAATCAACGTGTTCTCGTTCAC

>nucleosomal\_sequence\_801

GTTTTCGAATTCGAAAAGTTCGCTGCTGGTACTAAGGCTTTGTTAGACGAAGTTGTCAAGAGCTCTGCTGCTGGTAACACCGTCATCATTGGTGGTGGTGACACTGCCACTGTCGCTAAGAAGTACGGTGTCACTGACAAGATCTCCCAT

>nucleosomal\_sequence\_802

AACCTGGGGAGGTGGTTGCTGTTGTTGAAGTTGCTGCTGTTGCAGTTGCTGTTGTGGTAGTTGTTGTTGGGCGTTTGAGGACACCACAGGCAAAGTGGTGGTAGGCAACTGTGAGCCAACCAGATTAGGACGGCTAGCTTGTACTGGGAA

>nucleosomal\_sequence\_803

AGTTGTCAAGAGCTCTGCTGCTGGTAACACCGTCATCATTGGTGGTGGTGACACTGCCACTGTCGCTAAGAAGTACGGTGTCACTGACAAGATCTCCCATGTCTCTACTGGTGGTGGTGCTTCTTTGGAATTATTGGAAGGTAAGGAATT

>nucleosomal\_sequence\_804

ACTTTCTCTGCCTTCTTGATCACAGGCTTCTCCACTTTCTTTGCAGGAGTTGCCACTGGCTGGTGCTGGTGCTGCTTCTGCTGCTGCTTCTGCTGCTGCTTCTGCTTCTGCTTCTTGTTGCCCTTGTACAACGCTTTCTGGTACTTCTCG

>nucleosomal\_sequence\_805

TCGACCAACTTCAAGAAGGCAGAGATACGTGTGGGTTTTGCAGACAACTCCACAATACAGCTTGTTTCGCTGATGTCGACGACACGACCTCCAAAGTTGTTGGTCAAGTTGGTGATATCGTTCAAATGCTCGTGCTTCAACCTTAATACC

>nucleosomal\_sequence\_806

ACGGTGAAGATGGTGAGCTAATCGAGTACATGAGGATTAAGTCCGGCGTGGCCGATGTTCACGGAGTGGACGGCGTGCAGGGTGAGGGTGTCATCGACAGCAAATTGCTGGAAGAGTTCAAGGACAACGTGAGATACACCTTGGAAAATG

>nucleosomal\_sequence\_807

CCTCCATTCTGTCTTCTCTGTTATCGTAACCAAATTCTTGCTGTTGATGGTGATCCGATGCCTCCTGGTCCATCGACTGTTGATTACCGCTGTGCCGACTGGTGATCCGGAAACTTCTCATGGGTGTGGGGGATTTAGGATCATCCATGG

>nucleosomal\_sequence\_808

GAAGAGAATGATGATGACTGGGATGATGATGAAGACGAGGCTGCTCAACCTCCTTTGCCTTCGAGGAATGTTGCGTCAGGAGCACCAGTGCAAAAAGAAGAGCCTGAACAAGAAGAGATCGCCCCAAGCTTACCTTCTAGAAACTCGATC

>nucleosomal\_sequence\_809

AAACTCGATCCCAGCTCCAAAACAAGAAGAAGCACCTGAACAAGCACCTGAAGAAGAAATTGAAGAAGAAGCTGAGGAAGCCGCTCCACAGCTGCCATCAAGAAGCTCTGCAGCTCCTCCTCCGCCTCCAAGACGAGCAACTCCAGAGAA

>nucleosomal\_sequence\_810

TTCATGAGCTCCTTCTTTCTTAGAATGAAACTCTTGGCAGACTCCTTGTCTTTGCCTCCCTTCAAGCGCTGGCGCAGTTGTTTCTTCAAGTTGACGTTCTCCTCGTCCATGGTCACACCGTCCAAATTCACCTGCTCCTCCCCCTGCGGT

>nucleosomal\_sequence\_811

TCAGGAACAAATTCTCTCATTAGTAGAACTGTGTTTGAATGTTTGCGCTGCTTCAGCACCCAAGTCTTGTCGTGCGAACACAGTACAACTTCAGACTTGTCTTTGTCCAATGACTTAAACCTTAACTGGTGATTTTGAACCGGATCCTGT

>nucleosomal\_sequence\_812

ATGGCTCCCACTTCAGGTTCAAGCCCAAGTTATAGGTCAACACCAAGCCAGCTGTGGTCAGTGACACTGGGATAGTGGCTGCCCCTTCCAAAGACCTGACAGGGCCGGCAGGTAGAACATCTTCACCCAAAAATTTGAGTTCATTGGGTG

>nucleosomal\_sequence\_813

ATTCTTTAAGTCAGGTAACAATTCCCAAGGTCAGGGACAAGGTCAAGGTCAAGGTCAAGGTCAAGGACAAGGTCAAGGTCAAGGTTCTTTTACTGCTTTGGCGTCTTTGGCTTCATCTTTCATGAATTCCAACAACAATAATCAGCAAGG

>nucleosomal\_sequence\_814

CTCCGTTATCCCAGGTTCCTTGGGTTTGTTGCCATCTGCGTCCTTGGCCTCTTTGCCAGACAAGAACACCGCATTTGGTTTGTACGAACCATGCCACGGTTCTGCTCCAGATTTGCCAAAGAATAAGGTCAACCCTATCGCCACTATCTT

>nucleosomal\_sequence\_815

GCAAAGTTCGTTCGATCGTACTGTTACTCTCTCTCTTTCAAACAGAATTGTCCGAATCGTGTGACAACAACAGCCTGTTCTCACACACTCTTTTCTTCTAACCAAGGGGGTGGTTTAGTTTAGTAGAACCTCGTGAAACTTACATTTACA

>nucleosomal\_sequence\_816

TTGGAAGACCGAAGAAAATAGATAGACTTTCGAATAAGTTCAGCAACAACATGTGGTTGAAATCCTTGCTGCTCTGCCTGTACTCCTTAGTACTCTGCCAAGTCCACGCTGCACCTTCATCAGGGAAGCAGATTACCTCCAAGGATGTTG

>nucleosomal\_sequence\_817

ACGAATCTGCAAACGTCTTTGCTCTTCAGGCGACAAATCTCTCTTCGATCTGCGTCCACTTTGCAGAGGCATTTTAGTTGCGCCAACCACAGGGCCTGGAGAAGGAGTGTTGGACATACCGATGGGTGAAGGCGAAGCTTGAACTGGAAC

>nucleosomal\_sequence\_818

GGCAAGTTTAGCAACTGTTTCCAGCCTTCACCTTCAAACACATGTCCCAAGTGTCCACCACACCTTGCACAACATATCTCCACCCTCGCAGGCATTAAAGAATTGTCACGATGATATGTGATGGCTCCAGGGGATACCTCTTCGTAGAAT

>nucleosomal\_sequence\_819

AAAGTGTCGTTGTAGTTCAGATGAGATAGCGACTCAATTTCCACGCCTGGGGCAAAGATGTTTACACAGGGCCCCCAATTGCTGAACTTGGCAATCGTGTCAATGTGGTCATCAAAGGCCCCTACGGTGATAACGTTTTCTGCAGACGCA

>nucleosomal\_sequence\_820

GTAAATGTTAACCACCATTGCTATTTCCTTGCTAGGTTTGCCAAAGCCGTTGGCGAAGGCAGCACTAGACGGCGAGTCACTTCCGTCTCTTTGTCCACTTCCTCTTCACCATCAAATCGAAGCCTGCAAGTGCCGTCCCTCTTGGTTCCG

>nucleosomal\_sequence\_821

CAGATTAATGAAAAGTATGGCCACTTCTTAGAAAAATCGAAGGTTGTTATTGATCTGTGTGCTGCTCCTGGTTCATGGTGTCAAGTTGCATCCAAACTCTGTCCTGTCAACTCCTTAATTATTGGTGTTGATATTGTTCCAATGAAGCCG

>nucleosomal\_sequence\_822

CATCATCATTGGCATCGTTGCCATCTCTTTCTATATCACCAACTGTTGACACTGTTTCTGTTCTACAACCAACTACTTCCATCGCAACACTAACTTGCACAGACTCACAATGCCAACAGGAGGTATCCACTATCTGTAATGGATCCAACT

>nucleosomal\_sequence\_823

TTGGTTCTGAGGCATACCGGCGTTATTACTGTTGTGGAACTTTCTCCTTTGAGGACCATTGCTGTTATGGTGATGACTGTGGTGATGATTACGGTGGTGAGGTGGTTGTTGCTGTTGTGTAGATTGACCATTTTCTTGAGAGGTAGCGTC

>nucleosomal\_sequence\_824

CGTGGCTTGAGGATTTAGTTCTCTTAGCTCGCCAGTAATCTGAGAGGAGAGTGTGGAAACTGGACGTTCCTGGGGAATAGAGGACAAGGAAGAAGAAGTAGGGGTAGCGCCTGAGCCGTGATTAGGCAAAGAGTCATAGAGTTGAGAATC

>nucleosomal\_sequence\_825

CAGTGGAGTCGACTGAAGGAGTGGAGTCGACTGAGGCGGAACGTGTGGCAGGGAAGCAGGAGCAGGAGGAGGAGTACCCTGTGGACGCCCACATGCAAAAGTACCTTTCACACCTGAAGAGCAAGTCTCGGTCGAGGTTCCACCGAAAGG

>nucleosomal\_sequence\_826

TTTATGACCAGGGAGGTCAACAGAAAGTTTTCTAGTTCTTACATCCCACACTTTCAACGTGGTATCTTTGGAACATGACACCAGTAGTCGGCAGTCCGATGACCACGCAACCTGGTATACGCTGGCTACATGCCCTCTAAATGTGGAGAT

>nucleosomal\_sequence\_827

TGTCACCGACGGCATCACCAATAAACTTGCAGACCAAGAGGTTGTTGACCTCATCACCTCTACGGTGAACTCCTGGGGACTGAAAAAGGCGACTCCTCAATTTGTTGCAGAGGAGACAATCAAATTTATTCAGGCAATAGCCACTAAACA

>nucleosomal\_sequence\_828

AAAGGAGTTCTTGGCAATGCCATCATACCGCTTCTTGCACACTCTAGGACACCGAATGGCTCGACCAACTTCAAGAAGGCAGAGATACGTGTGGGTTTTGCAGACAACTCCACAATACAGCTTGTTTCGCTGATGTCGACGACACGACCT

>nucleosomal\_sequence\_829

CGTGCCACACTGGTAGAGTCTGTGTCTACGATGTGGTCAACGACAAGGGCTGGAGTGTAAACATGTTCAACCACAGAATCCACAAAGTCATTGACGAAGTTCTCCTTGGATACGAGCAGGCTGCCAAGTGCGTTGAACCAGAGCCCTGCG

>nucleosomal\_sequence\_830

TGGTGGAGTCAGATGGAACTGGGGTAACATCTTCGATACGGCCAATTCTCAAACCAGATCTGGCCAAAGCTCTCAAAGCAGCTTGACCACCTGGACCTGGAGTCTTGGTTCTAGTACCACCGGTAGCTCTGATCTTAACGTGAACGGCAG

>nucleosomal\_sequence\_831

TGATATCTTCGATGAAGAAACAAGTTCATTAATATCAACCTCAGCTGCCTCATCGGAGAAAGCCTCGTCCACCCTTTCTTCAACTGCACAACCTCATAGGACATCTCACTCTTCCTCTTCATTCGAGCTACCAGTCACTGCTCCATCATC

>nucleosomal\_sequence\_832

GCAAATGCCTACCCAAATCCTAACCTCCGAACAAATAAGAGCTCAACAACAACAGCAGCAATTACAGAAAAGCCGTTTGAATCAGCCATCCCAGTCGGCTCAACCTCCAGGAGTGAATGTCCCAAATCCTCAAGGTGGGATTGCTGCAGT

>nucleosomal\_sequence\_833

GCTAGGTTTGCCAAAGCCGTTGGCGAAGGCAGCACTAGACGGCGAGTCACTTCCGTCTCTTTGTCCACTTCCTCTTCACCATCAAATCGAAGCCTGCAAGTGCCGTCCCTCTTGGTTCCGATGACAATTGCAGGATAAAAAGTGGTCGTT

>nucleosomal\_sequence\_834

ATGTGGTCAACGACAAGGGCTGGAGTGTAAACATGTTCAACCACAGAATCCACAAAGTCATTGACGAAGTTCTCCTTGGATACGAGCAGGCTGCCAAGTGCGTTGAACCAGAGCCCTGCGTAGATTGCTACAACTGGAAGTTTATTCCAA

>nucleosomal\_sequence\_835

AAGGAATTGAAGTACTTCGGTAAGGCTTTGGAGAACCCAACCAGACCATTCTTGGCCATCTTAGGTGGTGCCAAGGTTGCTGACAAGATTCAATTGATTGACAACTTGTTGGACAAGGTCGACTCTATCATCATTGGTGGTGGTATGGCT

>nucleosomal\_sequence\_836

TCCTCTTCATCCTCTTCTTGTCCACTATGGAATACAAAGACGTCAACGAGAGTGTCATTGTACGTTTGAAGTGTGGCATGAATGGCTGGCGCAAGTTCCCCAACTGGAGAGGGCAATAAATGATGCGTAGAATTTACGATAGGGAATTTA

>nucleosomal\_sequence\_837

CGTATAGCAAAGATCTGAAATGGATACGGATAAGTTAATCTCAGAGGCTGAGTCTCATTTTTCTCAAGGAAACCATGCAGAAGCTGTTGCGAAGTTGACATCCGCAGCTCAGTCGAACCCCAATGACGAGCAAATGTCAACTATTGAATC

>nucleosomal\_sequence\_838

AATACCCAAGTTTCTGCTACTTCCGAAGCTACTAGTACTAGCACTCAAGTGTCTGCTACTTCTGCGACGGCCACTGCTAGCGAGAGTTCAACCACATCCCAGGTTTCTACTGCTTCCGAAACTATTAGCACTCTCGGTACTCAAAACTTT

>nucleosomal\_sequence\_839

CTATTCAAGCTACTACCAATGACCAAACTTCAAAAACTATTCCAACTCTTGTTGACGCCACATCGTCATTACCACCAACATTGAGGTCATCCAGTATGGCACCAACAAGTGGTTCTGATTCAATCTCACACAACTTTACGAGCCCCCCCT

>nucleosomal\_sequence\_840

GCAACACCTGCATATGCGTTGTACCAAGCAATGAAAGCAACAACAACTCCCAGGACACCACCAGCTCTTGTGACACCAAGTCTATTAGCAAAGTGACCAATAGACAACAGTAGGAAAGTTAATGCTAGTAAGAAGAACAACAAAAAGAAC

>nucleosomal\_sequence\_841

TACATTTAATCCTTCTTGAGGTTTAAAGACGCACTGTTCACACAGTGTCTGGTGTCCTTGGGCAAGTTTAGCAACTGTTTCCAGCCTTCACCTTCAAACACATGTCCCAAGTGTCCACCACACCTTGCACAACATATCTCCACCCTCGCA

>nucleosomal\_sequence\_842

AGCCGTTTGAATCAGCCATCCCAGTCGGCTCAACCTCCAGGAGTGAATGTCCCAAATCCTCAAGGTGGGATTGCTGCAGTTCAATCAGATTTGGAACAGAATCAACGTGTTCTCGTTCACCTCATGGACATTTTAGTTTCTCAAATTAAA

>nucleosomal\_sequence\_843

ATCAAATAAAGGTTCTTCTAACAGAGGGTTTGACGTAGGGACTGTCATGTCAATGCTAAGTGGTTCTGGCGGCGGGAGCCAAAGTATGGGTGCTTCCGGCCTGGCTGCCTTGGCTTCTCAATTCTTTAAGTCAGGTAACAATTCCCAAGG

>nucleosomal\_sequence\_844

TTCGTTCCAATGTCAAGTTCGATTTCGAAAATCATTTAATTGGTGGTGCTGCTATCGATGCTACAGGTGTTCCACTTCCAGATGAGGCGCTGGAAGCCTCCAAGAAGGCTGATGCCGTTTTGTTAGGTGCTGTGGGTGGTCCTAAATGGG

>nucleosomal\_sequence\_845

TTGGCACAATGGTAGACACCGGACTCGTTGGTGTGTAAATACGCACCGGTGTTGGGCCTTTCAGTGGCCTTATCTCTCAGCACCATCAGCTGCAATGGTGTCAGGGCATCGTTCCACTTCACGTCATTCGATTCGTCACTCATTTTCTTG

>nucleosomal\_sequence\_846

AAGGAGATCTGCAGTGTCATGTATTCATGCTGCGGCACTTTCACAACGATGATGCTTCCGTCTTCCTGCTTCTTGGAGAGAAGATCCGGATAGATGGCCTCGACGGCCTCCAGTTCTTCGACCAACTGTTCGTGATCGTCATCCATTGAG

>nucleosomal\_sequence\_847

TTTGGCTCCAGTTGCTAAGGAATTGCAATCATTGTTGGGTAAGGATGTCACCTTCTTGAACGACTGTGTCGGTCCAGAAGTTGAAGCCGCTGTCAAGGCTTCTGCCCCAGGTTCCGTTATTTTGTTGGAAAACTTGCGTTACCACATCGA

>nucleosomal\_sequence\_848

TTTGGTATTTAAGTCAATCTCAGTAGCACCTCGCCTTCCATCTGTTCCCTCTACATCTTCTTCATCTCTGAGTAAAGATCTGATCTCATCTCTATGAGCTGCAAGATGAGCCCACTCTCTCTGTGTTGTACCATCACTGCTAGTAAATGT

>nucleosomal\_sequence\_849

AACTGTTGACACTGTTTCTGTTCTACAACCAACTACTTCCATCGCAACACTAACTTGCACAGACTCACAATGCCAACAGGAGGTATCCACTATCTGTAATGGATCCAACTGTGACGATGTGACTTCAACTGCCACTACTCCTCCATCTAC

>nucleosomal\_sequence\_850

GATTCGGACGTGATACCGCCTCTTTGGATAATCTTGTAGACCTGGAAGTAGAAATCCTCATTGTAAGGGTCCTCAGTGACAATTTGAGACAACTGATATCTGGTGATGAAGTCCTTATCACGAGGAGTCATTAAACCTGAGTATTTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_851

TTTGAGCACTTCAACAGAATCAGAATCTTCATCTGGATATTTGTCGAAAGGAGTATGCTCAGGTACTGAATGTACGCAAGATGTGCCAACACAATCATCCTCACCTGCTTCAACGTTAGCATATTCCCCCTCTGTTTCTACATCATCATC

>nucleosomal\_sequence\_852

CCGGAGCCATTGTACTTTGGGGTGAAGGCGCCATTGCTGGAGGTGGTGCAGTAGACCACAAAGATTCCATTGGCTTCAGGTCTAGAGGTCCTGCTGCTGCCGTTCCATCGGTCCTAGGGCCGCTAATTCCTTCTGCAGTAGCTGCAACAT

>nucleosomal\_sequence\_853

AATATCCGAACCAATGTCGTCATCCATAGTATCGTTAACATTGTCCACAACATTCTCTCTCAACTTGTCTTCCTCTACTTCGTCCTCGGCATCAACACTTGGAGGTGATATCAAAGGTAAAGACCATGAATTAAAGGCGCCTATAGCCCA

>nucleosomal\_sequence\_854

AACTGTCTTTGCATCCAAGAGAAACGCTGACTCACTACTTATGGTCTTCCAAGCAAAACGAGCTTGTGCTGCAGGGCGACCAATACTTCAATGAAGATGCTGCAAGAACGAGTGACATATACAGTAACAACAACAATGACAGGTCACTAA

>nucleosomal\_sequence\_855

CACCATCCATGCAGCACAACCTCCGATTACAGAAAGTTTCAGTTTCCTTGTCTTTGCCACCAACAAACTGTAGAATGGAGATGCAGTAGCAGCAACAAAGTCAGGAAGGTTTACTATCCGAGCAGCCGAAGTGGACGATTCTTTCATCGA

>nucleosomal\_sequence\_856

AGCCTGAACAAGAAGAGATCGCCCCAAGCTTACCTTCTAGAAACTCGATCCCAGCTCCAAAACAAGAAGAAGCACCTGAACAAGCACCTGAAGAAGAAATTGAAGAAGAAGCTGAGGAAGCCGCTCCACAGCTGCCATCAAGAAGCTCTG

>nucleosomal\_sequence\_857

ATGTCGACGATTTCGCTGATCTTTTCGTCTTCGTCGGCAGCTTCCTCGGTGCTTGTCTTCAAAGGAGTTCTTGGCAATGCCATCATACCGCTTCTTGCACACTCTAGGACACCGAATGGCTCGACCAACTTCAAGAAGGCAGAGATACGT

>nucleosomal\_sequence\_858

CGAAATTAATTCAGGCTTATCCAGATGTAAGATTTGTCAAGTGCGACGTGGACGAATCACCAGATATTGCCAAAGAGTGTGAAGTGACGGCTATGCCCACCTTTGTTCTTGGCAAGGATGGCCAACTCATCGGCAAGATCATTGGAGCTA

>nucleosomal\_sequence\_859

CAATCGAATCTCACCAAGAGGTAGTGTGACATCGTTATTCCAACCCCACAGTTTTGAACCAGATTGAAGATTCTCAGACATAGGAGTTTGTAAAGTGGCATTGTACTCCTCCAGTTCCTTAGCAATTGCCTCTATGTTCAATCGAGGGAA

>nucleosomal\_sequence\_860

GACAACGAGCAATACTGTACCAATGACCACGTTTTGACTATGTGGACTCCTTACAAGGACGGCTACATTTCACAAGGAGGCTTTGCCTCCCACGTGAGGCTTCATGAACACTTTGCTATTCAAATACCAGAAAATATTCCAAGTCCGCTA

>nucleosomal\_sequence\_861

TTGCATCGACAAGATTGGCTGTAGGGGGGCCATTTGCTGCGGAGCAGGAGCCGGAGCCATTGTACTTTGGGGTGAAGGCGCCATTGCTGGAGGTGGTGCAGTAGACCACAAAGATTCCATTGGCTTCAGGTCTAGAGGTCCTGCTGCTGC

>nucleosomal\_sequence\_862

CTTTCAACGTAGATTCAGGTGCCTTGACAGAGGGTAAAGTAGTGGTCTCTTTAGAAGTAGGAGATCCGTTGATGGCTGTGTTACTCAATGGTGCCACGGAAACCTGGGGAGGTGGTTGCTGTTGTTGAAGTTGCTGCTGTTGCAGTTGCT

>nucleosomal\_sequence\_863

CTTCAACTAATAAAATGTCACACACTAATAAGATCGCATACGTGTTGAACAATGACACGGAGGAAACAGCCTCGCCCTCTTCCGTTGGTTGTTTTGACAAGAAACAGCTCACTAAATTACTGATACATACTCTAAAGGAGCTGGGCTACG

>nucleosomal\_sequence\_864

TACAGGTCCAAGGAACAACTTCCTCGCCACTTGACTACACCTTTCCAGTTGTCATCCGAAGTGCTGTCGCATATTGAAATTGACGACTCGACAGGTCTACGTGAAACAGAGTTGTCATTATTACAGAGTCTCAGACTGCCCACCACTCCA

>nucleosomal\_sequence\_865

CGCTTGAAGAATAATACTGAGGTGAACACACCCACGCCAAAACCCATGGCAGTCTTGACCAGCATGTTGGACAGGACAATATCCCACTTAGTGTCGAGGATCGTGGACACGGAGCTGCCATTCTTGTTAGAATCCTTGGAGGGAGTGCTT

>nucleosomal\_sequence\_866

TTGTGATTAGCCTTTCTGTCTGATGACAGGATAGAGTCGACCTCCATTCTGTCTTCTCTGTTATCGTAACCAAATTCTTGCTGTTGATGGTGATCCGATGCCTCCTGGTCCATCGACTGTTGATTACCGCTGTGCCGACTGGTGATCCGG

>nucleosomal\_sequence\_867

CTGCTGTGTCGTTACAGAACTCGCTGATCGGGCTGCCCAAGGGCAAGTTCTCCACAGACGATGAAGAGGCCACGTCCAAGTTCATCCAGGCAAGGGCGATCAGAAGGAAAGTTCTTAGATATCTGCAATTGGTCACGGAGGGTGAGTTTC

>nucleosomal\_sequence\_868

TTATTACGAGCGTTGCGTCCTTGGTAAGGTTTAAACTGTGGTGGGAAGCCTTGGTTCTGAGGCATACCGGCGTTATTACTGTTGTGGAACTTTCTCCTTTGAGGACCATTGCTGTTATGGTGATGACTGTGGTGATGATTACGGTGGTGA

>nucleosomal\_sequence\_869

CTCTGGAGCGTCCTGTAGCCTTTGTTTTAGTAAAGATTCTAGCCCCACCAAACCATGCTTGAATTCACCAAAGCAAGACATGGTCTCCAAGTGGCAAAATCCAACGTTTTCTTGTTCAACGATAAACTTTAAGGCATCCGAATCACAGTC

>nucleosomal\_sequence\_870

CAGTCCAAACAAGAGCGTTTCGTCGAAAGTAATAGGTTGTTCAGGAACAAATTCTCTCATTAGTAGAACTGTGTTTGAATGTTTGCGCTGCTTCAGCACCCAAGTCTTGTCGTGCGAACACAGTACAACTTCAGACTTGTCTTTGTCCAA

>nucleosomal\_sequence\_871

GAGTGCGTGCATTTCATTCAATCACTAATAAACTATTACTTGGTCCCGGTGACCGAAGAAGACAAGACATGGTCAAGGGCATTTGTTGGTCATCACGTGAGCGGGGATCTTAAGTGGCTGGAGACTATTGGTGTCAAATTCCCTGGCAGA

>nucleosomal\_sequence\_872

CTTCACCACTATGTTGACTGGTATTCCAGCTGAACAAGTCACCAGAGTCATCACTGGTGTCCCATGGTACTCCACTAGATTGAGACCAGCCATCTCCAGTGCTCTATCTAAGGACGGTATCTACACTGCTATTCCAAAATAGAGACATGC

>nucleosomal\_sequence\_873

GTGATTGTACAGCATCAGTGAAAACACTAGTGGGTTCCGAACTGTCAGCCAAAACACTAGTGGGTTCCGAATTGTCAGCCAAAACACTAGTGGGTTCCAAATTGTCAGCCAACACACTGGTGTATTCCGAATTATCAATCAAGGCACTGG

>nucleosomal\_sequence\_874

TAAGTCTTTGGAAGTCGTAAGGATAAATCTGGAATCTTGTGACCACGTCAAAGACGTTATGTCTTGAAAGTGTCCCGCATGCACCCTATGGCGGACGAAGGGAGCAAACTGTCTGTCTTTATTAACATCTGGAGTCTTCCAAATCTGTAA

>nucleosomal\_sequence\_875

CCGTGTTGTCCATGTCCATAAGGTCGAGTGCGTTAGATGCCGGTTGAGGTGGTGGAGGTGGAGGCAATGGCGGTTTTAGGTGTGGAGACTTGGGCTTTGGGGGCAGTGGGGGAGTATTCTGCTCCTGCTGGAGCTGCGTATTGGGCTTAG

>nucleosomal\_sequence\_876

CCATTGCTGGAGGTGGTGCAGTAGACCACAAAGATTCCATTGGCTTCAGGTCTAGAGGTCCTGCTGCTGCCGTTCCATCGGTCCTAGGGCCGCTAATTCCTTCTGCAGTAGCTGCAACATATGATCTAGCCGTGGCACCGACGCCATTAC

>nucleosomal\_sequence\_877

ATGGTTCTCCTGCAGCTATGTTGCTTTCTATATCAGCGATTGGACCTGGAGTCTGAGAGTCAGCGTCATCGTTTAAGTCACCGGTTGGCGTTTCTTGTTTCAATTCATCTGTCTGTAATGTGTAGATCAAATTTTTCAATTCGTTATAAT

>nucleosomal\_sequence\_878

CTGAATGTACTCATTGAAGGAGTCGGTGGCCAACTTAACGACAGCGGAGTCTTCAGGGGCCACAGCCTCTTGTTGGGCGAAAACAGAGGAGGCGAGCAGCAGGGAGGACCATGACAGGACGGCACCAGCAGAAAACTTCATAACGGGATA

>nucleosomal\_sequence\_879

ATGTTGAATCTCATGTTGTATGTGTACGACCAGTCAACATAGAGTCTCAAGATGTGCAGGGCAAAGATTGCCGCAACTGACGCAGTGAACGCTTGTGCTATCTTGGGGTACAGGAACATGGAAGTCATTCTTGCAAATATTGCATGAAAC

>nucleosomal\_sequence\_880

GCAATGTTGGACTTGGCAATGTTCCTGTGCACTTTCTTCGTGGTTTTCGTGCACTGGCTGGTGAAAAAGCGGATCATCAACTGGAAGTGGACTGGGTTCGTTGCAGTGAGCATCTTCGAGTTGGCTTTCATCCCCGTGACGTTCCCCATT

>nucleosomal\_sequence\_881

TGCGTCCACTTTGCAGAGGCATTTTAGTTGCGCCAACCACAGGGCCTGGAGAAGGAGTGTTGGACATACCGATGGGTGAAGGCGAAGCTTGAACTGGAACTTGTACAGGACCCATTGGCATTTGATTCATATTCACATTAACGCCAGGAG

>nucleosomal\_sequence\_882

TCTCCGTTGTATATTGGTACTGAATTCAAGTTCAATTCGCCATGTGTCTCTCTGGTCTCAAATTCTGATTCAGTCTTGGCGAATCCCACGACGTCCATGTACGGCTTGGACAGTCCAAACAAGAGCGTTTCGTCGAAAGTAATAGGTTGT

>nucleosomal\_sequence\_883

TTCGTCAAACGCCTCTTCAGAGAGTTGAGGCAAACCGTACTTCAAGTCTTCAGTCATGTCGTGGATGGCAAATAGAGGGAATTGTTCCTTCATGTTCAAGTTGCCGGCGTGTCTGCCGAATTTTCTGGCATCGATGCTAACAAAGTTCAT

>nucleosomal\_sequence\_884

GTTGTGGAACTTTCTCCTTTGAGGACCATTGCTGTTATGGTGATGACTGTGGTGATGATTACGGTGGTGAGGTGGTTGTTGCTGTTGTGTAGATTGACCATTTTCTTGAGAGGTAGCGTCTTTTGAATCTTCCTCACCTACTGCCGATTC

>nucleosomal\_sequence\_885

ACCAGCAACAAGGCCAAAACTATCAGCATCAACAACAGGGTCAGCAGCAGCAACAAGGCCACTCCAGTTCATTCTCAGCTTTGGCTTCCATGGCAAGTTCCTACCTGGGCAATAACTCCAATTCAAATTCGAGTTATGGGGGCCAGCAAC

>nucleosomal\_sequence\_886

CCCTTTGTATTAGAACACATTTGAATAACCAACCAAATTGTCCTCTCTGCCTTTTCGAGTTCAGAGAGTCCTTGCTGAGAAGTGAGTTCCTGGTCAGTGAAATAATTCAAAGTTATACATCCCTACGATCTTCCTTACTAGATGCACTAA

>nucleosomal\_sequence\_887

AACTACTTCCATCGCAACACTAACTTGCACAGACTCACAATGCCAACAGGAGGTATCCACTATCTGTAATGGATCCAACTGTGACGATGTGACTTCAACTGCCACTACTCCTCCATCTACGGTTACTGATACTATGACATGTACTGGATC

>nucleosomal\_sequence\_888

AACGGCAGAGCATGTAGCTATCAGATCCAAATTGCAATATCGTCTAGAGCTGGCACAGGGAGCGGTAGGTTCAGTACAGATCCCTGTTGTAGAGGTTGATGAACTACCGGAGGGATACGACCGGTCCTGAGAAAAGAGAAAGGGAACACT

>nucleosomal\_sequence\_889

ATTCTAATGATGGAGATGGTGTTGAAAAAGTTCAAAGTGACCAGGGAACCGAGGATCAGCAAATGGAGAAGGATCAGGACACTGTTATCAACGAAGATAGAGTTGCTGGTGAAAGAAATTTGCCTAACGAAGATTCAACTGATGCTGACT

>nucleosomal\_sequence\_890

TCGACGGCCGTCTTGGCTATCTGGTTCCGCAACAGCAACGAGGCGTCTTGCACCAGTTGTTTGCGGTCTATGGAAAGGATGTAGCCAACAAAGGTGTCGTACGAGCACTTGGACGAGTCGTACACAATCCGGACCACGTCGCCTGCCTTC

>nucleosomal\_sequence\_891

ACGTACGGATTTCATTTCGTCGCACCAGGGGTCGTATTTAAGAAAGTTCAGGCGAGTAAGCTCCAACAGTGACTGAGAAAGTAGCAAAGAGCCAAACAACCCCCATAAGAGCTTTCTGACGCTGACGAATCGAGATTGGCGAGGTATGAT

>nucleosomal\_sequence\_892

TGATGGTTCCGTTGTGGAATACTACCCCGGTTTCAGATCTATGCTGAGACACGCCTTAGCCTTGTCACCCTTGGGTGCCGAGGGTGAGAGGAAGGTGCACTTGAAGATTGCCAAGGATGGTTCCGGAGTGGGTGCCGCCTTGTGTGCGCT

>nucleosomal\_sequence\_893

ACCATTACTAACTCTACCGTTACATTTGGATCGACCAGCAAGTATCCATCTACTAGTGTATCTAACCCAACAGAAGCCAGCCAACATGTGAGCTCTAGTGTGAACTCACTCACTGATTTTACTTCAAATTCAACCGAAACCATCGCAGTT

>nucleosomal\_sequence\_894

ACTGGTAGGATATTCTGCACCAACACCAATACCTACCAAACCTCTCATAACTGTTAACATCCAAAACATGCCAGGTACAGTAGTACCGTGAGAGGCAGCACACAGAGCACTACCAATAACCAAGATAGCAGTGGCCACAAGGATACAAGA

>nucleosomal\_sequence\_895

CCAACTAAGGAAGCCCATGATCGATGCATATGTGGCGGAGATGAGGCAGAAGTTTGATGCCTCCTATGGACAATCCAGGGCGCAATTGGAAGCCAAACTGGCGCAGGTGGACAGTGAATGGCATATGGTACATGGTGATGTGCATGCAAA

>nucleosomal\_sequence\_896

GAGAACCCAACCAGACCATTCTTGGCCATCTTAGGTGGTGCCAAGGTTGCTGACAAGATTCAATTGATTGACAACTTGTTGGACAAGGTCGACTCTATCATCATTGGTGGTGGTATGGCTTTCACCTTCAAGAAGGTTTTGGAAAACACT

>nucleosomal\_sequence\_897

CGGAAGGATCCGATGGAGAATTTCTTCTCAATTTTGTTGTCGATGAACTGTCTCCATGACCTGTTGGAATTCGAAGTGAATTGTTGGAATGCTGTGGGATTTTTGAACCTCACCAAATACTCCTCTGCGTATGCGAGGTTGACCAGCAAA

>nucleosomal\_sequence\_898

TGTCTTGAAGCCAATCCCCCACTGTGCTAGCAGTAGCGCTAGCTTGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTTCTTGATGATGGTGATGTTTCGCCCAGTAGAGTCTCAGTTGCTGATGGTATTGAAGTTGTCATTTCTAGTTTTATCGTTAATG

>nucleosomal\_sequence\_899

CAATGCTAAGTGGTTCTGGCGGCGGGAGCCAAAGTATGGGTGCTTCCGGCCTGGCTGCCTTGGCTTCTCAATTCTTTAAGTCAGGTAACAATTCCCAAGGTCAGGGACAAGGTCAAGGTCAAGGTCAAGGTCAAGGACAAGGTCAAGGTC

>nucleosomal\_sequence\_900

AATCACAAGACATTTTTAATATCATCGATCCGGATGATGACGCCTCTTTCTCCTCTCCACCCCACCGGATCAACCTTTTGCAGGATAACTTCTCACACGATCTGACTGTGACCTTTCAAGAATGGAAGACTATCCAAGACACCACAGACG

>nucleosomal\_sequence\_901

TCCAACTCTTGTTGACGCCACATCGTCATTACCACCAACATTGAGGTCATCCAGTATGGCACCAACAAGTGGTTCTGATTCAATCTCACACAACTTTACGAGCCCCCCCTCTAAAACAAGTGGTAACTACGATGTTTTGACTTCAAACTC

>nucleosomal\_sequence\_902

GAAATCGGTGACTCCATCTTCGACAAGGCTGGTGCTGAAATCGTTCCAAAGTTGATGGAAAAGGCCAAGGCCAAGGGTGTCGAAGTCGTCTTGCCAGTCGACTTCATCATTGCTGATGCTTTCTCTGCTGATGCCAACACCAAGACTGTC

>nucleosomal\_sequence\_903

GATAACGTGATCCTGCCACAGGAGTCCATGGAGGTTTCGCCACGGTCGTCTACCACGTCGCTGGTGGAGCCAGTGGAGTCGACTGAAGGAGTGGAGTCGACTGAGGCGGAACGTGTGGCAGGGAAGCAGGAGCAGGAGGAGGAGTACCCT

>nucleosomal\_sequence\_904

GGAACCGGCTGCAGCAGTCCAGGACTCTGGACCTCTTGGATCTGTTCATCTCACAAGGCGTGAAGTTTACAGTCATGTACAATGATGACAAGCTGCTGCAAAGGCTGAGAGGGATGGCTACGAACTCTGAAAACAGCGGGTCCGGTGAAA

>nucleosomal\_sequence\_905

CGTAATTTCAGAGGTAGGTGAAGACACAATTGGTTCATTAGTGACACTCTCTTCATAGAAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGCTGATGTTGGGATATCTGCAGAAGTGAATTGTGAATCAGCTGATGACGATATCCAAAC

>nucleosomal\_sequence\_906

CCTGATTAAGTCCCACGCTCTCACCGTACCATCTAACGATGATGAGAACATGACCTGACCCCTTTTCGCAAACTGTACAGCAGTAACTGAAGAGGTGTGTTCTTCAAAAGTGGCCAAACAAAACCCTGATGTAATGTCCCAAACTTTGAT

>nucleosomal\_sequence\_907

CAATTGATTGACAACTTGTTGGACAAGGTCGACTCTATCATCATTGGTGGTGGTATGGCTTTCACCTTCAAGAAGGTTTTGGAAAACACTGAAATCGGTGACTCCATCTTCGACAAGGCTGGTGCTGAAATCGTTCCAAAGTTGATGGAA

>nucleosomal\_sequence\_908

TGCAAAGGCCATGAAAGTCGAGCCTCTATCAGTAATGGGGTCCGACGCGGTCCAGCCCTCGAAGGGGTCTGTGGGAATGTCACTCTGCTGGACCGGTTCTGTCTCCTCCTCTGGTTCAACGTACAAGACACCGTCGAGTTCTGTGAGGAA

>nucleosomal\_sequence\_909

CTTGGCTTGTCTTAGTCTTAGGCTTAGGCTTCTCTCTGGTGTGGGTGTGTGGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGGGTGTGGTGTGGTGTGTGTGGGTGTGGTGTGGTGTGTATATATATGTCACTGTA

>nucleosomal\_sequence\_910

CTCAGCAGCAGAGGAAGTCTCAGCAGCAGAAGAAGTCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAGCAGCAGAGGAAGTCTCAACAGCAGAAGAAGCCTCCACAATAGAGGCCTCAGTAGT

>nucleosomal\_sequence\_911

TAGAGCAACTACCAGAATCTGTTGTCGATGCCCCAGTCGAAGAACAGCACCAAGAACCACCACAGGCTCCAGATGCTCCACAAGAACCACAAGTTCCACAGGAATCTGCTCCACAGGAATCTGCTCCACAAGAACCACCAGCTCCACAAG

>nucleosomal\_sequence\_912

TTAGAATAAGAAAGCGACACCGGCAGCGACGGCAGCACCGAAGACACCAGCACCCAAAGCGTTGGAAGCAGCAGCACCAGTGGAGATCTTGGTGCTGGTGGTGTTGGAACCGTTGGTACGGTTGGAACCATTGGTAGAAACGTTAGCAGC

>nucleosomal\_sequence\_913

AGAAGTCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAGCAGCAGAGGAAGTCTCAACAGCAGAAGAAGCCTCCACAATAGAGGCCTCAGTAGTGGAGGGAATTTCAATAGCAGAAATACTAGA

>nucleosomal\_sequence\_914

CCCCAGTCGAAGAACAGCACCAAGAACCACCACAGGCTCCAGATGCTCCACAAGAACCACAAGTTCCACAGGAATCTGCTCCACAGGAATCTGCTCCACAAGAACCACCAGCTCCACAAGAACAAAATGACGTTCCTCCACCATCTAATG

>nucleosomal\_sequence\_915

GCGATGGCTCCGCTTGTTCGGTAGGCTCTGGCTTAGATTCTCCAGAACCCTCAGCAGGTGCTTCACCAGGCTCGACCTGAGCTAACTCCTCACCAACAGTGACAGTGTCCTCTGGTTTGAAATTTAGCTTCGTAACAGTACCTGATACTG

>nucleosomal\_sequence\_916

TAAGGGACAACTTGACCTTATGGACCTCTGATATTTCTGAATCTGGTCAAGAAGATCAACAACAACAACAACAACAGCAACAGCAACAGCAACAACAGCAACAACAAGCTCCAGCTGAACAAACTCAAGGTGAACCAACCAAATAAGAGC

>nucleosomal\_sequence\_917

GGAAAGAGAAGATTGAGATGGAGATGATTTCGGTGGCGGAGCTTGAGACCCTGGTTGTAGTTGCTGCAGTTGCTGCACATGACTGGACTCCTCCTGTAACTGCTGCCTTTGCTGTTGAATCTGGTGCTGCTTTAGCTGTTGCTGTTGTTC

>nucleosomal\_sequence\_918

TTAACAGAAGTGGTCTCGATAGTAGAGGAAGAAGAAGAAGTCTCAACAGCAGAAGTCTCAACAGCAGAAGAAATCTCAACAGCAGAGGAAGTCTCAACGGCAGAGGAAGTCTCAGCAGCAGAGGAAGTCTCAGCAGCAGAAGAAGTCTCA

>nucleosomal\_sequence\_919

AGTATTGGTAGGAGATGTGGTTTTCACACTGGCATGACCATGTGTGTGAGTGACAGGGGAAGTGGTAGCACTGGAATGACCATGCGTGTGAGTAACAGGAGAAGTGGCAGCTTTGGAAGTGCTGTGGTTATGAGTGGTTGCAATACTTGG

>nucleosomal\_sequence\_920

GAAGGTAAGGACTTGAAGGAAATCCTATCTGGTTTCCATAACGCTGGCCCTGTTGCTGGTGCTGGTGCTGCTTCTGGCGCTGCCGCTGCTGGTGGTGACGCTGCTGCTGAAGAAGAAAAAGAAGAAGAAGCTGCTGAAGAATCTGACGAC

>nucleosomal\_sequence\_921

AAAACCATAAGGATAATGTCTGAAGCTCAAGAAACTCACGTAGAGCAACTACCAGAATCTGTTGTCGATGCCCCAGTCGAAGAACAGCACCAAGAACCACCACAGGCTCCAGATGCTCCACAAGAACCACAAGTTCCACAGGAATCTGCT

>nucleosomal\_sequence\_922

TAGGGTAATGGAGGGTAATTTGAGAGACAGGTTGGTCAGGCTTGGCTTGTCTTAGTCTTAGGCTTAGGCTTCTCTCTGGTGTGGGTGTGTGGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGGGTGTGGTGTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_923

ATCACGTTCTCTAGAGTCTCTGTAAGCATCGGATGAAGGATCTCTTGCACCAGCACGACGAGAAGGTGGAACATACTGCCCTGGGATGGAACCAGCTCCGCCAACTTGGCCTGCCTTCTCTTCACTGGCGGCCTCGACACCGCCTTCATT

>nucleosomal\_sequence\_924

GAAGAAATCATCGCTGAAGGTCAAAAGAAGTTCGCTACTGTTCCAACTGGTGGTGCTTCTTCTGCTGCTGCCGGTGCTGCCGGTGCTGCTGCCGGTGGTGATGCTGCTGAAGAAGAAAAGGAAGAAGAAGCTAAGGAAGAATCTGATGAT

>nucleosomal\_sequence\_925

GCTACACTCCCTTAATAAAGTCAACATGAGCAGTAACAACAACACAAACACAGCACCTGCCAATGCAAATTCTAGCCACCACCACCACCATCACCACCATCACCACCACCATCACGGTCATGGCGGAAGCAACTCGACGCTAAACAATCC

>nucleosomal\_sequence\_926

GTAATAACAATGAAAGTGATGATGGCCTGACAATAGTTGAAGAGAGAACAACACGACCCAGAGTGACACTGAACCTGCCAGGCGGGGAGAGGCTTGAGGTAACTGCGACGACAACAGACATACCGATAAGAAGGTCATTTGAATTCCAAG

>nucleosomal\_sequence\_927

AGATTCTGAAATTACAGCCATAAGTACGAAGGAAGGACTACTGAGTGTACAAGGTATGACCTGTGGGTCTTGTGTTTCTACAGTCACCAAACAAGTGGAAGGCATTGAGGGTGTTGAATCGGTAGTCGTTTCCTTGGTAACGGAAGAGTG

>nucleosomal\_sequence\_928

CACTACCACCAAAGAAACAGGTGTTACTACCAAACAAACCACAGCCAACCCAAGTCTAACCGTCTCCACAGTCGTCCCAGTTTCATCCTCTGCTTCTTCTCATTCCGTTGTCATCAACAGTAACGGTGCTAACGTCGTCGTTCCAGGTGC

>nucleosomal\_sequence\_929

TTGGAAGACACGCCCACGGTGATCAATATAAAGCTACGGACACACTGATCCCAGGCCCAGGATCTTTGGAACTGGTCTACAAGCCATCCGACCCTACGACTGCTCAACCACAAACTTTGAAAGTGTATGACTACAAGGGCAGTGGTGTGG

>nucleosomal\_sequence\_930

GACGTTGAATATGTTTGCTCTTTCAAGTAAGGTCAATAAACGCTGTCCAGCACCAGCTTCGCCACAGTCAGCACATCCTTGCTCAATGTTCTTTGGCTGCACCGTTATGTTCCTTGACTTGTTAACATGACTATTATTACTCTTATTTGC

>nucleosomal\_sequence\_931

GGATGAAGGATCTCTTGCACCAGCACGACGAGAAGGTGGAACATACTGCCCTGGGATGGAACCAGCTCCGCCAACTTGGCCTGCCTTCTCTTCACTGGCGGCCTCGACACCGCCTTCATTAGTGGCTGGGTCTTCTAATGCTGAAAGTTC

>nucleosomal\_sequence\_932

AGTCAAGTCCAGGCAGCTCAACTCCATAATATTGCCATTATCAGCTGCCACAAGTACTCTCTCTTGATCTTGCACGCTGCTTGTTTCAATTACAGCCACCACTGGGTGCTGAAAGTAGTGTCTTGCCACCATATTTCGCTGCACGACATA

>nucleosomal\_sequence\_933

TGGCTTGTCATCGTGAGTCATTTCTTCAGCGTCGTAGTTGGCACCTCTTCTGGATGGTGGAACCCATGAGGCAGACTTCCATGGTAGAACACCTTCTTCCCACATGGTGTTGACTTCTTCCAAAGTCAAACCCTTAGTTTCTGGAACAAC

>nucleosomal\_sequence\_934

TGTAAGAACCGACCATATCCTTAGTTTCGTGATACTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGCTGTTGTTGCTGTTGCTGCTGAAGTTCGTGATACCTCATTCTTTCCTGCAAAACTTGTTGGTCCTGTGAGAAGACCT

>nucleosomal\_sequence\_935

TTTGCCAAGAAGCACGAAGCTAGACAAAGATTGGAATCCTACGTTGCCTCCATCGAACAAACTGTCACTGACCCAGTCTTGTCTTCTAAATTGAAGAGAGGTTCCAAGTCCAAGATTGAAGCTGCTTTGTCCGATGCTTTGGCTGCTTTG

>nucleosomal\_sequence\_936

CAAGGCCAGAACAAGATACAGGCGCCCCTATCAAAATGTCTACTGGTGTCACAAGCTCTCCATTAAGTCCATCAGGCTCCACCCCAGAACATTCCACCAAGGTCTTGAACAACGGCGAAGAGGAGTTCATTTGTCACTACTGTGACGCTA

>nucleosomal\_sequence\_937

TCAAAATGTCTACTGGTGTCACAAGCTCTCCATTAAGTCCATCAGGCTCCACCCCAGAACATTCCACCAAGGTCTTGAACAACGGCGAAGAGGAGTTCATTTGTCACTACTGTGACGCTACTTTCAGGATTAGAGGATATCTAACGAGAC

>nucleosomal\_sequence\_938

CCGATCCTCAGCAAGTCCTGGAGACTTTAGGTTTACTTGTTGGTGATGTCTCTCTCTTCCAAAGTGCTGGTACGGTCGACCTGGATTCCAGAGGTCATGTCAAGAATAGTGAGAGCAGTTTGAAATCAAAGCTAGCATCTAAAGCTTATG

>nucleosomal\_sequence\_939

CTTCAGAGGCGGCTTCAGAGGTGGCTTCAGAGGCGGTTTCTCCAGAGGCGGCTTCGGTGGCCCCAGAGGTGGATTTGGTGGTCCAAGAGGTGGTTACGGTGGCTATTCCAGAGGTGGCTACGGTGGCTACTCCAGAGGCGGATATGGTGG

>nucleosomal\_sequence\_940

GATCAAATCAGAGTCTTGTCAAGAGCTCAAGAAGTGCCACACGAGGGTGGGTTCTCGGACCTGCTTTGGTCAGACCCTGACAATGTAGAGGCTTGGCAAGTTTCCCCTCGTGGTGCAGGATGGCTCTTTGGCAGTAAAGTTGCTAGAGAG

>nucleosomal\_sequence\_941

GGACCCAGTTCAGTTCTAGTTTTACAAATAAATACACGAGCGATGTCGGACTCAGAAGTCAATCAAGAAGCTAAGCCAGAGGTCAAGCCAGAAGTCAAGCCTGAGACTCACATCAATTTAAAGGTGTCCGATGGATCTTCAGAGATCTTC

>nucleosomal\_sequence\_942

CCAGGATCAGGTCTTCCGTAGCGGTATCTAATGCTAACAACAGTCAGGCGAGAGCTAGGCAGCTATTGCAAGGACAGCAACAGCCTGGCGTGCAGCAGATTTCACAACAACAACATCAACAGAATGAGAAGACTACAGCAAGCAAAGTTG

>nucleosomal\_sequence\_943

ATCTTGGACCCTCACGATTTCGGTATGAAGAGGTATATCCACTTCGCCAACAGACTAACTGGCTGGAACGCCATCAAAGCCAGAGTCGACCAGTTGAACTTGAACTTGACGGATGACCAAATCAAGGAAGTTACTGCTAAGATTAAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_944

ATGCTAACAACAGTCAGGCGAGAGCTAGGCAGCTATTGCAAGGACAGCAACAGCCTGGCGTGCAGCAGATTTCACAACAACAACATCAACAGAATGAGAAGACTACAGCAAGCAAAGTTGTTCTGACGGTGAACGATCTCAGTAGCGCTG

>nucleosomal\_sequence\_945

ACCCCTTTTCCATACATTCAATGAAGTACGCTGTTAGTTCGTCCAACTTTGCTGCATCAACCTGCAATGAGGAGCAGATCTCAACCACTGCATCTTCCAATGCCTCAGCATTGACTTTATGTAAATTTTCAAATGACATTACTGTGTATC

>nucleosomal\_sequence\_946

CATCTGCTTCTTCCACCGATGTCACTTCCTCCTCTTCCATCTCCACTTCCTCTGGCTCAGTAACTATCACATCTTCTGAAGCTCCAGAATCCGACAACGGTACCAGCACAGCTGCACCAACTGAAACCTCAACAGAGGCTCCAACCACTG

>nucleosomal\_sequence\_947

CACACTGATCCCAGGCCCAGGATCTTTGGAACTGGTCTACAAGCCATCCGACCCTACGACTGCTCAACCACAAACTTTGAAAGTGTATGACTACAAGGGCAGTGGTGTGGCCATGGCCATGTACAATACTGACGAATCCATCGAAGGGTT

>nucleosomal\_sequence\_948

GATACTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGCTGTTGTTGCTGTTGCTGCTGAAGTTCGTGATACCTCATTCTTTCCTGCAAAACTTGTTGGTCCTGTGAGAAGACCTGCCTTAGTTGCATTTGAACTTGTTTCAGAG

>nucleosomal\_sequence\_949

GGACAAGCCTATTACTATAGTCCTGAATACGGTTATGATGACGAGGATGGTGAAGAAGAGGACCAAGACGAAGATATGGTGGGTGACAGCGGCACTACAAGACAGGAAGATGGTGGCGAGGACAGCAACTCGAGAAGATATCCATCATAT

>nucleosomal\_sequence\_950

GGCTCGAGATTCACGAACAAAATGCAAAGGTTTTCACTAGTCACTCACAGATCATTCTCTCACTCCTGTGTGAAGCCCAAATCTGCATGCTCTTTGGTCAAACCAGTTCATCACTTGGTGAAAATTGATAAGTCAAAGTTATCCCCTAGA

>nucleosomal\_sequence\_951

ACGTCGAATCCAAATTGAGAGATGACTTGGAAAGATTAAAGAAAATCAGAGCTCATCGTGGTATCAGACACTTCTGGGGTTTGCGTGTTAGAGGTCAACACACCAAGACCACTGGTAGAAGAAGAGCTTAAACTGATAAGATTATTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_952

TTATAAACTACTTCGAGGATTTGCCACAGAGGTCAAGGATAAAGTCTGGTTTCTCGAAGGAGTCACGCAGGTGCTGCCTCAAGATGTTGACGAATACAGTGGAGGTGGTGGTATGCATATGATGCTAGATTTCCTCGGTGGCGGATTACC

>nucleosomal\_sequence\_953

TGAAGGCGAAGAATCCCACAGTGTCCAAGACTACCAAGAGGCCCACCAGCACCACCAACCACCTGAACCCCAACCATATTATCCTCCTCCTCCTCCAGGTGAACACATGCACGGTCGCCCACCAATGCACCACCGTCAAGAAGGAGAACT

>nucleosomal\_sequence\_954

GGCATGACCATGTGTGTGAGTGACAGGGGAAGTGGTAGCACTGGAATGACCATGCGTGTGAGTAACAGGAGAAGTGGCAGCTTTGGAAGTGCTGTGGTTATGAGTGGTTGCAATACTTGGATGCCCTGCATCACCTTTGGAATGTCTATG

>nucleosomal\_sequence\_955

TAGCAATCTATGATCATAAGTCAAAGCCAAGTACATCATTGGTCTTGAGACAATTTGTCCATTAACAGTGACAGGTCTCTCTTTGACACCATGCAAGCCTAGGACGGCTGTTTGTGGTGAATTGATGATAGGAGTACCGTATAATGAACC

>nucleosomal\_sequence\_956

GCGGATCCAAATGATGAGGAAGTTATAACAGAAGTTGCTATGCTTCACGATGCTGTTAACAGGACCAAACACGAGAAACATTCACTGTCAAGTTTGTTCTCCAGAGGCAGGTCCCAAAATCTTCAGAGGGCTTTGATTGCAGCTTCAACG

>nucleosomal\_sequence\_957

GAAAGAACTCTGATATGGATGTTGAAGATCGTCTCCAGGCCGTTGTCTTGACAGACTCTTATGAAACTAGGTTTATGCCACTGACAGCTGTCAAGCCAAGGTGTTTGCTGCCACTGGCTAACGTACCTCTCATTGAATACACCTTAGAAT

>nucleosomal\_sequence\_958

AACACGACCTTCACCTTAGGCCAGGAACTTACTGAATCTACGGTGAATCACACTAATCATTCTGATGATGAACTCCCTGGACACCTCCTTCTCGATTCAGGAGCATCACGAACCCTTATAAGATCTGCTCATCACATACACTCAGCATCA

>nucleosomal\_sequence\_959

CCCGTGGTGGTTCCAGAGGCGGCTTCGGTGGTAGAGGCGGTTCTCGTGGTGGTGCCCGTGGTGGCTCCAGAGGTGGTAGAGGTGGCGCTGCTGGTGGTGCCCGTGGTGGTGCCAAGGTCGTTATTGAACCACATAGACATGCCGGTGTTT

>nucleosomal\_sequence\_960

GGAGCTGGCGAGCTGGCTAGCTGTGGAGACTATTCCACCATGGTACACACTAGGATCCTCGATCTTGGTGAGCCATGAGTAGAACTTGTTTGGTTCCACCCCTCCGGTTGCCATGTTTATATCTTCCTCAGCAAACTGTTTATCTTGCAT

>nucleosomal\_sequence\_961

CATCCATCTTCACGTTCTGTGCAATTTCTTTAATTGTATCTTGAGGAGGACCAGTCGCAGTGTTGCCAGAGTACTTTCTACGATCTGCAGACTTCGAACTTGTGTCCGTGTAGACACTAGGGTCGACAGCGTTCATACCGGAACTAACAT

>nucleosomal\_sequence\_962

AAGGGTTCATGCCAATCTTCAATGCATATCTCAGATAAACCAAGGAGTGCCCTCAGCGAAACCACTGATCCTCACGCCTCCTCAGCTAGCCAACCAGCAGCAACCTCCACAGGATATTCTTTCTAAACTCTATCTTCTCTTGGCAAGAGT

>nucleosomal\_sequence\_963

CGTCCACTCTCTCATTGTAATTGTTTAGCACAATTTCGTTCTCCCTGACAGAGTCCTTGTACAGCGCCAGGTCTCCCGAATCAATGTTCTCCAAGTCGTCGCTGTCGTCAGCTTCAAGACGGTCGTCAGCACCCTCCAACTTAGCTATGT

>nucleosomal\_sequence\_964

CCGCTAATGTTATCTTAGGTTTGTGTCTGTCATTTATGCTTTCTTTCTGTGGTGTTACACAACCTGTCTCATTGATGCCTGGCTTCTGGACATTCATGTGGAAGGCTTCCCCATACACATATTTTGTTCAGAATCTGGTCGGAATTATGC

>nucleosomal\_sequence\_965

ACACGAGTAGTGAACATCCTCTCTTCCTCATAAACATTATATTCATGTTCTGTGGAGGTGCATGCAATCTCATCACATGTCGCCGTGGCTGTCGTGACTGGAATATTGTGACCGATAGTATTAGAAGAATTGTTGTTATGCTTGTTATCA

>nucleosomal\_sequence\_966

TTCTTATATTTCCAGCTAGGGAGCCATCACGCCTTGTTTGAGCAACAAGAAGAAGAGACCGATGAAGTTATGAGCACCATTTCCAGGAATCCACATCACTCTTTGAGTGTCAAGTCATCATTGGTGATACTTCTAGGTACAACTGTGATC

>nucleosomal\_sequence\_967

GCAACTAGGACAGCAGGCAGTTTAGAATTCTTGATCCAAATGGCTGTTTCAACTTCCTGTGCTGGAGAGGTAATTTCGCCTTGCTCAACTTCTTCAGGTAACTCTTCTCCCACATCCAAATCTTCGTCACCCAAATCCCAGGCACCTTCG

>nucleosomal\_sequence\_968

GGGTGATATTTAAGGAAGAAATCCACCCTTCTTTAAGGTTTCCACTGCACATGTTGAAATGTGTCTGAATCTTGATGAGCCCAAAGGCGTGCCACCATACCATCTGGTCACTATTACCAAGACGTTGAATATGTTTGCTCTTTCAAGTAA

>nucleosomal\_sequence\_969

TAACGACAAGGTCTTAAACCATTTCTATCCAATATAGCACCACAGTAACGTCCATCAGTGAAAGTTAACAAAGCTGGACCATCCCAAGGTTCCATCAGACATGCAGCCCAGTCGTACCATGCTTTTAGGTCAGAATCCATATCCTTATGA

>nucleosomal\_sequence\_970

TCTCCTTCATGGTACCGTAACGGTAGGCGTTGGTTCCTGAACAAGAATTAGCAATGCAACCACCAATCTGTGCACCTGGACCAGGGTCACAGCCAAACATCAAACCGTGGTCGCTCAAATAGTCATTCAAATCCTCCCAGGGTAGACCGG

>nucleosomal\_sequence\_971

CACAGGCTCCAGATGCTCCACAAGAACCACAAGTTCCACAGGAATCTGCTCCACAGGAATCTGCTCCACAAGAACCACCAGCTCCACAAGAACAAAATGACGTTCCTCCACCATCTAATGCTCCAATTTATGAAGGCGAAGAATCCCACA

>nucleosomal\_sequence\_972

GTGACTTTATCCTTGGAGCAGAATTAATGTTAGAAATATTGGAAAGAGAAGATTGAGATGGAGATGATTTCGGTGGCGGAGCTTGAGACCCTGGTTGTAGTTGCTGCAGTTGCTGCACATGACTGGACTCCTCCTGTAACTGCTGCCTTT

>nucleosomal\_sequence\_973

ATTAACTAATTCATCACCATTCCAAATACTTTCATTTATTTCATCCTTTTCTAGTAGCAAAAGTGACTTGCCAGCGTCCTTCTGAGGTGGCATTCCTGCTGGAACTGGTGTGGTGGTTACGTTTGATAAATCATGTTGTGAGATGCTATT

>nucleosomal\_sequence\_974

CTTCTAGAAGACTTGGATGCTAGTGTAATTCTTTTAGGTTGACCATTACTTTGAGTATCACGCTCCCCAGCAGCAGCAGCTTCTTCATCCTGCTCAGACATTTGTCCTTCATCAGTGCTATTATCTGAATCACGTACGTTATTCATCATA

>nucleosomal\_sequence\_975

GCCTCCAAAGTTTGATCCAAATGAAGTTAAGTACTTGTACTTGAGAGCTGTCGGTGGTGAAGTCGGTGCTTCCGCCGCCTTGGCTCCAAAGATCGGTCCATTGGGTTTATCCCCAAAGAAGGTTGGTGAAGATATCGCCAAGGCCACCAA

>nucleosomal\_sequence\_976

AGTTCCTAAGGGAACTTCTGACTATCAAGCGAAGTGGTACTTGGATGACGTCATTGACGCAAATGAGGAAGAAGAGGCAGAACAGACCAATGGAAAGGATGAGACAATGATGGAAATTGATGATGAAATGATGGTGGAGCAAGACAATGA

>nucleosomal\_sequence\_977

CTAGAATAGAGGTTCTTAGCGAACAAATAACCGAATAGAGTAGCTGAAGAGGCGATGACAGAGTATTTTAACCACTGGCTGCTGCTGTCGGTGCTGCCTGTGCCTGTTGAGGCGTATCTGTAGCATGATCTTCTCACCAGCCTTCCTCTA

>nucleosomal\_sequence\_978

ATGGCGCCCACCTCTGTAGATTCAGATGCCGATGCACAATTAGCGGAGAGGTTGCAAAGGGAAGCTTACCAACAACAACAGCCTGACCAAGATTATGTCAGGCCACCTGATGAGGCAAGACATGAAGTACTTACTGAAACTTCAGGATTC

>nucleosomal\_sequence\_979

TATTGTTATCATATGAATTATGATAATATCCGGAGTTGTTCCTGGAGTGAGTTCTACTTCTGCTGCCACCTGCACTCATACCAGGTGAATTACCGTTTGAGTTGTAATGAGGGTGAGGCGGTTGAGGCGTGAAATGATTGTTAGAGCCAG

>nucleosomal\_sequence\_980

AAAATTGGTGGTCTCGACAACCTAACAACCATTGGCGGTACTTTGGAAGTTGTTGGTAACTTCACCTCCTTGAACCTAGACTCTTTGAAGTCTGTCAAGGGTGGCGCAGATGTCGAATCAAAGTCAAGCAATTTCTCCTGTAATGCTTTG

>nucleosomal\_sequence\_981

CTGAGTGTACAAGGTATGACCTGTGGGTCTTGTGTTTCTACAGTCACCAAACAAGTGGAAGGCATTGAGGGTGTTGAATCGGTAGTCGTTTCCTTGGTAACGGAAGAGTGCCATGTTATTTATGAACCGTCCAAGACAACGCTAGAAACC

>nucleosomal\_sequence\_982

AAGCCCCTGAGTCTTCTGTCCCAGTTACCGAATCTAAGGGCACTACCACCAAAGAAACAGGTGTTACTACCAAACAAACCACAGCCAACCCAAGTCTAACCGTCTCCACAGTCGTCCCAGTTTCATCCTCTGCTTCTTCTCATTCCGTTG

>nucleosomal\_sequence\_983

TCTTTGGGCAAGGACACCGGCGTTGATTTCATCAGCCTGTTTGAGTACCCATGGATCCTCTGGTGAAACCTTGTTGATCTTGGCGATGGAGACACAGGCCTCTTCATGTCTCTCACATTCAATCAGATATCTTGGGGACTCTGGAACTAA

>nucleosomal\_sequence\_984

CTTTGGAAGCCTGTCATAAAGGTTGGGGTCAATCTATTATCATTGGTGTGGCTGCCGCTGGTGAAGAAATTTCTACAAGGCCGTTCCAGCTGGTCACTGGTAGAGTGTGGAAAGGCTCTGCTTTTGGTGGCATCAAAGGTAGATCTGAAA

>nucleosomal\_sequence\_985

GGTCACGTTGACTTCTCCTCTGAAGTTACTGCCGCTTTACGTGTCACTGACGGTGCTTTGGTTGTCGTCGACACCATTGAAGGTGTCTGTGTCCAAACCGAAACTGTTTTGAGACAAGCTTTGGGTGAGAGAATCAAGCCTGTTGTTGTT

>nucleosomal\_sequence\_986

CAGGACGATAGAGGTAGCACAATGGCGGTAGCGCCACGCCTACCAGGATCAACAAGTCTACTAGAGTGCAGGGGTACTCAACAGTGTCGATCTGGATGAGCGACAGCTTCCTCTTCTCCGCAGCGATGCGGAACATCTTGTTGAAGATTT

>nucleosomal\_sequence\_987

ATGGAACAGGATCTACTTCTGGTTCTTGTTCAGCCTTTGCTCCCTCATCTGTCATTTCCACGTCTTCACCTTCTACTTTCACTTCCTTTTCAGCTTCGTGTTGTCTGTGAGCTTCGATAGAATCCTTGATAGCGTATTTAGCAGCCCTCT

>nucleosomal\_sequence\_988

CAGTGGCTGATGGACCAGTATTCGCTTTAGAATGCTCATGAGTATTGGTAGGAGATGTGGTTTTCACACTGGCATGACCATGTGTGTGAGTGACAGGGGAAGTGGTAGCACTGGAATGACCATGCGTGTGAGTAACAGGAGAAGTGGCAG

>nucleosomal\_sequence\_989

GACCCAAAGGAACCGGATTAGCGAACTGGTGCGGAGTATACTTTGCACAGTTTCCTTCCTCCCCATCCCCTCTGTCTAGTGCATTGAGCAAATCTCTGCGCCTGTAGGTGGAGGATCCTAGAGTAATGAAGTCTCTGTCGGAGTATATCT

>nucleosomal\_sequence\_990

GAATGTCTAGCGAAGATAAGAAACCTGTCGTCGACAAGAAGGAAGAGGCTGCTCCAAAGCCACCATCCTCTGCTGTCTTCTCCATGTTTGGTGGTAAGAAGGCCGAAAAGCCAGAAACCAAGAAAGACGAAGAAGATACCAAGGAGGAAA

>nucleosomal\_sequence\_991

ACCGGATCAGATACACTATTGTGGTGTAATCTGGACCTTGACTGTCTAAACAACTCCTCTTGTTGTCGTAGCAGCTCTTCTTCCGAGAGACCTGACTTCTTGAACTTGGAATCCCTAGTTTCTTTCACCTTCTGGGAACCCTTAAAATTC

>nucleosomal\_sequence\_992

TACTTACGAATCCTCCGTTGAAATTATTGCCAACGAACAAGGTAACAGAGTCACCCCATCTTTCGTTGCTTTCACTCCAGAAGAAAGATTGATTGGTGATGCTGCCAAGAACCAAGCTGCTTTGAACCCAAGAAACACTGTCTTCGATGC

>nucleosomal\_sequence\_993

TGGAGAGGTAGGAGAGTATGTTGGGGAAGTTGGAGAAAAGCCTGGTGAGGAGACTCCAAATCCGGGAGATGTAGGTGCTTCACCATAAGCACCAAATGGAGACGTGGCTTCACCATAATCAGCACCACCGTACGCTGTAAATCCTCCAGC

>nucleosomal\_sequence\_994

TGAACCAGCAGCTCTAGCTTCTTCAACACTAGCTTCAATAACTTCCAACTCTTGTTGAATGAATGGATGGTCTGGGGCAACCTTGTTAACTTTGGAAAGAGATGCTCTTGCTTCGTCAATTTGACCAGCTTCAACCAAATAACGTGGGGA

>nucleosomal\_sequence\_995

TTGGATCTGCTGAAGTAGCCACGTCACTTGAGCTAGTTGGATCTGTTGATGTGGTTACCTCGTCAGAGCTTCTTGTACGATACATACCAGCAACACTTGATGAGGCATGTGGACCAACTGTTGTAGTAGACTCAATTAAAGATGTAGAGT

>nucleosomal\_sequence\_996

CCGAATAGAGTAGCTGAAGAGGCGATGACAGAGTATTTTAACCACTGGCTGCTGCTGTCGGTGCTGCCTGTGCCTGTTGAGGCGTATCTGTAGCATGATCTTCTCACCAGCCTTCCTCTAGGTTGTGCAATAGGCTTTATTAGCCTTGTG

>nucleosomal\_sequence\_997

CGACACCATTGACCAACGGTAGAGTTCCAGCCTACGATGGTAGATTTGACCAAGGAGTGGTTCTTGATGGTGGAGTTGCACAAAACAACAGATCTGGTGATTCTAACACCATCACCGATGGTGACATTAGGACCGATAACCACGTCTGGG

>nucleosomal\_sequence\_998

TGTTTCATCACAAGTAAGTGATTTTCTAAAGAGTCAATTAAACGTCCTGGAGTGGCCACCAGGATGTCACAACCCTCCGATAGAGAAAATGAAATTTCCTCCAAGGAGTGTCCACCAACAATAGAAATTACTTTGCAGTCATAGTTGCTC

>nucleosomal\_sequence\_999

ATAAAGAGTATTTCGAAACAAACACGACAATTACACTTGCAAGTCAGTAGAGAAACCCAGTACAGAGCAAGCAAAAGATGATCTCTGATGAACAGCTGAACTCCTTGGCCATCACCTTCGGTATTGTGATGATGACTTTAATTGTCATTT

>nucleosomal\_sequence\_1000

AAATCGTCAATAAAGTCCTTGTTGAACTTTGCATCATTACTCCTTGCCTTCGGAACGTGAGGTGGAAGACTCCACACTGCAACAGCATCGAAAGTATTAACTTCGGAGATCTCACCATAAGGTGAATCCAGGAATGGCGATATGATATCG

>nucleosomal\_sequence\_1001

ATAAAAGACCAGATACCTTTCACAAGTGACATCATCGTCCTTGTCTCCTTGGAGAGAACAGAGCACATTATAAGCAGTCATCAAGTCACTTGGCGTCAAAGCAGATCTCTGGTCTTTAAACTCGCTTGTCACTAGGAGACTATGTTCAGG

>nucleosomal\_sequence\_1002

TGCTCCAACTGCTTCTGCAAAGTGAATTGTTCAATCATCAAATTTGTCAACTCACTTTGGGAACGTCTGTGTGCAACATGAATCTGCTTTGGGGCGTTTTTACCACCTCCTGTGGTTTGCACAAACATGTTATTTGGCTCTTGGGATCTA

>nucleosomal\_sequence\_1003

AAATGTTCCTGCTGTGGAGGATACCCCTGCTGCGATGGCATTTGCGGTGGAGGATACGCCTGTTGTTGCTGATGCGAAGGAGGAACCATGAATTGTGGATGATGTTGCTGCGGAGGAATAGCAAATTGTTGCTGAGATGGTAATTGTTGC

>nucleosomal\_sequence\_1004

CTACTACTGAAGCTCCAACCACCGGTCTTCCAACCAACGGTACCACTTCAGCTTTCCCACCAACTACATCTTTGCCACCAAGCAACACTACCACCACTCCTCCTTACAACCCATCTACTGACTACACCACTGACTACACTGTAGTCACTG

>nucleosomal\_sequence\_1005

GATGGAGGACCATTGCTTTATAGTCAATTTTGGTATCATCACCCAATGTGTTCTCTCCCACTGCTTTCAGTCTGCGGAGGGACTCATCTTGAGTAAGACCTTCAGTCAGACTTGTGCCTATAAATTCAGCGGCTTCTTCTGTAGTCAATG

>nucleosomal\_sequence\_1006

AACTATCAAGAGCCATCATTGACTGTGGTTTTGAACATCCTTCTGAGGTCCAGCAACATACCATTCCTCAGTCAATTCATGGTACCGATGTCTTGTGTCAAGCAAAGTCTGGTTTAGGTAAGACAGCTGTCTTTGTCTTATCCACTCTGC

>nucleosomal\_sequence\_1007

TTAAAGACCTTCAATCTTTATATGATAAGATGAACGGCGGACCAGTGTGGTCCTCATTGAGTGAGTGCTTATCTCAATTTGAAAAGAGTCAAGCCATCAACACTTCAGCCACAATCTTACTTCCGTTGATCGAATCACTTATGGTTGTAT

>nucleosomal\_sequence\_1008

ACCAGTACCAAAGATACAACCAATGACAGGCTCGCTAATCTCACCAGCACTCGATGGACGAGAGCCTGAAGTGTAGCAGTGGGATAGGAAAGTGCCAACCGTGTCGTTGGTCAAAGCTACCACATTAATCATAGAGAGCCCCTGAATGTC

>nucleosomal\_sequence\_1009

TGTTCGCAAATTATTTGGTGCTGAACATTCTCTTGTACAATGGCTTGTCATCGTGAGTCATTTCTTCAGCGTCGTAGTTGGCACCTCTTCTGGATGGTGGAACCCATGAGGCAGACTTCCATGGTAGAACACCTTCTTCCCACATGGTGT

>nucleosomal\_sequence\_1010

TGCTGTTCCATAAACGTACATATATGACATCTACAAAACTACAGAGAAGGATATCATTCTGGGTCTGAATCAGGGTTTGCCACACGCAAGCCATGCCCCAGAGAATAGCTGAGGTCTACCACATCAGAGTTCGTTGTGGAGACAGAGTCC

>nucleosomal\_sequence\_1011

GTTCTAAAGGCCTTGTTCCACAGACCTTACTTCCACGTTAGTGTCATCGAAGATGTTGCTGGTATCTCCATCTGTGGTGCTTTGAAGAACGTTGTTGCCTTAGGTTGTGGTTTCGTCGAAGGTCTAGGCTGGGGTAACAACGCTTCTGCT

>nucleosomal\_sequence\_1012

GGCCACCTGATTTTCAGGAGTGGTGAGGAAATCCCAAAACATGTCAGCATCCCTTAGGTTGGTTTGTGGGTTTCTCTTCTGTGTGTGGATAAAGTGAGGGAACTTGGAAGGGTCTCTGATAAAGAATACCGGTGTATTATTGTAGACCCA

>nucleosomal\_sequence\_1013

ACAGAGCTACTTAGATCAGCTGAACTTGAACTGACTACGGAAGTAGTTGGATCAGCTGAAGTAGTTTGAACGGTCGAGGTAGTTGGGTCAGCTGAAGTAGTTGGGTCAACTGAAGTAGTTGGATCAACTGAAGTAGAACTGACTATAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1014

GGTAAGCGACTAAACCCTTAGCAATAGCTTGTCTGATGGCGTAGACTTGAGAAACATGACCACCACCAGTGACTCTAACTCTGATATCGATGTTGGAGAACTTGTCCAAACCAACCAACAATAATGGTTCGTAGACCTTGAATCTTAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1015

CCATAGTCACGTATAACTGTCCTAATTCCAATATGCTTGTCTCCTGTTCATTTCTACGCTTGTCATCCACACTGGCACCGGCAGCGGCGCTGCTCTGTGAGCTGTCTTTATCCAGCAGGCTCAAATAGACTTGTTCTGCCTCATTATACT

>nucleosomal\_sequence\_1016

ACCACCAACCACCTGAACCCCAACCATATTATCCTCCTCCTCCTCCAGGTGAACACATGCACGGTCGCCCACCAATGCACCACCGTCAAGAAGGAGAACTCTCGAACACCAGATTGTTTGTTAGACCTTTCCCATTGGACGTTCAAGAAT

>nucleosomal\_sequence\_1017

GACAGGTATTGAGGCGTTCGCAGAAGCATTGCTGGTAATTCCAAAGACTTTGGTGAAGAACTCAGGATTCGACCCATTGGACGTGCTCGCAATGGTGGAGGACGAGTTGGATGACGCTCAGGATTCTGACGAAACGAGATATGTTGGTGT

>nucleosomal\_sequence\_1018

GAAGTGGTACTTGGATGACGTCATTGACGCAAATGAGGAAGAAGAGGCAGAACAGACCAATGGAAAGGATGAGACAATGATGGAAATTGATGATGAAATGATGGTGGAGCAAGACAATGAAGAGGTAGCAGGCGACGAAGAATATGACAT

>nucleosomal\_sequence\_1019

GCACCTGCTGCAATATCCTCAACGTACACGTCTTCACCATCGGCACCTGTTGCAGTATCCTCGACGTACACGTCTTCACCATCGGCTCTTGTTGTCCTGTCATCTACTTCCACATCCTCTCCATATGATATTGTTTACTCTCCATCAACT

>nucleosomal\_sequence\_1020

TAGCTTCTCGAACAGATGAGAGTACAATAACAGGAAGTGCGACGGATGCAGAAACAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGACGATGATGAAGATGAGGATGACGAAGATGAGCCCCCCTTATTGAAGTACACACGAATTAGTCAAC

>nucleosomal\_sequence\_1021

GATACATTTCCTTCATTGCTGTTCTCGTTCTGAAGGTTATGTGAGTTTGTAGAAGAAGGGACAGAACTGCTTCTTTGAAGTTGAACAAGCTGAACATCATCAACACGTTCGCCATTGAAAGAAGTAGGTACATTAACGTTTCTTGGTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1022

AAATGGCTATGCCACCGCTACTGGTGCTGGTGCCGCTGCTGCCACTGCCACAGCGTCATCAACACATGCAGCAGCAGCAGCAGCCGCTGCTGCCAACCATTCCACCCAGGAGTCGGGTTTCGATTACGAAGGCCTGATAGATTCCGAACT

>nucleosomal\_sequence\_1023

CAGAACTCACACTATATGACTTTGAAGGTGCCAAATGGGGAAGGCCTGGAACGGACAACTGATCTGTGTCACGATGATGGTGATGATGATGTTGTTGTTGCTGGTCCCCTGGGCTGTCTAGCGAGTGCCTAGATTTAATAGCACCCAGTG

>nucleosomal\_sequence\_1024

TGTAAAATTTGCCTGCACTATCAGTAGGAGGCTCGATATCAAGAGGGTTCTTGTAGTCCAGAGCCACGTTCTCAAGACCTACAGGTGAGTCCTCTAAGTTTCGTGTGGAAAGCGCTACCTCCTTCATCAACAAGACACGTTCATCCATAT

>nucleosomal\_sequence\_1025

TGATGTTGGCGAGTACGATGGTGATGTTGGTGAGTACGATGGTGATGTTGGTGAGTACGCTGGAGAGGTAGGAGAGTATGTTGGGGAAGTTGGAGAAAAGCCTGGTGAGGAGACTCCAAATCCGGGAGATGTAGGTGCTTCACCATAAGC

>nucleosomal\_sequence\_1026

CAATCGCTCCGTATATGTGCAAGTATCATTCTCCAAAGATAAAAGCTGTGATAGCGGTACAGGACGGAGCTGCTGTGGCTTCCGCAAAACAGTCAAGTCCAGGCAGCTCAACTCCATAATATTGCCATTATCAGCTGCCACAAGTACTCT

>nucleosomal\_sequence\_1027

AAACAGTGACCGTATGTCCGGCACGGTTCAACATATCAGCACACGCTAAACCTGCTGGACCAGAACCAATGACACCCACTGTAAAGCCAGTGCGTGTACTTGGTGGACAAGGCTTAATCCATCCTTCCTTGAAAGCATTGTCAATGATAA

>nucleosomal\_sequence\_1028

ACTGAATCTACGGTGAATCACACTAATCATTCTGATGATGAACTCCCTGGACACCTCCTTCTCGATTCAGGAGCATCACGAACCCTTATAAGATCTGCTCATCACATACACTCAGCATCATCTAATCCTGACATAAACGTAGTTGATGCT

>nucleosomal\_sequence\_1029

TTAATACTGGGGTTGTGACTGACCAGGTGGCATCGCCATGAAATGTTCCTGCTGTGGAGGATACCCCTGCTGCGATGGCATTTGCGGTGGAGGATACGCCTGTTGTTGCTGATGCGAAGGAGGAACCATGAATTGTGGATGATGTTGCTG

>nucleosomal\_sequence\_1030

AACACCTACGGTGGTCTGGGGTCGCTGGGCACTCCAATAGTGAGAACAGACGCTGCAGCCATATGGGCCACGGGACAGACGTGGTGGCAGATCCCACCAGTGGCTCAGGTTGAGTTGAAAGGTCAATTGCCTCAGGGTGTTTCCGGAAAA

>nucleosomal\_sequence\_1031

CACCATCATAAATAATATTACCGAAAATGACACCTGTGTCAGCAGAGGAAACTTTGACAGTAACAGTGAATTTGTGGAAGCCATGAGGAATCACGTTGGTCTTCTGTGGTGTGTCAATAATCTTCAAATCACCAAGAGTTGCAAATTGCA

>nucleosomal\_sequence\_1032

AAACTCCCTACACAATACGTTATACTCACATTAAATATCCAGCCTGCAGAAAGTGCCACCAAGATTGAATCAACCACAATAGCATTTGTCAAGGAACTGCCTTGGGATCTACACACCATTGTACCTGTTTCGAATGGTGCTATCATTGTG

>nucleosomal\_sequence\_1033

TTGTCTCCTTGGAGAGAACAGAGCACATTATAAGCAGTCATCAAGTCACTTGGCGTCAAAGCAGATCTCTGGTCTTTAAACTCGCTTGTCACTAGGAGACTATGTTCAGGGACCACAGGAAATTTGTTGAGTAGCAGCTTATATTCTCCG

>nucleosomal\_sequence\_1034

CTTCCAACTAACGGTACTTCTACTGAAGCTCCAACTGATACTACTACTGAAGCTCCAACCACCGGTCTTCCAACCAACGGTACCACTTCAGCTTTCCCACCAACTACATCTTTGCCACCAAGCAACACTACCACCACTCCTCCTTACAAC

>nucleosomal\_sequence\_1035

AGCAATGCTGAACACATTATTCTTGTCGTCTCTATCAATATGCAAATGCTCGGCTCCTGTCTGGGAGTGCACCAAATCTACCGCAGTGAGTCTCAGCTCCGGAACCGGTAGAATTCTTCTCACTTCATAACCATGGAATATACCTCCAAC

>nucleosomal\_sequence\_1036

GTCATCTCAAAGGAAGATAACCTCTTAGAAGCAGTAGTAACTGAGCCTGCCTTCGATGAACTTGAGACGGAAGATTGTACCGCTGACATGGGTGTGCTGGATGACGAAGATGTGTAACTGTTCTGTCTTATTAGAGTTGTTTTCAATACC

>nucleosomal\_sequence\_1037

ACTTTGTCAACTCGGATGTTCAAATGCTTAGCGACACGGTTCACATCTCTCCAATCCCTCTCGTAGCATGGCTCCTTGCCAGGGTCGTCCAAAGATTGTGATTCAGACCAGTTCTGCATATATACTCCTCGGGTATTTGGAAATTCTCCG

>nucleosomal\_sequence\_1038

CGTACAAACTCTAACAAGTCTGGGCTTCCTTTGATAAACAATGAAAACAGTGTCCCCAATCCTCCCAACACTGCAACCATACCGTTGCAGAAGTCCAGACTCATTGTAAATCCATTCATTCCAAGGAGGCCTTACTCTAATGTACTGCCC

>nucleosomal\_sequence\_1039

TGCAGGTGTAGGTGTATGAAGAGGTGTATCATATGCCATTGACGCCATGAACAGGCCTAAAACACCACCCAGTGCAAACCCTGTTACACCACTCACAACTGATTTTCCAGGACAGGAAGTCATGAAGTTCATGATCATTTCAGCACCCCG

>nucleosomal\_sequence\_1040

GTTCTCAAAGTCTATCCATTTGCTTGGAATACCTAGCTTGTTAAGGTGATCAATGATCGATTGACCGTGTGGACCTTGAACCTGCACTTCAGCACATTTGAATGTTTGTGATTCACTTATTGTTGTCGATCCGCTACAAATCTTTCTTAA

>nucleosomal\_sequence\_1041

CCTCTTCCATCTCCACTTCCTCTGGCTCAGTAACTATCACATCTTCTGAAGCTCCAGAATCCGACAACGGTACCAGCACAGCTGCACCAACTGAAACCTCAACAGAGGCTCCAACCACTGCTATCCCAACTAACGGTACCTCTACTGAAG

>nucleosomal\_sequence\_1042

TAAGTTCAAGACCCAAATATTCGATGATGTGGAAGTTGAGAAAGAAGTTGACATCAGGAAGAGAGTGTTCAATGTGTTCAACAAAACTATCGATGACTTCAATGGTGACCTTGTGGAATATAACAAATATTTGGAAGAGGTGGAAGACAT

>nucleosomal\_sequence\_1043

GTGGTCACAATATGAAGACTATCCCAGTCATGAAATTGTCTCCACATATGACTCAAGATTGAGCGTCTCTGCAGTTTCTTACTCACCGACAGATGGCACCTTAGTGTGCAATGGCTATGACGATACCATCCGCTTATTCGATGTCAAGAG

>nucleosomal\_sequence\_1044

ACATCCTCTGGTGATAAGCTACTATCGTGATCTAAACAATCTTTGACAGGATCGAGTGAATTTCTGTTCACAAACCTGATGATTCCGTTGAGAACTCCAACAGATGTTTTCTCTCTGATTCTCAGCTCTCCTAATTTAGGGGTATCTACA

>nucleosomal\_sequence\_1045

AAAGTAATAACAGAGATATTTGACGCTACTGAGGATGCCAAGGAGGCAGACGAAAGTGAAAGAGGAATGCCACTTGCGACAGCATTGAATACATATCCCAAGGCAGCAGCTTGGTCACTATTGGTCTCTACAACTTTAATCATGGAAGGG

>nucleosomal\_sequence\_1046

AGATTTGGAACACGACCACGCTGGTGTTCCATTGAAGATCTCCCCACCAGTTGTCGCTTACAGAGAAACTGTTGAAAGTGAATCTTCTCAAACTGCTTTGTCCAAGTCTCCAAACAAGCATAACAGAATCTACTTGAAGGCTGAACCAAT

>nucleosomal\_sequence\_1047

CGGTGGGTTTGCCTCGCAATACATTAGGGGGACTTACTTCATGGATGTGCATCCTCCTCTTGCAAAGATGTTGTATGCTGGTGTGGCATCGCTTGGTGGGTTCCAGGGTGATTTTGACTTCGAAAATATTGGTGACAGCTTTCCATCTAC

>nucleosomal\_sequence\_1048

CAAACAAACCACAGCCAACCCAAGTCTAACCGTCTCCACAGTCGTCCCAGTTTCATCCTCTGCTTCTTCTCATTCCGTTGTCATCAACAGTAACGGTGCTAACGTCGTCGTTCCAGGTGCTTTAGGTTTGGCTGGTGTTGCTATGTTATT

>nucleosomal\_sequence\_1049

CGTGGTCAACAAATTAAAGTTGTTTCTCAACTATTTCGAAAGTGCCTGGAGATTGATACTGTGATACCTAACATGCAATCTCAGGCCTCTGATGACCAATATGAGGGTGCCACTGTTATTGAGCCTATTCGTGGTTATTACGATGTACCG

>nucleosomal\_sequence\_1050

TCGGAACTGGTTTCGGAACTACTGCTATCCACGTCCTCATCATCCTCGTCCCCATTGTCTTCATCTTCATCTTCATCTTCATCTTCATCTTCATCTCCATCTTCACCTTCATCGTCATGGCGTTTGTCATTTGTATCTTCCGTTTCTTCG

>nucleosomal\_sequence\_1051

CGTAAGACACGAAGACGTTGAAACTGTCAAAAGAGAAATACAAGAAGCTCTTTCAGAAAAGCCAACTCGTGAACCAACCCCCAGTGTGAAGACAGAGCCTGTCGGAACCGGATTACAATCTTATTTGGAAGAAAGAGAAAGGCAAGTCAA

>nucleosomal\_sequence\_1052

GAAGAATCATACAAGGATAGCACTTTGATCATGCAATTATTAAGGGACAACTTGACCTTATGGACCTCTGATATTTCTGAATCTGGTCAAGAAGATCAACAACAACAACAACAACAGCAACAGCAACAGCAACAACAGCAACAACAAGCT

>nucleosomal\_sequence\_1053

TGGCTGTTTCAACTTCCTGTGCTGGAGAGGTAATTTCGCCTTGCTCAACTTCTTCAGGTAACTCTTCTCCCACATCCAAATCTTCGTCACCCAAATCCCAGGCACCTTCGTCTTCACCAATATCCTCATCGTTAAAGTTTTCTTCGCCTA

>nucleosomal\_sequence\_1054

ATCCATTCCACCGGTTTCAAAGATTTCTTGCTAAAGCCAGAACTATCAAGAGCCATCATTGACTGTGGTTTTGAACATCCTTCTGAGGTCCAGCAACATACCATTCCTCAGTCAATTCATGGTACCGATGTCTTGTGTCAAGCAAAGTCT

>nucleosomal\_sequence\_1055

GTAGAAGCAGTAGCTGACAACAAATCTAAAGGGGAGACGAAAGTTGCTGTGTCTCAAGAGGGATTGAAAGATGTTAGTGACCATGTTGGCCTCGCCAACAAGGATGAGAGCAAGGACGACGACGACGATGATGACTGGGAATGAGTGATT

>nucleosomal\_sequence\_1056

GAAGGGCCAAGAGACGTAACATGGAAAGATTGCAATTGGTCACTGGCGGTGAAGCTCAGAACTCTGTGGAAGACTTGTCGCCTCAGATTCTTGGGTTTTCTGGCTTGGTCTACCAAGAAACCATAGGCGAGGAAAAATTCACATACGTTA

>nucleosomal\_sequence\_1057

ACTTCCCAAGCTTTCGTAGCACTCATTCTCCATAATTTAACTTGACGGTCGTCACTGCCGGAGACAATCAATGGTAAAGTTGGATGGAAAGAGGCCCAGTTGACACCTCTTGTGTGACCCTCTAGAATAAACTTGACAACACAGTCACCA

>nucleosomal\_sequence\_1058

ATGTTCTACAACCCTCATAAATGTTGGTAAAATATTTCTTCAATGGCTCCAGCTTGACTACACCCACTTGCTTGCTCAAGGCTTGAACAGCGGCATCAAAGGCACCAGCGGCAACTAGGACAGCAGGCAGTTTAGAATTCTTGATCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1059

TTACCGTCCAACCATGGGCATGGAACGGTGGTGATGAAGAATTGAGAACCGTTGGTGTTTGGACCGGCGTTGGCCATGGACAACAAACCTGGTCTGTCGTGGTGCTTCTTGAAGTTTTCATCTGGGAATTTGCCACCGTAGATAGACTTA

>nucleosomal\_sequence\_1060

TGATGAATTGTTGGTTGCCAGAATTACCGGTAGATTAATTCACCCAGCCTCTGGCAGATCCTACCACAAGATCTTTAACCCACCAAAGGAAGACATGAAGGATGACGTCACCGGTGAAGCTTTAGTTCAAAGATCTGATGACAATGCAGA

>nucleosomal\_sequence\_1061

ATCAGCCTGTTTGAGTACCCATGGATCCTCTGGTGAAACCTTGTTGATCTTGGCGATGGAGACACAGGCCTCTTCATGTCTCTCACATTCAATCAGATATCTTGGGGACTCTGGAACTAATAACATGCCAACGATGATAATTAGAGCCCA

>nucleosomal\_sequence\_1062

AAGATAGTTAGAGTAACTGGTATAAGAAACAATAATGCAAGACCAACCGTCTCTGTTGTTATTCGTGGTGCAAACAACATGATCATTGATGAAACAGAGCGTTCCCTCCATGATGCACTATGTGTTATTCGTTGTCTAGTGAAAGAGAGA

>nucleosomal\_sequence\_1063

TGTGGACATCTATTTTGTTGGAGTTGTCTTATGAGCTGGTGTAAAGAGAGGCCAGAATGCCCCTTGTGCAGACAACACTGTCAACCACAGGAAATTCTGGTCCTGCGGCAATAGAGGAACTAATCAATAATTTGACTACTCTTTTAGCAT

>nucleosomal\_sequence\_1064

GGTGCTCTATCTGGTGCTAACATTGCCACCGAAGTCGCTCAAGAACACTGGTCTGAAACAACAGTTGCTTACCACATTCCAAAGGATTTCAGAGGCGAGGGCAAGGACGTCGACCATAAGGTTCTAAAGGCCTTGTTCCACAGACCTTAC

>nucleosomal\_sequence\_1065

CACCCACTTGCTTGCTCAAGGCTTGAACAGCGGCATCAAAGGCACCAGCGGCAACTAGGACAGCAGGCAGTTTAGAATTCTTGATCCAAATGGCTGTTTCAACTTCCTGTGCTGGAGAGGTAATTTCGCCTTGCTCAACTTCTTCAGGTA

>nucleosomal\_sequence\_1066

AAAAGAATACGTCTGCGATGCCTACAAATTAGGCTGTCATTCTGCTCCAAAGCAAACTATTCATGTTTTGGAACAACCAGACAGACCTCAACCAAGGTTGGACAGGAACAGAGACAGCGGTTACGGTGTTTCCGTTGGTAGAATCAGAGA

>nucleosomal\_sequence\_1067

AACAAAATGACGTTCCTCCACCATCTAATGCTCCAATTTATGAAGGCGAAGAATCCCACAGTGTCCAAGACTACCAAGAGGCCCACCAGCACCACCAACCACCTGAACCCCAACCATATTATCCTCCTCCTCCTCCAGGTGAACACATGC

>nucleosomal\_sequence\_1068

CTGTTGCTGAGCCATCAACTGTTGCTGCTGTGCTTGAACTTGCTCCAACTGCTTCTGCAAAGTGAATTGTTCAATCATCAAATTTGTCAACTCACTTTGGGAACGTCTGTGTGCAACATGAATCTGCTTTGGGGCGTTTTTACCACCTCC

>nucleosomal\_sequence\_1069

TGGTGACCCCCAGCTAGAATTTAAAGTTTTACAGGGATATAGGGACCTGGAAAGTGAAATGCACAAAGGCAGAGCTCAGGTGACCAGAACAGGAGATATAGGTGTTGCTATGGACAATCTGAACGCTGTGGATTCCCTATTCAATAAGGT

>nucleosomal\_sequence\_1070

AACGTTGATGACAGATAATGGCAACTTCAAACCCAAAGATTTAACCAAGTCAGAGGTTTGGTTGTCAACGTTCAAAACACCGTTAGAACGAGACAAGTCCAAAGCAGAGACTTCTGGGACGTATTGATCCTTTCTTTCTCTTTCTTCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1071

GGTACCGATGTCTTGTGTCAAGCAAAGTCTGGTTTAGGTAAGACAGCTGTCTTTGTCTTATCCACTCTGCAACAATTGGACCCTGTTCCAGGTGAAGTTGCCGTTGTTGTCATTTGTAATGCTAGAGAACTGGCCTATCAAATTCGTAAC

>nucleosomal\_sequence\_1072

GCCAGTATTGCCTGTATTGGTACCAAACTGGGGCATTCCAAATGCTGAAGTGGTGGTTCCTCCTGTCATTGTGTTTGCTGTTCCAAAACTAGGTCTTCCAAATGCACTTCCTCCCATGTTATTGGTACTAGCAGCATTATTTGTGAAAGG

>nucleosomal\_sequence\_1073

ACCATAGGCGATCAAACAACGCCCCAATCACTCCTCCTAATAACCACTACCTAACCTCACATCCCAGTTCGTCAAGAAGACTCTCTTCCTCTTCGAGAAGGTCGAGCATGGGGAATAATAACAATTCAGAATTGCCCCCGTCAATGATCC

>nucleosomal\_sequence\_1074

GCCTTAAATGATAGTGAGAGTGATGCTAACGACTCCGATAGTGAAGTTGAAGCTGATTATGGTCCCAACGATGTCCAGGATGTGATCGAGTACAGCTCAGATGAAGAAGAAGGAGTGAACAATAAGAAGAAGGCTGAAAACAAGGACATC

>nucleosomal\_sequence\_1075

ACACCATTGAAGGTGTCTGTGTCCAAACCGAAACTGTTTTGAGACAAGCTTTGGGTGAGAGAATCAAGCCTGTTGTTGTTATCAACAAGGTCGACAGAGCTTTGTTGGAATTGCAAGTTTCTAAGGAAGATTTATACCAAACCTTTGCCA

>nucleosomal\_sequence\_1076

TATCGGCACAACGGACCTGGGTTGACAAGAGCTTGAAGGCTCCAAGAGACAGCGACCGTCGGCGCCGAATGACGAAACTATGCTGTGTGTGACCAGGCGAACAACATTGAGAGAGTTGAGGAGCCGTACGGACAGCTGTTTGTAGTGATA

>nucleosomal\_sequence\_1077

AGCTCAATTAGTCGATGAAACCTTCTGTAATGCTCTAGAATACGGTTTACCACCAACTGGTGGTTGGGGTTGTGGTATTGATAGACTGGCCATGTTCTTGACCGACTCCAACACCATTAGAGAAGTCTTATTGTTCCCAACTTTGAAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1078

AAGAGAAGCTGTTAGTGGCCTGTCTTGCTGTCTTTACAGCGGTCATTAGATTGCATGGCTTGGCATGGCCTGACAGCGTGGTGTTTGATGAAGTACATTTCGGTGGGTTTGCCTCGCAATACATTAGGGGGACTTACTTCATGGATGTGC

>nucleosomal\_sequence\_1079

GGTTATGATGACGAGGATGGTGAAGAAGAGGACCAAGACGAAGATATGGTGGGTGACAGCGGCACTACAAGACAGGAAGATGGTGGCGAGGACAGCAACTCGAGAAGATATCCATCATATTACCATTGTAATACTGCCAGGAATAATAGG

>nucleosomal\_sequence\_1080

CACTTGTATGTCCATGAGTAACTGAAGGGTTAGTTTTAGTACTGGAATGATCCTGTGCAGCAGCGGTGGATTTAGGACCAGTGCTTGAACCAGAGTGACCATGGCTAACAGGGTGGGTAGTTTTGACGTTGATATGTCCATGTGTAGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1081

AGTAAGAGAACAAGATCAATACCAAGGAGGTCCCTCGAAAGAGCTTGACAGGCTACAACCACCACCTTCAATGAAGAAAAGCCCTCCAAGGAAGAAGAAGAGCCTAAAGGACTTGATATATGAAACGAACAAGACATTCTATCAGGTGGA

>nucleosomal\_sequence\_1082

TCCAGAGGCGGCTTCGGTGGCCCCAGAGGTGGATTTGGTGGTCCAAGAGGTGGTTACGGTGGCTATTCCAGAGGTGGCTACGGTGGCTACTCCAGAGGCGGATATGGTGGCTCCAGAGGTGGTTACGATAGTCCTAGAGGTGGTTACGAT

>nucleosomal\_sequence\_1083

TACCATTTCATGGGTTGCTCTACTTTTTCCGAATATACTGTGGTGGCAGATGTCTCTGTGGTTGCCATCGATCCAAAAGCTCCCTTGGATGCTGCCTGTTTACTGGGTTGTGGTGTTACTACTGGTTTTGGGGCGGCTCTTAAGACAGCT

>nucleosomal\_sequence\_1084

CGTGATTGGCAATTGTGCTCTAATAGTTACTCTATTATTGCTGTTAATTGACAATGTTTAGTCACGTGCAACACAATTCAAGTCACGTGGAAAGGCCTTCACATGGTGATCCATCTTCTACATCTTCATCGGTCCTGCATAAAGTCATAA

>nucleosomal\_sequence\_1085

AGATGTTTATTCCAATCCTATTCCTGTCAGCTACCTAGATACCTTAAACTTGAACCACTCCATGTCTGTACGGCAAACACAACAGCAACAACAACAGCGGCAACAGCAGCAGTATGTAGACTCTTCATCGGCATTTCAATGCTGTACAGA

>nucleosomal\_sequence\_1086

TTGGGTTGATATTGTTAATAATAGCACCCACATTCTCAGAAGACCTTTGTGAAATCTGAGATGCAGTGCAAGATGAAATTGAACCTAAAGGTGCCTTCTCTGAAAGAGTTGGACTTATAGATGCAGCATTGTTCCTTAAGGCATTCATTT

>nucleosomal\_sequence\_1087

CAAGGACTTGTTGTTGTTAGATGTTGCTCCATTATCTCTAGGTGTTGGTATGCAAGGTGACATGTTCGGTATCGTTGTTCCAAGAAACACTACTGTTCCAACCATCAAGAGAAGAACCTTTACTACATGTGCTGACAACCAAACCACCGT

>nucleosomal\_sequence\_1088

TACCTGACTCGGTGATGGACATTAACATAGACGATATTCTTGCAGAACTGGATAAGGAAACTACTGCTGTCGACTCTACCAAGATCACGCAAGGTTCTTCTTCCACTACCCACAGAGATGCAAATACAATAGTGGGTTCGTCCTTAGACT

>nucleosomal\_sequence\_1089

AGCAGCAGCAGTAGCGTAAGACCAAGTTAGTATGGCTACGTTCAACCCACAAAACGAGATGGAGAACCAGGCACGTGTACAAGAGTACAAGGTCTCCACTGGCAGAGGCGGAGCTGGCAACATCCATAAATCTATGTCCAAGCCGTCTCC

>nucleosomal\_sequence\_1090

GCTTGAGACCCTGGTTGTAGTTGCTGCAGTTGCTGCACATGACTGGACTCCTCCTGTAACTGCTGCCTTTGCTGTTGAATCTGGTGCTGCTTTAGCTGTTGCTGTTGTTCTCTCAAGGTTCTATAATAGTTTTTTGCCGCCTTAAGGGCC

>nucleosomal\_sequence\_1091

TTCTTAGCATTCATACCATCCATTTCTGTTAATAGTTGGTTGACGACTCTATCCGAAGCACCACCAGCATCACCCAAGGAACCACCTCTTGCCTTGGCAATGGAGTCTAATTCATCTAGAAAAACGACGGTTGGTGCAGCTGCTCTTGCC

>nucleosomal\_sequence\_1092

TGGTTCCTGAACAAGAATTAGCAATGCAACCACCAATCTGTGCACCTGGACCAGGGTCACAGCCAAACATCAAACCGTGGTCGCTCAAATAGTCATTCAAATCCTCCCAGGGTAGACCGGCCTGCACGGTGATGTCCAGGTCCAGCTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1093

TTCTTGTCTTCGTATTTCCTTTTCCTCTGCATCTTCATCATTCTCGTTGCTGGAGTCCTCAGATTCGCTACTGCTGAACATTAAGTCATCGGCTGCTTGCTCACTTGAAGCCTGAGAGGGCTCTTTCCTTATACTTTGAGTCTCATCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1094

AGCGGGCCCTCAGGGCTGGTCTACTGCCTTATACTCTAGGATGTACATCCTACCACACACAACAAGCCTGTCACACCATGACTACAGATCCTTCTGTCAAATTGAAGTCCGCCAAAGACTCCCTCGTCTCCTCCCTCTTCGAGTTATCAA

>nucleosomal\_sequence\_1095

TGAAAGCAGTACGAATCGTCTCTTGGACGACTTTATCTGTCTCCACGTCGACTGCGGCCGTGGCTTCATCAAGCACCAAAATCTTTGATGGAACCAACATTGCTCTTGCAAGACATAATAATTGTCTTTGTCCAACACTTAAGTTGCCAC

>nucleosomal\_sequence\_1096

ATTGAATCATAATCCGTATTCTCTCTTCGTTCTTTAAAGTTTGTTTGGTGAGAATCCTCAAGTGGTAATTCCACTGTCTCCCTTGCATTTATTGGCTGGTTTGGAGAGTTAGGCACATCCTCATCAAAGATATTTGTCAAAGTCATCGCT

>nucleosomal\_sequence\_1097

GCTTCCTTCACCTCAGGTTGGACTTCCAAATTGATATTCTCCATCACCTCACTTTCATTTCTTGTTTCTGCTCCAGTTGAAGGACCAACAGGCTCTTCTGTTTCGATTCTGATAGACGATAAGTCCGTGGATTTTATAGAATGATCATAA

>nucleosomal\_sequence\_1098

ATCGAAGCACTACGTAGTTCTGAAATTTTGGAAGTATCTGCTGATGGAGAGAACGTCAAGAGACGTGTTCCTTTGGACCTAACTGCTGCCAGAAATGCCAGAATTGAGCAAAACCAACGGACTTTGGCTGTAATGAATTTCCCACATGAG

>nucleosomal\_sequence\_1099

TATTACTGCACCAGTTGGGGCCAACTACGCTGGATCGACGTGGGATTGGCAGGGAAGAACTTCGAGGGAGGTGGTCGGAGAAGAGAGTGGGATGCGGGCGTGGGGGTCTGCTGTTACTTTTATCGGCACAACGGACCTGGGTTGACAAGA

>nucleosomal\_sequence\_1100

GTAATCAATCATAACAGGAAGCGATAAGAAAGTTTACATTGCACAGCCACCCTCATTGCCTCTGTGATTGAAGATCTGGGAGTGGGGCTAAAGGTGCAACTTCCGTACAAGAGTGACGAGATAAAGGATTTTCCACGGAATGGCTGACAA

>nucleosomal\_sequence\_1101

CCGCCCACGGTTTATCCACAACAAGTGCCATTTCCAGGTCAACCACAGGGGGGTCAATTTCCACAGCCTTCATCAGAACAGCAGGTGTTTAACCAGCTTCCACAAGTGACTCAAACTTTTCACAACTCTGCGCAGAATACGAATGCAACT

>nucleosomal\_sequence\_1102

TAAACACCCTGGTACAGTCATCCAGGAACTAACGTATTTGGAACTCAGGAAAAGGAACTGGAGATACCACAAGACGTTGAAGGCCTGGCTCACCAAAGATCCTATGATGGAACCTATTGTATCCGCTGATGGTTTAAGTGAAAGGGGATC

>nucleosomal\_sequence\_1103

TGATAAGACTCCATACGATGACATGCGTTCATTGAGTTTGTATGTGGTGGCCACAAGCTCAACCTGGAGGAGTGCCTTTTCTAATCTGGTCTCATCCATCTTTGATGTGTGCTTCTTTAATAATTGCGACACCACCCTACCAATATCGTA

>nucleosomal\_sequence\_1104

GCAAACCAAACGTCAAACACCGCTCAGGTAGCTTCATCGAACCCCTATGCTCCACCACCACAACAAAGAGTAGCAACCCCATTATCTGGAGGCGTGCCTCCAGCTCCGTTGCCAAAGGCCTCTAATCCATATGCTCCAACTGCAACCACT

>nucleosomal\_sequence\_1105

GAACTTGCATCGGATGATCCATTGAATTGCAAGTGTTGCTGCTGTTGTTGTGGTTGCGGTTGCGGTTGTGGCTGCAACTGTGATTGCGATTGAAACATCTGGGTTGTCTGTGGTGCTTGCGACGTGAGGTTAGTAAATCCACCGTTATTA

>nucleosomal\_sequence\_1106

TGGCTTTGAGATCACTGGTCTTTGAACGAAGTTGGAGGCATCCATCTGGTCTGGTAAAGTAACATCTTGTTCATCAACTTCAGCTTGCTCCAAGAAAGCAGAAGCAGCCGCTTCATCTCCGTTAGCCTTTGCTACGGCATAAGCTAATGG

>nucleosomal\_sequence\_1107

ATGAATCATCGTTGAATGACAATAATGATAATGATAACAGCAAGGACAGGGAGGAAACATCTTCTCACGCAAGGACGGTTTCTATTGACGACATTCTGAACTCTACTTTGGAACACGATAGTAATAGCATTGAAGAGCAGAGTTTGGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1108

GTGTTCCTGAGTCTGACCAAGGCACTAGTACAGAAGAAGAGGATGAAGTAGATGAAGAGCAAGTCCAGGCGTATGCTCCACAGATTAGTGATGGATTGGATGGAGACCACCAGCTAAATTCTGTAACGAGCAAAGAAAATGTACTTGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1109

GCGCCACGCCTACCAGGATCAACAAGTCTACTAGAGTGCAGGGGTACTCAACAGTGTCGATCTGGATGAGCGACAGCTTCCTCTTCTCCGCAGCGATGCGGAACATCTTGTTGAAGATTTGCTTGATTCCGGTAGCAGTGCGGGTATCGT

>nucleosomal\_sequence\_1110

CATCAGGAATACTCTGGAATAAATACCATGTGTAACTAGGACAACAACATCTCTGGGTCTTCTCTCTTGCCTATCATGGAAGTGCCTGAATAAAGTCTCTTGGAAACTGGCGACTCTGTCATATACATCTGCCGCACTTTCTCCATGAGG

>nucleosomal\_sequence\_1111

GTTCTTTGCAGCGGCCTGATATAAAGCTGTTGCGTAAGTGCCCTCAACACCGAACAATCTCACCGGTGGGGGAGCAGCAGCTTTGGAAGCAGCAGCTCTTAAGCTTGATGCAAATGACCTGGTAAAGACTCTATTAAACATGATTGTCCA

>nucleosomal\_sequence\_1112

CTTGACGGTCGTCACTGCCGGAGACAATCAATGGTAAAGTTGGATGGAAAGAGGCCCAGTTGACACCTCTTGTGTGACCCTCTAGAATAAACTTGACAACACAGTCACCAAGAGAGCCATCCAATAGATTTTGTTGTGCACTCATTTGCT

>nucleosomal\_sequence\_1113

CCCTAGCAGGCCCAGAATAAACGAAATACGTCCCCTTACAGATTTCAAAGAGCCCATTTCACTGGACACTCATTTTGATGGTGTCAGCCACTCACAAGAGACCATAGTCACAGAGGAAATACCAATGAGTATACTCAATGGTGAGCAAGG

>nucleosomal\_sequence\_1114

GTGGCCTTGATTGTCATAATTGTTACAACCTGTCGATAAATCGAAGGTGGTTGTCCCCCATTGCCAAGTTTGCCAGTACTGAGCAGCATCACCTTGTAGATATTCGAACTGGATTTGGAAATTTGGCATCCAAACTGTGCAACCGTCAGA

>nucleosomal\_sequence\_1115

ATATTTCTGAATCTGGTCAAGAAGATCAACAACAACAACAACAACAGCAACAGCAACAGCAACAACAGCAACAACAAGCTCCAGCTGAACAAACTCAAGGTGAACCAACCAAATAAGAGCGCTGAGAAATACAAGGGGAAATGAAGATTT

>nucleosomal\_sequence\_1116

GAACATATCGTTGCTGGTACCGGTGAATTGCATTTGGAAATTTGTTTGCAAGATTTGGAACACGACCACGCTGGTGTTCCATTGAAGATCTCCCCACCAGTTGTCGCTTACAGAGAAACTGTTGAAAGTGAATCTTCTCAAACTGCTTTG

>nucleosomal\_sequence\_1117

AGACGTATCTGAATGTAGGTTTGACTTTAATGGCGACCTTGTTCCACCCACAAGACAAATAGACTCTACCATTCACTCAGGGTTGCACCATCACAGCGACTCGCCTGAACTCGCCGGTTACACCATAGTGGAGTTAGAACATTTAGCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1118

TGATTGAGTCCAACATAAATGAAGGTAGACAAGATATTCCCAAAGAAGGTGGCAGAGAGGGATTGAAGTATGGTTGTTCTGTTACGGATGCTTGTATTGGCTGGGAGTCCACCGAACAGGTATTGGAGCTATTGGCAGAAGGTGTTAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1119

AGTATTGAGATATTACGTAGAGGTGCTGTAATAGGTACTGTTAGTGTGAGCACGCACCTCGAAAGTAGACTGCAACTGTGGAGAATGTGTATTTCCAAGGCCGAGTCTACTTTGGGACCATCAGTAACCAGAGAGTTGTACCAAGAATGC

>nucleosomal\_sequence\_1120

CCTCGCTGGTGACATCCTTGTCATTTAGATATTCTTCCGGAATCTTAGACTTCAATTGCTGCATATCAAAGGTTCCGTCACCATTCAAAGTCACAGAACACACTCTGAAGTGAGTCCCACCTAAATCTGCAGCCAGCAAAACACCACGTT

>nucleosomal\_sequence\_1121

CAACAACAACAACTACAGGAACAACAGTACTTAGCTTCTATGCAACAGCAGCAACAGGCAATGTCCAACAATCCATTTGCCAAATCAGAACAGAGCTCAAGTTCACCAAAACGGAACCAACTAGTAGCAGCTTCTTCTCCACAGCAACTG

>nucleosomal\_sequence\_1122

TAGCTCCCTTCTTTGGTCTCATCAGAGTAACGGCTAGGAACACCAGGTTCAATAGCAACACGGTCACCAACTTTGACCCTTGTGACGGCATCACCAACTTCCACAACCTGTCCGCTTGATTCATGACCTAAAACCATTGGCGCCTTCAAT

>nucleosomal\_sequence\_1123

ACCACGATCTGATTGACGAGTTTGAATCTCAAGGTTTTGAAAAGGACAAGATTGTGGAAGTGTTGAGACGATTAGGCGTCAAGTCCTTAGACCCCAATGACAACAACACAGCCAACCGTATCATCGAGGAATTGTTGAAGTGAATAGATA

>nucleosomal\_sequence\_1124

CCAGAGAATTAGCCATGCAGACTTTCAACGTTTTCAAGGATTTTGCCAGAGGAACAGAACTAAGAAGCGTCCTCTTGACTGGTGGTGATTCCTTGGAAGAACAATTTGGCATGATGATGACCAACCCAGACGTTATTATTGCAACACCTG

>nucleosomal\_sequence\_1125

CTAGATCGTACAAAGAATTGGTAGATCCTGATTTCCCAAGTGACAATGTTCTCCTCAGTGAAAGTCCTTCATCGTGGTTATCGTCTACTTCTTGGTCATCGTCATCTTCTTCCTCTTCGTCGTCGCTACTATTGTATTGTGAGTCTTCAA

>nucleosomal\_sequence\_1126

ATAAGCTCAGAACTTCGCTGGATCGCACAAGAGAAGAGATGCTTGCCAACCACCAACTGGACACAAGATACTCCGTGGAAAGAGCACGTGCCTCGCTGGATCTGCCGGGTATCAATCATGCAGAGACGCTGCTCAGCCAGCGCAGCAGGG

>nucleosomal\_sequence\_1127

CGCTTATTCGATGTCAAGAGTAGGGATCACCTTTCTGCGAAGTTGGAGCCCAAACTAACGATTCAGCACAATTGCCAAACAGGAAGATGGACAAGCATCCTCAAGGCCAGGTTCAAGCCGAACAAGAATGTTTTTGCAATAGCTAACATG

>nucleosomal\_sequence\_1128

TCATTTTCTTTGCCGCCGATGGAATAGCCTTTCTTGGATTGGATTGTTCACTGGCAGTCATAGCCAGCTGTTCACTCATACCAAAGGCGAACGCTGCTGTGACAAATGTGGCAACGACACCTTTGAACCTCTGGATGGGTGTATCACCAC

>nucleosomal\_sequence\_1129

GAGCATATTTCACAACACCTGTTTGTAAGTTGTAGGGAACGGTGAAACTCTTAGAATCAATCGTGGCACCCACATCTCCTGTGGTAATTCTTGTTTGTGCCTCTGGTGCAATGGTTATCATACTCGGATTAGCGGCTTTTGTACCAATCA

>nucleosomal\_sequence\_1130

CGGTGGTTCCAGAGGTGGCTTCGGTGGTAGAGGCGGTTCTCGTGGTGGTGCCCGTGGTGGTTCCAGAGGCGGCTTCGGTGGTAGAGGCGGTTCTCGTGGTGGTGCCCGTGGTGGCTCCAGAGGTGGTAGAGGTGGCGCTGCTGGTGGTGC

>nucleosomal\_sequence\_1131

GTAAGATCTTATGTGTCCATGGAGGGTTATCTCCCGAGATTAGAATGCTCGATCAAATCAGAGTCTTGTCAAGAGCTCAAGAAGTGCCACACGAGGGTGGGTTCTCGGACCTGCTTTGGTCAGACCCTGACAATGTAGAGGCTTGGCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1132

AAACCTCGGCGGCTATGTCTCGTACTAACATGGATACAAGACACGCACATTCTGCTTTACTGGCAGCACCACAGAGTGCTACTGCAAATAGCAGGAGCAGCAACAGCAGCAGCGAGAGTAGTAGTAACAAAAACAATATCAATGTCGGCG

>nucleosomal\_sequence\_1133

TTGTGCGAGACGGATCGATTGACGCCGACGATTGCGCAGGCACCTGCACCTGCGCCTGCGCCTGCGTGTCGGTGCTAATGTTCTTCAAACTCCATACTGCCATACCTGGGCTGGCGGTCTTGTCATTGTCCCACAGGATCCTTTCAACTT

>nucleosomal\_sequence\_1134

CGATGTCGGACTCAGAAGTCAATCAAGAAGCTAAGCCAGAGGTCAAGCCAGAAGTCAAGCCTGAGACTCACATCAATTTAAAGGTGTCCGATGGATCTTCAGAGATCTTCTTCAAGATCAAAAAGACCACTCCTTTAAGAAGGCTGATGG

>nucleosomal\_sequence\_1135

CGTCAGAGCTTCTTGTACGATACATACCAGCAACACTTGATGAGGCATGTGGACCAACTGTTGTAGTAGACTCAATTAAAGATGTAGAGTCCGTGGAAGTGGAAATCACGACAGAGATATTTAGACTTGTTGAAGTAGTAATATCGTTTG

>nucleosomal\_sequence\_1136

TAACTATATTTAACGCTACAAATCTAACCTCATTCGCTGCTGATTCCTTGGAGTCCATCACAGATTCTTTGAACCTACAGAGTTTGACAATCTTGACTTCTGCTTCATTTGGGTCTTTACAGAGCGTTGATAGTATAAAACTGATTACTC

>nucleosomal\_sequence\_1137

GAAATGATTGTTAGAGCCAGAATTTCCTGACAGGTATTGTCCTGTCTGTTGTGCCAATTGCTGTTGCTGAGCCATCAACTGTTGCTGCTGTGCTTGAACTTGCTCCAACTGCTTCTGCAAAGTGAATTGTTCAATCATCAAATTTGTCAA

>nucleosomal\_sequence\_1138

GGATTCTTTTATTTACGACGAAAATTCAGTCATACAGTTACACCAACCAGTAATGTCATCGCTTGAAGAAATTCTCTTCTTCCTTCAAGCTCCAACTCAAACAACACTCTCTCTGGCTTTGATAAACTCGATCTATGATATGCTTGATTA

>nucleosomal\_sequence\_1139

AAACTTAAGTGACTGGAATAATGGTTGGCAATTTTGTCTTGCTGGTTTCATGCCTGCTGTCTGGACTATTGGTTCCTTTGATTCATGTGTCCATCAATCTGAAGAAGCCAAAGATGCCAAGAAATCAGTCCCCATTGGTATAATCTCATC

>nucleosomal\_sequence\_1140

GCCTGCACCTCTGGGACTGATTCCCCATCCGCCTCTATCGTCAGGGTCTGACCATAGAAGGTCACACATAGGACCTTCATGAGGCACTTCCTGTATTCTGTTCAACTCTCTCACCTGATCTATGGTTTCTATCATGGGGGAAAGTCCTCC

>nucleosomal\_sequence\_1141

TGGAGTGAAGTCGTTGACGATATTAAACGTTCTTCTAATTTCCTCGGGAGACCTTCCCCTGATCATTTCAGCAACCACCTTGCAGCCAGCGTCAAGCAAGGGCTTGATGTTGAGGTAGTTTGCCGCCAGAATAATTTCGTATAGCATCTC

>nucleosomal\_sequence\_1142

AGGTCATGGATGGTAAAGCAAACATTGAAGTTCGTCCAAGATTCGTCAACAAAGGTGAAATAGTCAAGAGACTAGTCTGGCATCAACATGGCAAACCACAGGACATGTTGAAGGGAATCAGTGAAAAACTACCTAAGGATGAAATGCCTG

>nucleosomal\_sequence\_1143

TTTTTGCTGTATTGTTCCAGGCAGAGCGGTTATAATTCACCGGACTTGGCAACAACAATTCTAGCCTTGGTGGCACCGGAAGGAGAACCCAAGGACTCAACCTTCTTAACGATGTCGTAACCGTCAACAACTTCACCAAAGACAACATGC

>nucleosomal\_sequence\_1144

CTGACTACGGAAGTAGTTGGATCAGCTGAAGTAGTTTGAACGGTCGAGGTAGTTGGGTCAGCTGAAGTAGTTGGGTCAACTGAAGTAGTTGGATCAACTGAAGTAGAACTGACTATAGAACTAGTTGGGTCAACTGAAGTAGTTGGATCA

>nucleosomal\_sequence\_1145

AAGTGCCACCAAGATTGAATCAACCACAATAGCATTTGTCAAGGAACTGCCTTGGGATCTACACACCATTGTACCTGTTTCGAATGGTGCTATCATTGTGGGAACCAATGAACTGGCATTTCTAGATAATACTGGCGTTTTACAATCGAC

>nucleosomal\_sequence\_1146

AAACGAGAACCGCAATACTGGCGCTGGCGTAGATGTAAATACAAATGCAAATGCAAATGCAAATGCAACTGCAAATGCAACTGCAAATGCAACTGCAAATGCAACTGCAGAGCTGAACCTCCCCACGGTCGATGAGCAAAGACAGTATAA

>nucleosomal\_sequence\_1147

GAGTATGCTACAAGAATGACCGGCTGAAACGTCGGTGCCTAGACCAACCTTTATGCCCTGGTCCAGCAACCATCGAACCCTACACTCTCCAGAAGTCAGAGAGGAGTTGGAAATGGGACAATGAGATATACCACAGCGACGCTGTTTAAT

>nucleosomal\_sequence\_1148

CTTAGAATGATTGTGTCAGAGAAAGTAGCTAGATCTGTTGAAGTAGTTGGACCACTTGGTCTGGTTGAATAAACTGAGGTTGAACTGACAATAAAACTGGTTGGTTCAGATGAAGTTGAACTAACTACAGAACTAGCTGGATCAATTGAG

>nucleosomal\_sequence\_1149

CAACGAGTGCAGCAACAAAGGGTACAACAACAACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAACAGCAACAGCAACAGCAACAGCAACGCCAGGGTCAAAACCAAAGAAAGATTTCTAGTTCTAATTCTACTGAAATACCCTCT

>nucleosomal\_sequence\_1150

TTAGATCTTGCAATTCCTGTTCCTGGATAGCGAACAAATCCTCTGGATTGTTTTCCTCAAAGGGGTCCACCAAAGTCACATTGGTGGGGATTTGTACTTGATTTTGTGTTTCTGTTTCTATTTGCCCCTTTGTTTCTGATTGTTGCGATA

>nucleosomal\_sequence\_1151

TCACCCCATCTTTCGTTGCTTTCACTCCAGAAGAAAGATTGATTGGTGATGCTGCCAAGAACCAAGCTGCTTTGAACCCAAGAAACACTGTCTTCGATGCTAAGCGTTTGATTGGTAGAAGATTCGACGACGAATCTGTTCAAAAGGACA

>nucleosomal\_sequence\_1152

GGCTACTATTGTGGCTGTTGGATGATGAGAAATCTAATTTGGCTGCATCTTCATGATTCATTTCATCAAGCATGCCACCATCACGGCCCCACTTTCTCCCACTACCAACATTTCCTGTAGATTGCTTCTTACCTTTTGTATCCCTCAATT

>nucleosomal\_sequence\_1153

CCATCTGCCGCACTATGGAGGGTGATTCAACGGAAAAGGCGCAGGAAGTGCAGTAGTGACCGGCAAGCAGCATGTTGAAAGACATTGTTGGGAAATCCTGTTTGAGTCCTGGTGTGTCTTCATTCTCCTACCATTTGTAGCTGGCGTAGA

>nucleosomal\_sequence\_1154

CTGATGGAGAGAACGTCAAGAGACGTGTTCCTTTGGACCTAACTGCTGCCAGAAATGCCAGAATTGAGCAAAACCAACGGACTTTGGCTGTAATGAATTTCCCACATGAGGACGTTGAAGCTTCCCAAATTCCTGAATTGCAGGAGAACT

>nucleosomal\_sequence\_1155

TGGTTCAAATACATCTATCCAATAATCTTGCTCAAAATTAACTTTGTCAACTCGGATGTTCAAATGCTTAGCGACACGGTTCACATCTCTCCAATCCCTCTCGTAGCATGGCTCCTTGCCAGGGTCGTCCAAAGATTGTGATTCAGACCA

>nucleosomal\_sequence\_1156

AGAAATTACGGCCTAGATTTGATTAGAGGTAAAATTGTGGACGAGATTCACGCTGGTGTTCTTGAGCCAACCATAAGCAAAGTCAAATCCTTGAAATCAGCATTGGAGGCTTGTGTAGCAATTCTAAGAATTGATACAATGATTACAGTG

>nucleosomal\_sequence\_1157

CACACTACCCCTAACACTACCCTATTCTAACCCTGATTTTACCTGTCTCCAAACCTACCCTCACATTACCCTACCTCCCCACTCGTTACCCTGCCCCACTCAACCATCCACTCCCAACCACCATCCATCTCTCTACTTACCACTAACCAC

>nucleosomal\_sequence\_1158

TATTCTAGGATCCTTCATGTTGAGTTAATCGGTTATACTTCTGTCGCTGTGGCAAACTGATGTATGCGCCAACTTGAGACCATTGTCTCCACATTACAGAGGTGCTTCTAAGTCATCTGTTTCTAAACACTTTAGCTTTCTATAATATTC

>nucleosomal\_sequence\_1159

TTAATGCTCTCTTATGCTTGTTCTTCTTTGCAATTTCAATTTGTCTCTTGAATGAGGATTTGGTGGTGTCCAGGAATGCAACCTCCAGAAGTTTAACTTCTTCCTTCTTTTCCTCAGGATTAACTTCATCCAATAAAATAGAAATAGATG

>nucleosomal\_sequence\_1160

CATGGAGGATGGGTGACAAGGACAAACATTGGAATTACGATGTGTTCAATGCTCTGGGGCTGGAACACAAGCTTATTCAGCGTGTGGGGAACATTGCGAGGGAAGAAAGCGTTATTCTGAAGGAACTAGCTAAGCTCGAATCACATCCTA

>nucleosomal\_sequence\_1161

CCAAAGACTTTGGTGAAGAACTCAGGATTCGACCCATTGGACGTGCTCGCAATGGTGGAGGACGAGTTGGATGACGCTCAGGATTCTGACGAAACGAGATATGTTGGTGTGGACTTGAACATAGGTGATTCTTGCGACCCTACCATCGAG

>nucleosomal\_sequence\_1162

GACACCGTCTTCAATCTTGTATGTAATGATAGATCTAGATCCATCTGCATTCTCTATGATCTCCTCTGGTGCAACTTCACTCATTATTCCTGGTGGTCTTTGGTCTTTTGATCCTTTCAATACAGCGAGTAACTAGGGCTTCTCTTCCCT

>nucleosomal\_sequence\_1163

TGATCTTTTCCGCCCCAGTTTCTAATTAATCTTTTCAGTCTCTGAATCTGTTTCAGCTGCTGAGGGGAGACAGGTGTGGATGTCATCGAATCAATATCTTCAAGAGACTCTGGAGATATATCGTCAAATAAAAGTTTGAATTCCGTATGG

>nucleosomal\_sequence\_1164

GTCTGAGCAACTTCTGAATTCATTGAAATTGATGAGCTTTGACTCCACACTGCGAGAAGTTGAAGTAGAGAAGACATCTGATAATGATAGAAACAAGGAGTCTGGAGATCTCCAAATAGCAAGAAAGAAGGTCACATCAAATGTTATGCG

>nucleosomal\_sequence\_1165

CGTCAGGACTAGTGCTACTACCACTGCCAGCATCAACGTCAGGACTAGTGCGATTACCACTGAAAGTACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGCCAGCACCAACGTCAGGACTAGTGCTACTACCACTGCCAGCATCAACGTCAG

>nucleosomal\_sequence\_1166

TTGGAATCCTACGTTGCCTCCATCGAACAAACTGTCACTGACCCAGTCTTGTCTTCTAAATTGAAGAGAGGTTCCAAGTCCAAGATTGAAGCTGCTTTGTCCGATGCTTTGGCTGCTTTGCAAATCGAAGACCCATCTGCTGATGAATTG

>nucleosomal\_sequence\_1167

TGTACGCTCCACCTGGAGCACAATCACAGTTTACACAATATCCACAATATGTTGGAACACATTTGAACACCCCGTCACCTGAGTCAGGTAATTCATTTCCTGATTCATCCTCAGCAAAGTCTAATATGACATCCACTAATCAACATGTCA

>nucleosomal\_sequence\_1168

CCTCCCACGGTGCAGCAGCAATCACCTTCCGTTATTAGGCAGTCTCCCACTCAACGGCGGAAAACGTCTACCACATCTTCCACATCTCGTGCACCACCACCTACAAATCCAGATGCCTCTTCTTCTTCATCATCTTTTGCTGTACCGACA

>nucleosomal\_sequence\_1169

AGGGTGCAAAACTATGATCGATTATTTTGAAAGTAAAGGAGCTCACAAATGTCCACCTGATGCAAACCCTGCCGAATGGATGTTAGAGGTTGTAGGTGCCGCTCCTGGTTCTCACGCTACGCAAGATTATAATGAAGTCTGGAGAAACTC

>nucleosomal\_sequence\_1170

TCGCAATAATCACACTAGCTACCATTCTTCATCGAATTCGGAGTCAAACATGGAAAGTCCTCGCTTGTCAGATGGTGAGTCTTCCACTCCGACCTCTATTGAAGAGTTAAACCCAACAATAAATAATTCGAGGCTGGTGAAGAGAAACTA

>nucleosomal\_sequence\_1171

TCTTTGTTCTTCCATATGAGAACGCCTGCGAGTATTCGAATTTGCTTCTGTTTCCACAGGAACATTGAAGTTGGTCACATTATTAGCATCCATTTCACTGTCAAAGCCATCTGCATCTGCATCAAATTCATCGTCGTCGATGTTATCGTA

>nucleosomal\_sequence\_1172

TAAATTCACGTCTTTCTTCTTCATTGATGGTATGTGTAGTACCTGTTTGGGAGCCAGCAACAATAATCTTGGCTTGAGTACCCTTACCCTTGTGCTGTAGTCCTGTGGCAGCAGTGGAAACAATAGGGGTTGAGTTAGGTGCTACGTTGA

>nucleosomal\_sequence\_1173

TCAATTCCCAGTCTACCAAGGTGAACGTGTTAACTGTAAAGAAAACACTTTGTTGGGTGAATTCGACTTGAAGAACATCCCAATGATGCCAGCTGGTGAACCAGTCTTGGAAGCTATCTTCGAAGTTGATGCTAACGGTATCTTGAAGGT

>nucleosomal\_sequence\_1174

TTCGCTACTGTTCCAACTGGTGGTGCTTCTTCTGCTGCTGCCGGTGCTGCCGGTGCTGCTGCCGGTGGTGATGCTGCTGAAGAAGAAAAGGAAGAAGAAGCTAAGGAAGAATCTGATGATGACATGGGTTTTGGTTTATTCGATTAAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1175

TATTTTTAACCAGCAGGAGATCATCTGGAAGGTGTTGATACTGGACATCAAGAGCACTGCTACCATATCTTCTGTTCTCAGAGTCAATGACCTGCTGAAAGCTGGTATCACCGTTCATTCCTTGATTAAACAAGACAGATCTCCCTTGCC

>nucleosomal\_sequence\_1176

ACTTCGCCAACAGACTAACTGGCTGGAACGCCATCAAAGCCAGAGTCGACCAGTTGAACTTGAACTTGACGGATGACCAAATCAAGGAAGTTACTGCTAAGATTAAGAAGCTGGGTGATGTCAGATCGCTGAATATCGATGATGTTGACT

>nucleosomal\_sequence\_1177

CCACATAACGGACGTACGAATCGTTTGAGCATTGAAACTTTTCTGTGTAGACTCTAGCTCCCTGAGGAATGTACCACGACCTGTGGTAGGAATGATCACGAAAGGGAACATGATTGGTTGTTAAATTTCTAGTGTCATCAATCAATCCAG

>nucleosomal\_sequence\_1178

CAACCAACGGTACCACTTCAGCTTTCCCACCAACTACATCTTTGCCACCAAGCAACACTACCACCACTCCTCCTTACAACCCATCTACTGACTACACCACTGACTACACTGTAGTCACTGAATATACTACTTACTGTCCAGAACCAACCA

>nucleosomal\_sequence\_1179

CCCGTCCCATACTTCTCATCCAGCCACTCTCTCAGCTTGCCGAACTTGACGAACTTGTTGCAACCGATATCTGGATTGGGTGTCGACCCTTCACTGTAGCCTCTCAACATTGGTTCAAATACATCTATCCAATAATCTTGCTCAAAATTA

>nucleosomal\_sequence\_1180

TTTGGATTTCCTAGAACAAATCGATAAAAATTCCACGTTAACTTTGCAGGACCTCTTCGATTCATTCACCTTCGAAAAGATTCACTCTCATGTGGGTGTCAGGACTGATCTGTTTGATAGGAATCCGTCAGAAGTATTGATTACTGATTT

>nucleosomal\_sequence\_1181

CATTATGCTTTTGTTCGTCTTGCTTTGGAGAATATGCAGGAGATCCTGGGCTGTAGCCTGGAGATGTTGGGGAGTAAGAAGGTGAAGTAGGGCTATAGTTTGGAGAGGTGGGAGAGTAAGAAGGTGATGTTGGGGAATAGGATGGTGATG

>nucleosomal\_sequence\_1182

AAAGAAGAGAGGTTATTGGAATGCTAGCACGTTCCGTAATTATTGGTTTCTTGGCTACTGTTCAAGATGATAGGACGACCAAGACTGACGTCAAGCTTGCTGATCCTCACATGAACTTTATTAGAAAATTTGCCATTGAAGCGATTATAA

>nucleosomal\_sequence\_1183

ATCCTCCTCCTCCTCCAGGTGAACACATGCACGGTCGCCCACCAATGCACCACCGTCAAGAAGGAGAACTCTCGAACACCAGATTGTTTGTTAGACCTTTCCCATTGGACGTTCAAGAATCCGAGTTGAATGAAATCTTTGGTCCATTTG

>nucleosomal\_sequence\_1184

CCAAAGGCGTGCCACCATACCATCTGGTCACTATTACCAAGACGTTGAATATGTTTGCTCTTTCAAGTAAGGTCAATAAACGCTGTCCAGCACCAGCTTCGCCACAGTCAGCACATCCTTGCTCAATGTTCTTTGGCTGCACCGTTATGT

>nucleosomal\_sequence\_1185

GAAGTGCCACACGAGGGTGGGTTCTCGGACCTGCTTTGGTCAGACCCTGACAATGTAGAGGCTTGGCAAGTTTCCCCTCGTGGTGCAGGATGGCTCTTTGGCAGTAAAGTTGCTAGAGAGTTTAACCACGTTAATGGACTGAACCTTATT

>nucleosomal\_sequence\_1186

TGGCTAAGTATGGATAAACACCATCACAACCATAACCTAGTAGGACACAGAAATGGTGAATTTCTCTGGCTTCACCTGTTTCCAAAATCAAAGCAACTTGGGAACGCTGCTTGTTTCTGATTAGGTGATGATGAATACATGAAATTGCAA

>nucleosomal\_sequence\_1187

GTAGTCAAGAATCGTTCCCACTCAATTGACGAGGCAATTCGCAAAGACAGTTTTTCTCTTCTCGCCTCAGCTTCTTGAGAAAGCTCCTTCAAAGGTGGGTTTGAACCGCATTGGTTCAAGTCTTCATGAAGACCATCTAGAAGGAATTGG

>nucleosomal\_sequence\_1188

AGGAGAACCCAAGGACTCAACCTTCTTAACGATGTCGTAACCGTCAACAACTTCACCAAAGACAACATGCTTACCGTCCAACCATGGGCATGGAACGGTGGTGATGAAGAATTGAGAACCGTTGGTGTTTGGACCGGCGTTGGCCATGGA

>nucleosomal\_sequence\_1189

TACCATCTAAATGAACATCTTGTTCTCTTAACATTTGTTCCTGAAACGGATTGGACATACCACCATCATTGTTCTCAGCCATGCTGGTGTTAAGTGTTGAATTTTCCACCGTCTCTTCTAGAGGAATAGTTGTTTGAGTAGATTCCTGTA

>nucleosomal\_sequence\_1190

AGCAAAAGACCGACGGTAACTCCTTCTTGATCAACTTGATCGACTCTCCAGGTCACGTTGACTTCTCCTCTGAAGTTACTGCCGCTTTACGTGTCACTGACGGTGCTTTGGTTGTCGTCGACACCATTGAAGGTGTCTGTGTCCAAACCG

>nucleosomal\_sequence\_1191

TGGTTACGATAGTCCAAGAGGTGGTTATTCCAGAGGTGGCTATGGTGGTCCAAGAAATGATTACGGTCCTCCAAGAGGTAGCTACGGTGGTTCAAGAGGTGGTTATGATGGTCCAAGAGGCGATTATGGTCCTCCAAGAGATGCATACAG

>nucleosomal\_sequence\_1192

AGATGTAAATACAAATGCAAATGCAAATGCAAATGCAACTGCAAATGCAACTGCAAATGCAACTGCAAATGCAACTGCAGAGCTGAACCTCCCCACGGTCGATGAGCAAAGACAGTATAAGGTACAACTGCTATTGCATATCAACAGCAT

>nucleosomal\_sequence\_1193

AATATAGCACCACAGTAACGTCCATCAGTGAAAGTTAACAAAGCTGGACCATCCCAAGGTTCCATCAGACATGCAGCCCAGTCGTACCATGCTTTTAGGTCAGAATCCATATCCTTATGATACGCTTCAGGAACCATCATCATAACAGCT

>nucleosomal\_sequence\_1194

CAGAGGTGGCTATGGTGGTCCAAGAAATGATTACGGTCCTCCAAGAGGTAGCTACGGTGGTTCAAGAGGTGGTTATGATGGTCCAAGAGGCGATTATGGTCCTCCAAGAGATGCATACAGAACCAGAGATGCTCCACGTGAAAGATCACC

>nucleosomal\_sequence\_1195

CATTTTCATTAACTTGCATAATCTTCAAAGTACACATATCATCACGTTCTCTAGAGTCTCTGTAAGCATCGGATGAAGGATCTCTTGCACCAGCACGACGAGAAGGTGGAACATACTGCCCTGGGATGGAACCAGCTCCGCCAACTTGGC

>nucleosomal\_sequence\_1196

TTCAAGCCATAAGATTCTTTTGCCACCAAGATCAAGAGGTACAATCACTTGGATTGCTCCAGCTGGTGAGTACACTTTGGATGAGAAGATTTTGGAAGTTGAATTTGATGGCAAGAAGTCTGATTTCACTCTTTACCATACTTGGCCTGT

>nucleosomal\_sequence\_1197

GGTGTTTCCAACTTTGCTGTGGAAGACTTGCAAAGAATTCTGAAAGTTGCGGAAGTCAAGCCCCAAGTTAATCAAATTGAGTTCAGTCCCTTCTTGCAGAATCAAACACCAGGGATCTACAAATTTTGCCAAGAACATGATATATTGGTA

>nucleosomal\_sequence\_1198

AAGCGCTCGAGAAAGTTGGAGTTTTTCAGCGTTTGCGTTCCATGACGAGCGCTGGACTGCAGGGTCCGCAGTACGTCAAGCTGCAGTTTAGCAGGCATCATCGACAGTTGAGGAGCAGATATGAATTAAGTCTAGGAATGCACTTGCGAG

>nucleosomal\_sequence\_1199

TACCACTGCTAGCACCAACTCCAGCACTAATGCCACTACCACTGCTAGCACCAACTCCAGCACTAATGCCACTACCACTGAAAGTACCAACGCTAGTGCCAAGGAGGACGCCAATAAAGATGGCAATGCTGAGGATAATAGATTCCATCC

>nucleosomal\_sequence\_1200

ATTGAATTAGGTCTGGGCTGATGTTTACGCTAAGGCTTTGGAAGGTAAGGACTTGAAGGAAATCCTATCTGGTTTCCATAACGCTGGCCCTGTTGCTGGTGCTGGTGCTGCTTCTGGCGCTGCCGCTGCTGGTGGTGACGCTGCTGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_1201

GATGTCGTAACCGTCAACAACTTCACCAAAGACAACATGCTTACCGTCCAACCATGGGCATGGAACGGTGGTGATGAAGAATTGAGAACCGTTGGTGTTTGGACCGGCGTTGGCCATGGACAACAAACCTGGTCTGTCGTGGTGCTTCTT

>nucleosomal\_sequence\_1202

GCCAGGAACACGGTAGTACTTGAGCCTAGGGACGACGAAAATGAGCGTCTCGAGGGCGTGAGTCAGGAACTCGGCAACAATGATGAGTCGCAGCACAAGATCACTATCCAGCCACGCCTCTAAGGTGGAGCCCACAGGATTAGGGACCAG

>nucleosomal\_sequence\_1203

ACTGTCACTGACCCAGTCTTGTCTTCTAAATTGAAGAGAGGTTCCAAGTCCAAGATTGAAGCTGCTTTGTCCGATGCTTTGGCTGCTTTGCAAATCGAAGACCCATCTGCTGATGAATTGAGAAAGGCTGAAGTTGGTTTGAAGAGAGTT

>nucleosomal\_sequence\_1204

CCACCAGTGAAACTGCTCACAACATGAAGGTCATGAAATTCTCTGTCTCTCCAGTTGTGCAAGTCGCTGTCGAAGTCAAGAACGCTAACGACTTACCAAAATTGGTCGAAGGTTTGAAGAGATTGTCCAAGTCTGATCCATGTGTCTTGA

>nucleosomal\_sequence\_1205

CAAAGTAGACAAAGAGTTCATAATTGTGGCTTCATTACCACCACCAGTTCCGGTGGAGACGAAACAACCAGCGACCTTACCATGCAAAGCACCCTTAGCCCACAACCCACCGGTACGGTCCCAGAAAGCCTTCCATTGAGCAGGGAAGTT

>nucleosomal\_sequence\_1206

GGTTAACCAAGCTGAAGAGTTCAAGGCTGCCGATGAAGCTTTTGCCAAGAAGCACGAAGCTAGACAAAGATTGGAATCCTACGTTGCCTCCATCGAACAAACTGTCACTGACCCAGTCTTGTCTTCTAAATTGAAGAGAGGTTCCAAGTC

>nucleosomal\_sequence\_1207

GCAGCATATGGTTTTGTAAATCCGTGAGGTTTAAGACAAATTCTTGGCTCAGTTCAGGGACTGGTTTAGGAACCTCAGGTCTTCGCAAAGGTGGGCCTTGTGCTGGTGTTTGATTATTATCTAGATAGCTTGTAGGGTTTGGCTTATGAA

>nucleosomal\_sequence\_1208

ATATCAGTTAGACTAGATGATACTGTTTGGGTATCTTGGCTGGTTGAAGTGGTTGAAACCCTTAGAATGATTGTGTCAGAGAAAGTAGCTAGATCTGTTGAAGTAGTTGGACCACTTGGTCTGGTTGAATAAACTGAGGTTGAACTGACA

>nucleosomal\_sequence\_1209

ATGCAAATGGTGATCAGACGAGTTATTAAATCAGCCTTCTTCTCATCATCGTTCAGATACAACTGAAACATAATGTCAAGGAGAACTGCAGCAGCACTCGTTTCTTGTTTCAACAGGTTTGGTATTTTATCAACTACACGAGCCTCTACT

>nucleosomal\_sequence\_1210

GTGGTGTATTAAGTGATAACGTCATTTACGGTGACGGTAGCAGTGGAAACCAAAGCTGGGGAAACTGTTTCAGAACAAACGTGGTCCTCACAAGAAGTGATAGTGACCAAAGTGGTAGATTCTTCTGTGACAGTAGCAGTGGTAATGTTA

>nucleosomal\_sequence\_1211

AGTTGTTCCCCCAGCAACATTACAGTCGTATGTAAATTGACATTGGACTTTTCTTCCTTCAATGATTTCCTCCCTAGCTGACCTGGTCGTCACAGTAGCTGACATACCAAGAGATCTTGAAATATGGACAATTCCGTCCATAATGGATGA

>nucleosomal\_sequence\_1212

CAGGGGCCAACGACAGTTCGTCGTTGAACGATTGTGGTAATAAATTGACAAGTTTTTGTGGCATGAACACCGCAGAGGACCTCTTTCTCGCACGCCTATCAACAGAGGAGCCTTCTTCAATATGGCTGGTCACATCAACAACATGACAAC

>nucleosomal\_sequence\_1213

GTACTGGATGGTCTAGCACTTGTGCTTGCTCTTGAAGTATCATAGAATGACCGGCCCGCACCTGTAATCACACCGTTTGAGTATGCTGCTGTCAGTTGACCTGGGACAGTGAACATATAGCCTGACCTATAGGATGGATAAAGAGTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1214

AGCTTCAATAACTTCCAACTCTTGTTGAATGAATGGATGGTCTGGGGCAACCTTGTTAACTTTGGAAAGAGATGCTCTTGCTTCGTCAATTTGACCAGCTTCAACCAAATAACGTGGGGATTCTGGAACGAAAGTCATACCACCGATCAT

>nucleosomal\_sequence\_1215

ATGAACAATATCGTTGCTGATAAAATGACAGAATTATTTAGTGCTGGCAATGAAGAAGATCCAAGAGATTTTGATGTGTCTGTCATTCCAAGTCTTGGAAACAATGATGTCTTTCCACATAACATGTTTGCACTAGGACCAACTCTACAA

>nucleosomal\_sequence\_1216

GCCAAGCGCCTTAACAACTTCTGGAGACAACGTTTCCTCGACTTGATAAATGTCTGCAGAGCCTCCAGCGGCTTCAATTCCCTTCTTTTCTGCCTCTGCGGTGGCAGCAACGTGACCATATAGTGTGTAAATGATGATAGCTACTCTTGG

>nucleosomal\_sequence\_1217

TCCACCACCACAACAAAGAGTAGCAACCCCATTATCTGGAGGCGTGCCTCCAGCTCCGTTGCCAAAGGCCTCTAATCCATATGCTCCAACTGCAACCACTCAACCCAACGGTTCCTCCTATCCTCCAACCGGTCCGTATACTAATAACCA

>nucleosomal\_sequence\_1218

AAAGACCCTCAGAGACCACGGAGTAAAGTTTACGTTCTTGGAAATCCTGGCTGCCCAGCATGCGTTCATCCGTGACGAGTTCAGCAAGGGCAGGTTCGACTCCGCTATCACTCAAAGTTGTCTCGGCTTCTTGTTCGAGCAGTTCAACAG

>nucleosomal\_sequence\_1219

TACTAGGGCACCTCCAAACGCAGTCGCTAGAGTTGCCAAGCTCTTGGACACCACTAGAGAGGTCAAGGTCAACGTCGAAGGTTTGCCAAGGGACATTAAGCAGGATGCTGTAAGAGTATGTTAATACGTGAAATGAGAGCTATTTGTTTA

>nucleosomal\_sequence\_1220

GCTCGATATCAAGAGGGTTCTTGTAGTCCAGAGCCACGTTCTCAAGACCTACAGGTGAGTCCTCTAAGTTTCGTGTGGAAAGCGCTACCTCCTTCATCAACAAGACACGTTCATCCATATTTTGCAAGTAGCGTGACCAGAAGGCGTCAG

>nucleosomal\_sequence\_1221

TGGCCAGCTAACCACCACTACAGAAATCGAAAACTTCCCAGGTTTCCCAGATGGTCTAACAGGTAGCGAACTGATGGACAGAATGAGAGAACAATCCACGAAGTTTGGCACTGAAATTATCACGGAAACAGTTTCCAAAGTTGATCTGTC

>nucleosomal\_sequence\_1222

CACTTCGACCAAGCTGGTAAGAAGGTTTCTAGACGTAATGCTAGAGCTACCAGAGCCGCTAAGATTGCTCCAAGACCTCTAGATCTCTTGAGACCTGTTGTTAGAGCCCCAACTGTTAAGTATAACAGAAAGGTCAGAGCTGGCAGAGGT

>nucleosomal\_sequence\_1223

CAGAGCCGCTAAGATTGCTCCAAGACCTCTAGATCTCTTGAGACCTGTTGTTAGAGCCCCAACTGTTAAGTATAACAGAAAGGTCAGAGCTGGCAGAGGTTTCACCTTGGCTGAAGTTAAGGCCGCTGGTTTGACTGCTGCTTATGCCAG

>nucleosomal\_sequence\_1224

AAGTTTCACCGATACACAAGATGACACCGACACCTTGACCTAAAGCGAACTTGGTCTTGTCAGCAATGAACTTGTCATCTTCGTGGAAGTAAGATCTTCTTTCGGAGTGACCCAAAATAACCCACTTAGCACCAACATCCTTGATTTGGT

>nucleosomal\_sequence\_1225

ACCGGCATTCGTTGCCAAATCTGCAGCAACCAATTTAGTTTCCATACCACCGGTCCCAACGTCAGAACCTGAACCACCAGCAGTATTCACACCGGGCAAACCCTTTGAGAGATCTGGGACAACTAAGATCGGCATGGCATCTGGGTTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1226

TTGCCAGGGGAATGAAGCGATTAGTACTAGTCAATGCCTTTTCTCCAAACTGACCTTGTGGAGAAGCCTGTAGTTCAGACCCGCTCTGAGAATTGCTGCCATCTACGAAAGGACGAGGATACTCTTGCGTTTGTGTATGTTCCGCAGATG

>nucleosomal\_sequence\_1227

ATGGTCTAACAGGTAGCGAACTGATGGACAGAATGAGAGAACAATCCACGAAGTTTGGCACTGAAATTATCACGGAAACAGTTTCCAAAGTTGATCTGTCTTCCAAACCATTCAAGCTATGGACCGAATTTAACGAAGACGCAGAACCTG

>nucleosomal\_sequence\_1228

GTGCTAATGCTTTACTCCAAGAAATTGGTGGTCCTCTAGATCCAAGTGAGTTAACACAAATCAAGAAGGGTGATTTAGTGAATGAGAATGAAGACTTGGAAGAGTTGGACATAGAGGAAGAATATTCTGACTAATAGTCTTCTAATTTAA

>nucleosomal\_sequence\_1229

TCTATTCCTAGTATGCAGGCACCATTTTATGGTATGACACCAGGCGCCTCTGCAAATGCTCTACCTCCAAAGCCGTACGTTCCAGCAACCACCACTAGTGCTCCTGTTCATACAGAAGGTAAATATGCGCCACCAAGCCAACCTTCGATG

>nucleosomal\_sequence\_1230

AGTGTCCATATAAAGGGTGTGACAAGATTCTTAGAAAGAATAAGTTCAAGACCCAAATATTCGATGATGTGGAAGTTGAGAAAGAAGTTGACATCAGGAAGAGAGTGTTCAATGTGTTCAACAAAACTATCGATGACTTCAATGGTGACC

>nucleosomal\_sequence\_1231

GTTAGATCAAGAGCAAACTACGATCTGGTCCTTTATGTCTACAACAAAGTTTCTGACTGTGTGAGACCAATCACAGTTCATATAGGTCCCGACGGCAGGTTGGGTTGCAACGTTGGATACGGGTTTCTTCACAGGATTCCAACAGTAAAG

>nucleosomal\_sequence\_1232

ACAAGTTTTCGGTATTGCGTTCTCCATTATGGGTCTATTGCCCTCCATTGCATCTGTGATGGGTGGTGGGCTCGGTGGTGGTCCAGCAACATTAGTGTGGGGTTGGTTCGTTGCTGCGTTTTTCATTTTACTGGTGGGTATTACCATGGC

>nucleosomal\_sequence\_1233

CATGGTTTAAACTCGATAAAAGATTTGAAGGTTCCTTCCGACTCTTCTGGACCTGTCGGTGTATGCACATATGATGATCATCGTGTGGCCATGAGTTTCTCGCTTCTTGCAGGAATGGTAAATTCTCAAAATGAACGTGACGAAGTTGCT

>nucleosomal\_sequence\_1234

CATTAGTTGAAATTAGAGAGGCCAGTTCTAAACTTTTAATGTCTATTTCTTGTGTGGCTGACCTTGAAGTCCGAACCGGAGCCGGTTGTGACACAGGATTGGATGGAGATGATGGTATTTGATGAAATTTGGAAGATGGAAGCAAGGAAT

>nucleosomal\_sequence\_1235

AACCTCCTTACGTCGAAGATATGCAGATTGGGGCTCTTGAATCTTTGAGCCTTCCTCCATGTCGGTCTGCACTGAAACGCTGACCATGGTTGCCTTAGCGTGCACCTCTGTGGGATGGTGGCCCATCGTCTCGCTCCCAGGGAACAAGCT

>nucleosomal\_sequence\_1236

TCCAGTACCGGATCTAGCAACAAAGAGAATGCAATAACATCAAGCTCTGAAACCACCACAATGGCTGGCCAATATGGTGAAAGTGGAAGCACAACAATAATGGATGAACAAGAAACTGGTACGTCCAGCCAGTATATTAGTGTGACGACG

>nucleosomal\_sequence\_1237

GTGTCCAATTGCTATCCTCTTACATCACTGAGGAACTAGGTATTCAATGTGGTGCTCTATCTGGTGCTAACATTGCCACCGAAGTCGCTCAAGAACACTGGTCTGAAACAACAGTTGCTTACCACATTCCAAAGGATTTCAGAGGCGAGG

>nucleosomal\_sequence\_1238

AATGTACATATGGCTAATAGACCTTAATAGTGATACTCTGTTGGTTTTTGGCCTGCTGTGTTGGGGAAACCGCATTGCAGTAACGACTTGTCCACAAGATGAGGATCTTCAGTGAGGTTCTCTAGTTTTTCTCTGTCTTTAACGAGGATC

>nucleosomal\_sequence\_1239

TGCTCTATCTGTGTTACGCCCACAAACCGGTATGCTCTTAAACAGTTCACCATTGAAGACTCCGTCCTTCACACCGTTGGGATTTGGCTTAATAGGTCAAAGAAGATGGAAATCAAGGGGTAACACCTATCAACCTAGTACATTGAAACG

>nucleosomal\_sequence\_1240

ATGTTCCGTACGCCGCCTTTGGAATCAGGGCCATTATTTAAGAGGCCATCTCTGTCATCTGAGTCCGCACACCACAGATCTTCTAGCTTACAGACGTCTAGATCCACTAATGCATTGTTGGAAGACGATTCCACGAAAGTGGATGCTACT

>nucleosomal\_sequence\_1241

CCTATCAATAGTTTCTAACTCATGTCAGTCTTGCGATCACAACCTCCTTCAGTTGTACCGCTACATCTGACAACATCCACCAGTCGCAAAACAGAACAGGAACCATCGCTATTGCACTCTGCAATAATTGAGCGACATCAAGACCGTTCG

>nucleosomal\_sequence\_1242

AATGCTCCAAGTTTAAGCAACTTTGCCTCTTTGATAAGCACTGGTCAATTCAATTCTTCTCAAACTCTTGCAAACAATTTGAGAGCGGACACACCAAGAAACCAAGTAAGTGGAAACTTTAAGGAAAACGAATACGAAGACAATGGCGAA

>nucleosomal\_sequence\_1243

CGAACAATCAAGAAAGGACTGTGAAGCTATATGTAAACTAGGTTTAAAGGCCAAGATCCTTACACACATTCGTTGTCACATGGACGATGCCAGAGTCGCCGTAGAGACTGGTGTCGACGGTGTCGATGTTGTTATCGGCACCTCCAAATT

>nucleosomal\_sequence\_1244

TTGAATGGTGATGCTTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGCTGCTCCAACTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCATCTGCTGCCCCAACTTCTTCTGCTGCCTCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1245

TCCATGGTACTCCTCTAGATTGGAACCAGCTTTGAAGTCTTTGAATGGTGATGCTTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGCTGCTCCAACTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCATCTGCTGCCCCAACTTCTTCTGCTGCCTCAAGCTC

>nucleosomal\_sequence\_1246

CACAATCAATGCTCGCCTTCAAGGTACTAAGATGTTGCCTCCAAACTTGACTGCTCCAAGGTTAGAAAGAGAACACTCCTCTGTCCTTGACCAACTTGTCACAGACGCACAAGATACAGTCGACCGGTTTGTAGCCTGTGACAGTGATAG

>nucleosomal\_sequence\_1247

TTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCTCCAAGCTCCACTGAAGCTAAGATAACTTCTGCTGCTCCAAGCTCCACTGGTGCCAAGACCTCTGCCATCTCTCAAATTACCGATGGTCAAATCCAAGCTACCAA

>nucleosomal\_sequence\_1248

GTAGTGACAACGTTGGCAAAGCGAAGGTACCACCAAAGCAGGAGCCACAGAAGACTGTGAGAACAGTCAACACAGCAAATCAACAAGAAAAGCAACAACAGAGGCAGCAGCAGCCGTCTCCGCATAATGTTAAGGACCGCAAGGAGCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1249

TCTTCTGCTGCCTCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1250

GCTTCCTGCGGATGAGGAAGCTGAATTACAAAGAAGGCTTCAACTGGGGTTGAGAGTGTCTCCAAGACGTAGAGAACATCTTCACGCACCTGAGGAAGGTTCGTCGGGACCTCTTACCGAGGTCGGTACTCCAAGATTACCTAACGTATC

>nucleosomal\_sequence\_1251

CTAAGGGACAATTTAACCTTATGGACTTCAGACATGTCCGAGTCCGGTCAAGCTGAAGACCAACAACAACAACAACAACATCAGCAACAGCAGCCACCTGCTGCCGCCGAAGGTGAAGCACCAAAGTAAGTATTCTGATAAATCTAAAGA

>nucleosomal\_sequence\_1252

CTTAGCCATTAATTCTTGGACACCTTTACCTTTAGCAGACTTGATGGTGTCATCTTCAAATAAGCGTGGGGAGTCCTCGATGTGGAAGTGACGTTGAGTCTCGGTGCAAGCACCGTTAATACCACTGGAGGCCTTGATAGAGTTCCCACC

>nucleosomal\_sequence\_1253

GTCTTCTTCTGCTGCTCCAAGCTCCACTGAAGCTAAGATAACTTCTGCTGCTCCAAGCTCCACTGGTGCCAAGACCTCTGCCATCTCTCAAATTACCGATGGTCAAATCCAAGCTACCAAGGCTGTTTCTGAGCAAACTGAAAACGGTGC

>nucleosomal\_sequence\_1254

TGGTGAAGGAGTGAGAGTTTGACCTTGGCTTTAGAGTCTTATGATGGGGATGGTGGTGTAGGTGTTGATGAGGATGATGAGGGAGTGCGGCCGGCAGCGTGGGAGGAGCGAACGGCATGGAAGAAGCAGCGTTTGAGACAATCGTAGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1255

AAGAACGGCAGCACTCCTGACACGCAGACCGCCAGCGCTGGTAGTGACAACGTTGGCAAAGCGAAGGTACCACCAAAGCAGGAGCCACAGAAGACTGTGAGAACAGTCAACACAGCAAATCAACAAGAAAAGCAACAACAGAGGCAGCAG

>nucleosomal\_sequence\_1256

AACTAGAAGGTGTTGCAAACCCCATTATGAGTAAATTTTACGGAGCTGCAGGTGGTGCCCCAGGAGCAGGCCCAGTTCCGGGTGCTGGAGCAGGCCCCACTGGAGCACCAGACAACGGCCCAACGGTTGAAGAGGTTGATTAGATAAATA

>nucleosomal\_sequence\_1257

GAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGAAGCTAAGTCTTCTTCTGCTGCTCCAAGCTCCACTGAAGCTAAGATAACTTCTGCTGCTCCAAGCTCCACTGGTGCC

>nucleosomal\_sequence\_1258

CGATCAAGAAAGCTCTAATAATTCTTTCCTTAACACAGTTGGCACATCTGGAACCACCGTAAGCTCTGGAAACAGTCTTGTGGGTCTTGGAAACAGTGGCGTATTGTCTTGGTCTCAAAGTAGAGATACCTTGCAAAGCGCTACCACAGT

>nucleosomal\_sequence\_1259

CGTCTTCTGCATGCTTCCTGTCTTCTTCCTCACCACTAAGCCATGAGAAGAAGAGGAAGATTGTACTGAAGGTGATGGTGCAGAAGGAGAAGGAGAAGAGGATGGTTCTGATATGGCAGCCAATAAGTCCTTTCTCGAATCATTGCTGAA

>nucleosomal\_sequence\_1260

AGGTTGACTTTGCTGGTGTTAGCAAGATGTTGACCATGGTTCCATGGTACTCCTCTAGATTGGAACCAGCTTTGAAGTCTTTGAATGGTGATGCTTCTTCTTCTGCTGCCCCAAGCTCTTCTGCTGCTCCAACTTCTTCTGCTGCCCCAA

>nucleosomal\_sequence\_1261

GATGAGGCATGCAGGTTGGATTATGCTCTTATCGACCCTGATTTCTTGCAAACAGTAGACGCAGGTGTCAGGTTCACTGAACGGATCCCTCACCTGGACTGCAGTGTCTCTGACCATTTTGCATACTCATGCACCCTTAACATCGTCCCA

>nucleosomal\_sequence\_1262

CTGGTTTAGTCTCAGCTAATTTCTTCAAATTGTTAGATAAGGCAGAAACAATTTCGAAACCTGGAGGCAACTTCCCAGACGATCTGTGAGTTCTTGCCACAGAGTGGCCACCCAATTGAGCCAATAGGTCCAATTTCAAATCAAATTCGT

>nucleosomal\_sequence\_1263

TGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGGTTGTTTGGTGAGACAAAGTCACCCTTTGAGTCCACCAGCTCCGAGCCATCTCCCTCTTCAGACCAGTCTACAGTGACTTTATTGTTCAAAGTGGAGTCAATG

>nucleosomal\_sequence\_1264

GCCTGTGTTCATTAGACACAGAACTCCTCATGAAATTCAGGAAGCCAACAGTGTGGATATGTCCGCTTTGAAGGACCCACAGACCGATGCTGACAGAGTCAAAGACCCTCAATGGTTAATTATGCTGGGTATTTGTACTCACTTAGGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1265

ACCACAGCCCCAAAGTTTTACTGCGTGAGACCAAACGCCGCAGTTGTTGCTCCAGGTGAAACAATCCAGGTTCAAGTTATCTTCCTGGGTTTGACTGAAGAGCCTGCCGCAGACTTTAAGTGCCGTGACAAGTTCCTGGTTATCACGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1266

AGCTGGATTACCATCTCTAATGCCAACTTCCATGCATATAGCTCAGGCCCCACCGTGTGCAGCTCCGTGCTTCGCAGCTCCTGCAGAGCATCCTCGGGGATTGGGAACCTCTCATTTAGCAAGTAATTCACATAACACAGATTTAGAAAC

>nucleosomal\_sequence\_1267

GAATGAATCCATACTTCTCCTCATCATTAGACCGAACGATGGGGTCTTGGTTCAAAGAATTGGTGAAGGAGTGAGAGTTTGACCTTGGCTTTAGAGTCTTATGATGGGGATGGTGGTGTAGGTGTTGATGAGGATGATGAGGGAGTGCGG

>nucleosomal\_sequence\_1268

TGGATACGGTGATGTTCAGTACTGGTATACTGGCGGTTCTCAGGTCGCTGAAGCTTCAGGGTCAGTATGTGGGGGTGATGATCACGGCGTCGCACAACCCATACCAGGACAACGGGGTCAAGATCGTGGAACCAGACGGATCGATGCTTT

>nucleosomal\_sequence\_1269

TGAGTGTAAACGTGAGCCCTGTAATCACATAGAATAGAGTATGGAGGTTGCATCAAGTGAGTTCTGATGGCAATCTGGTTGGACAAAGTCCCAGAGACACAGAACAAACCTGCTTCTTTGCCAGCCATGCGGGCAACGGTCTGTTCGAGC

>nucleosomal\_sequence\_1270

TGGCATCTGCAGTTAAATCAACAGTTTGTTCCTTACTATTTGTTCCAGGTTTCGTTGTCGGCGGTGCTGCGTCAAGCATCGGGGAAGCACTCGGAGTGTTTGCTGTTTGTGAAAGAACGTCCATTGTGTGCAATTCTTCAACATTATTCG

>nucleosomal\_sequence\_1271

AGTGATGTCAACTGGAAACATCATAGCTCTTCCTTTCTTGCCTTCCACAGTGCCCTGTTGCTGTTCTTGTTGCTGTTGAAAGCCTTGATTTTGAAGTGAGTCAGGCTGCTGAGATGGTTGATAATCCATTTTTTGCAAGGTATTTCCTGT

>nucleosomal\_sequence\_1272

TAAAGGAATCCATTAAATTACGTCCTAGTGAAGATAATTTACAACTGGACGGTGTTGACAAGATTGCTGTGTTACATGGTGGTACAAAGGCATTACAAGTAACACCTCCTGAACATAAATCGGATATCCCTCCTCCACCTGATGGAGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1273

AGAATAGAGTATGGAGGTTGCATCAAGTGAGTTCTGATGGCAATCTGGTTGGACAAAGTCCCAGAGACACAGAACAAACCTGCTTCTTTGCCAGCCATGCGGGCAACGGTCTGTTCGAGCCTAACGGTGTCAACATCTTCACCGTAGACA

>nucleosomal\_sequence\_1274

GCTTCCGCCACTGACGACTCCTACACTACTTTGTACTCTGAGGTTGACTTTGCTGGTGTTAGCAAGATGTTGACCATGGTTCCATGGTACTCCTCTAGATTGGAACCAGCTTTGAAGTCTTTGAATGGTGATGCTTCTTCTTCTGCTGCC

>nucleosomal\_sequence\_1275

GTACTGCTTGGAGGGTGGAAATACGGAGCTTTTTCTCTTATCTCTGTTGTTGTCTTCCCCTCTGTGGTGACTGTGTCCCTGGCCATGGTGATGGTGGGAATGCATGTATGGAGAAGCACCGCTTGTCGAGTTTCGAATAGTTTGAGAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1276

CAGTTGTTGCTCCAGGTGAAACAATCCAGGTTCAAGTTATCTTCCTGGGTTTGACTGAAGAGCCTGCCGCAGACTTTAAGTGCCGTGACAAGTTCCTGGTTATCACGTTGCCTTCTCCTTACGACCTCAATGGCAAGGCTGTTGCAGATG

>nucleosomal\_sequence\_1277

CTTCCTGGGTTTGACTGAAGAGCCTGCCGCAGACTTTAAGTGCCGTGACAAGTTCCTGGTTATCACGTTGCCTTCTCCTTACGACCTCAATGGCAAGGCTGTTGCAGATGTTTGGTCCGACTTGGAGGCTGAGTTCAAGCAACAGGCTAT

>nucleosomal\_sequence\_1278

AGACTTTAAGTGCCGTGACAAGTTCCTGGTTATCACGTTGCCTTCTCCTTACGACCTCAATGGCAAGGCTGTTGCAGATGTTTGGTCCGACTTGGAGGCTGAGTTCAAGCAACAGGCTATCTCTAAAAAGATAAAAGTCAAATATTTGAT

>nucleosomal\_sequence\_1279

ATGAGGGATCTGGCTTGGACCCACATAAGGGAGCTACCACATCTTCCACCCAAAAGAGTTCTTCCTCAACTGCAACCTCTTCCTCCAAAACGTCATCCGATCACAGCAGTTCAACTAAGAAGAGTAGTAAGACTAGTTCCACCGCTTCAT

>nucleosomal\_sequence\_1280

GGTACCGTTCTTTCCTCCACGAGGGCTGTTTGGTATGGTAAGGTCAGTGCTAGAATAAAGACGTCACATCTTGCTGGTGTGGTCACTGGGTTCATTCTGTATTCCGGCGCAGGTGATGAACTTGATTACGAATTCGTCGGTGCTGATCTA

>nucleosomal\_sequence\_1281

TTCCAACAATTCAGACCAAACCATTGCATTTAAGGTCAAGACCACAGCCCCAAAGTTTTACTGCGTGAGACCAAACGCCGCAGTTGTTGCTCCAGGTGAAACAATCCAGGTTCAAGTTATCTTCCTGGGTTTGACTGAAGAGCCTGCCGC

>nucleosomal\_sequence\_1282

TTGTCTGTTGCTTATAAGAACGTTATTGGTGCTCGTCGTGCCTCTTGGAGAATTGTTTCTTCTATTGAGCAAAAGGAGGAGTCCAAGGAGAAGTCCGAACACCAGGTCGAGTTGATTTGTTCGTACCGTTCGAAGATTGAGACCGAACTA

>nucleosomal\_sequence\_1283

TGCAATAATGAACAGTCACATGCACGCCCCATACGCCAAGCAGGGTGATGCCGCCTACTTGTGCCACAGATCTTGTCAGGCCTGGGATTTCAGCAGGCTCATTAAGCTTTACAGGCAGGCCGGTTATGCGGTGATTGTGGTGGGTGACTT

>nucleosomal\_sequence\_1284

CGTAAGCAATCACGTACCTCAACATATTTCTTTCGCAGCACGCCACGCCTTTCGGTGCCAACTTGGAATGAAGTCTGACCTGTTCAATGGTTTTGAGATTTACTGGGTCAACAGTTATCCATTTCTTAGAGAATTTGTCCCACACTTCAC

>nucleosomal\_sequence\_1285

GGTACAAAGGCATTACAAGTAACACCTCCTGAACATAAATCGGATATCCCTCCTCCACCTGATGGAGGTGCCTTAGCCATCGTCACCAAAACTGGCTTTGAAACATCTCAGGGTTCTTTAGTTCGAGTTATGATTTACTCCGCTGAACGT

>nucleosomal\_sequence\_1286

CGTACTGCGCTGCGGAAGTGTGGATGAGTGGCATATACACTCTTCTGCAGAGGATTTTCGTACACAACGGTGTGTGTGTGCTGTGAAGCTGTCTGCTTCCTTACTTGGCTGTTTGCTTGCTTGTGCGTCATGGTCACTTTTGTTAGAAGT

>nucleosomal\_sequence\_1287

GTTGGTGACTTAGAACCTTCTGTTTCCGAAGCCCACTTATATGATATCTTCTCTCCAATCGGTTCAGTCTCCTCCATTCGTGTCTGTCGTGATGCCATCACTAAGACCTCTTTGGGCTATGCTTATGTTAACTTTAACGACCATGAAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1288

ATTGAAGACCCCCTTCTGATTCCTTCCATGAATTTAAATCGTAGGGTTGAATGTTTCCCAGCCAGTCTGGTAAAGGTCTCCAGACGTTGGGGACAATGACGTCCTTGTCGTGATGCATTAGATCCTCCATGATGGTAGTGGGGATGGTTT

>nucleosomal\_sequence\_1289

GATGTTGCCTCCAAACTTGACTGCTCCAAGGTTAGAAAGAGAACACTCCTCTGTCCTTGACCAACTTGTCACAGACGCACAAGATACAGTCGACCGGTTTGTAGCCTGTGACAGTGATAGCAGTAGCACTATTGAATGAGTTAACGGGCA

>nucleosomal\_sequence\_1290

ACGAACCCAAGGAGGAAAATAAGGACGTTCAAAAGCCCTCTGATGGACCTTCTGCTACTGCTTCAGAGAACGAACAAGCTGCTGCTTCCACTGCTGCTCCCGCTTTGTCACCAGAAGAAATTAAGGCCAAAGCATTGGATCTTTTAAATA

>nucleosomal\_sequence\_1291

CCCACCAGGATAGGTCATGTTCGTACCATGGCAACTTTAAAAACAACTGATAAGAAGGCCCCTGAGGACATCGAGGGCTCGGACACAGTGCAAATTGAGTTGCCTGAATCTTCCTTCGAGTCGTATATGCTAGAGCCTCCAGACTTGTCT

>nucleosomal\_sequence\_1292

CAAGATGACGAACAGAACGCTGGTGAAGACGATAACGATATAATGTCACCGCTTCCTGCGGATGAGGAAGCTGAATTACAAAGAAGGCTTCAACTGGGGTTGAGAGTGTCTCCAAGACGTAGAGAACATCTTCACGCACCTGAGGAAGGT

>nucleosomal\_sequence\_1293

GTCCTTGTCGTGATGCATTAGATCCTCCATGATGGTAGTGGGGATGGTTTCGACATCCACGTCTCTCCAGTAAACCCAGGAGTGGTATGGTTTCAGGGCCACGGACCCAAGCCAATTACGAGCCCTGGCCATCAGCTTTCTTCTGGGGCC

>nucleosomal\_sequence\_1294

TACGCCTTGCCAAAGACTTACAACAAGTTGCACTACTGTGTCTCCTGTGCTATTCACGCCAGAATTGTTAGAGTTAGATCCAGAGAAGACAGAAAGAACAGAGCTCCTCCACAAAGACCAAGATTTAACAGGGATAACAAAGTTTCTCCA

>nucleosomal\_sequence\_1295

TATTGAAGTGGCTACCGCATTGTCCAAATACATCAATGAAGGTAACTCTGTCGGTTCAGTCAACTTCCCAGAAGTGGCATTGAAATCATTGTCTTACGACCAAGAGAACACTGTGCGTGTGTTATACATTCACCAAAATGTACCAGGTGT

>nucleosomal\_sequence\_1296

ATCGAATAATAACAAAAGTATTAACAACAGTAATGCTGATTCTGCTCCTCCGTTGAGGTTGCACAATCCAGTTTCGTACTCTCCTTCGAATGAACCCATACAACCTTCAAGCAGTCTATTGAGTCAATTGACACAGGACACCGATAATCG

>nucleosomal\_sequence\_1297

TCTCCTGTGCTATTCACGCCAGAATTGTTAGAGTTAGATCCAGAGAAGACAGAAAGAACAGAGCTCCTCCACAAAGACCAAGATTTAACAGGGATAACAAAGTTTCTCCAGCAGCTGCCGCAAAGAAAGCTTTGTAAATATGATGAGAGA

>nucleosomal\_sequence\_1298

AAGGAGAAGGTTGAAATTTCTAAGGAGATCAGATCCATTTTCCAGATTGGAGGAAGGTGAACTTGGAACAGACGTAGATGGCTTCAAAGATGTGTACAGGATGAAGAGTAGCAGTATGTTTGATCTTGGTAAGAGTTCAGCCACAATGCA

>nucleosomal\_sequence\_1299

CGATGAGGTAGGAAAAGTTGGTGTTCATTTGGCGTTGAATACTTCTGGGAAAGACAAGGTTCAGTTTGTCTCCAGCAAGGACATTCTTGACATCTCAGCTTCTCTGGAGAAGATTGCTACCTAAATCAACCAACGGCTTCTTCTCGCAGC

>nucleosomal\_sequence\_1300

AACTGAAACCTACCCAATTGAAGTTGCTGAGGCCGTTTTCAACTACGGTGACTTCACCACCATGTTGACTGGTATTGCCCCAGACCAAGTGACCAGAATGATCACCGGTGTTCCATGGTACTCCAGCAGATTAAAGCCAGCCATTTCCAG

>nucleosomal\_sequence\_1301

TTGATGGTGTCATCTTCAAATAAGCGTGGGGAGTCCTCGATGTGGAAGTGACGTTGAGTCTCGGTGCAAGCACCGTTAATACCACTGGAGGCCTTGATAGAGTTCCCACCGATCGAGGAAGCCTTTTCGAGGATGGTTACAGGGATGTTA

>nucleosomal\_sequence\_1302

GGTTTGGATCCAAGTCAGAGTAACAGAAATGAGAGTGTATTTGAGTCTTGTTAGCAACACCAGAAGTAGCAACTCTGAAAGCTTCGGCAGCCCAGGTGTAGTAAGCAGATCTCTCAGTACCTTCTCTCAATGGTAAACCTTCTCTTAAAG

>nucleosomal\_sequence\_1303

AAGACCCAGTAACGTACACTTTATTACCCCCCTGTTGCCAAGTGATGTCAACTGGAAACATCATAGCTCTTCCTTTCTTGCCTTCCACAGTGCCCTGTTGCTGTTCTTGTTGCTGTTGAAAGCCTTGATTTTGAAGTGAGTCAGGCTGCT

>nucleosomal\_sequence\_1304

TGCCGATGTGCTTGACCTCGTCACTCGAGGCTCTTCTTTACCGGGAGTGCTTGCATCTTTCGTTGAAGAATGTGCACTCAAGACCTCAGATGTGGAGTGTGGCCTCATTGGATTGGACTGTTTATTACTACAAACCAAGGGATATTGATG

>nucleosomal\_sequence\_1305

AAGAGAAACGAATACCAATTGTTGGACATTGATGACGGTTTCTTGTCTTTGATGAACATGGACGGTGACACTAAGGATGATGTCAAGGCTCCAGAAGGTGAATTGGGTGACAGTTTGCAAACTGCTTTTGATGAAGGTAAGGACTTGATG

>nucleosomal\_sequence\_1306

CAGTATGCCAGCTGGTGTTTTGGATATCGGTATGGCTTTAGCTTCCGCCACTGACGACTCCTACACTACTTTGTACTCTGAGGTTGACTTTGCTGGTGTTAGCAAGATGTTGACCATGGTTCCATGGTACTCCTCTAGATTGGAACCAGC

>nucleosomal\_sequence\_1307

CCACCAAGACCTCTTAAGGATTCGGCAGCCAAGAATTTCCAGCTTGAGCTACGGTCATTTGGATCAATGAACCCAGTTGGATGAACTTGAATTTGGTCCATGTCAATCAGATCAGCGCCTAACTTCTGCAGAAGCCTTTGACCATCACCA

>nucleosomal\_sequence\_1308

TACATAAACATAGGAGAAGCAGGAGCGTTCATAATATTGATGACATTTCCTTAAATTTCGAGGCAACCTCCACACCACCAGCTCCGACCTCTGCTCCCTCAATTCCTGTTGAACATTCTAACCCATGTACTTCCATTGAAATACCTAAGA

>nucleosomal\_sequence\_1309

TGCTTGGTACCTGGCCATTACTAGAAGAAGAGAAACAATTAGTGTATTGGATTCGACAAGAGGCAAGCAAGGGAGCCAAGTTTTCCGCATGTCTGGAAGGCAGATCAAAGAGTTGTATTATAAAGTATGGAGCAACTTGCGTGAATCGAA

>nucleosomal\_sequence\_1310

GGCACATCTGGAACCACCGTAAGCTCTGGAAACAGTCTTGTGGGTCTTGGAAACAGTGGCGTATTGTCTTGGTCTCAAAGTAGAGATACCTTGCAAAGCGCTACCACAGTCACCACACTTTGGTCTGGTAGCTAACTTCTTGACATGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1311

TTCTTCGTCAAATGCGTTCTTTAGTGCATTTATACTGCCGATGGAACCAGGAATTCTGTACAATCCCACTTCATCTAGCCCACGCAGCTCAATCTCTTCCAGCAATTTCACAACAATTGTAGGTATCAAGGTATTCTCTCTTTCACAAAC

>nucleosomal\_sequence\_1312

CAGTCCACCTCTCAAATCTGTGGGGGCTATTTCAGACAAAAGCATTGGACACAACACCGAACAGCCACCAGCACCAAGACCGTAGATGATCTTACCGACAAAGTACTGGTACCATTTGTGATTTGAACTGATCTGAATAATTGCACCAAC

>nucleosomal\_sequence\_1313

AGAAAATACCGAACGTCATGTTCAGTTGGTACAATGAGACCAGTCCACCTCTCAAATCTGTGGGGGCTATTTCAGACAAAAGCATTGGACACAACACCGAACAGCCACCAGCACCAAGACCGTAGATGATCTTACCGACAAAGTACTGGT

>nucleosomal\_sequence\_1314

AAAGAACCAAGCCCTAAGCCTTCTCACAAGAGGAACCAAAGTAACAGCAGCATTTCTTCTGCATGGTCCAAGTTTAAGCACAAGTCTGCATCATCACCTGCTAATGCGGACACGGATATTCAAGATTCATCAACTCCATCAACTAGTCCA

>nucleosomal\_sequence\_1315

GTCAAATTAACTTCAATTGCCGCTGGTGTTGCCGCCATCGCTGCTACTGCTTCCGCAACCACCACTCTAGCTCAATCTGACGAAAGAGTCAACTTGGTTGAATTGGGTGTCTACGTATCTGATATCAGAGCTCATTTGGCTCAATACTAC

>nucleosomal\_sequence\_1316

AAACCTGCTGCATGAATGAAGATACATCCTGGCACACCGCTCTTGGTGCTCAGCTCTTCGTCTCTGAGGCCTCTTAATGGCTCCGGCAAACCTCTCCTAAACTGGAAGGAGGTGGAGTTGATTGGTACAGTAGATACCCTCCAGGCACCA

>nucleosomal\_sequence\_1317

CTATTCAAGGGATAGTGTTGTCACAGAGGAGATTCCAATGACTTTCATGCACGGTGAAGATGGAAGTCCTAGCGGATATCAGAAGCAAGAAACCTGGATGACTTCACCCAAGGAAACACAAGATCTTCTTCAATCGCCCCAATTTCAGCA

>nucleosomal\_sequence\_1318

ATGACTTCTTCTTATGCTCAGATGATGCTCTGTGAACTAAGTGCGCAGTCCTTCAAACCTTTCCACTCAGGTAATCTTGATAAAGTTTCCAAGATGGTCCATTCTCTGGGTCTCTTACATAAACAAACTTCACTCCGTATTTCTCCACTT

>nucleosomal\_sequence\_1319

GAGAGTGTATTTGAGTCTTGTTAGCAACACCAGAAGTAGCAACTCTGAAAGCTTCGGCAGCCCAGGTGTAGTAAGCAGATCTCTCAGTACCTTCTCTCAATGGTAAACCTTCTCTTAAAGCTGGTTCATCAACTTGGATAACCTTGATAC

>nucleosomal\_sequence\_1320

TAAACTCACTTGTCATTATTGAAAGTGAACGTGATCCAGAACCGCTTGTGGGGCTTCCTACAGAGGAAGGTGAACTTGGATCCCAAGTCACCGGCGAACTCGCTGGTGATGACATGCCGAAATTATGTCTGCTTGAATTCAGCTTGTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1321

ACTTCACCCAAGGAAACACAAGATCTTCTTCAATCGCCCCAATTTCAGCAGGCCCAAACGTTCGGAAGAGGCCCATCAACCAACGTCAGGTCATCCTTGGACCGCACAAGAGAACAGATGATCGCCACTAACCAACTAGATAACCGCTAC

>nucleosomal\_sequence\_1322

GCAAATTGCTCACCTGACATCACATTGATGGCAATATCCAAGTCGTGAGAACCTTGTCCCAGAAGCTTGTCACGCACCCATCCGCCCGTGATCCGAAGAGTCAATGGCTCAGGCTTATTGTGGTACTTTTGATTGTACAAGTCTGTATAA

>nucleosomal\_sequence\_1323

TAGAAGGCATAGCACTTTCCGACAACTTAGGAGGATCGAACTATTCAAGGGATAGTGTTGTCACAGAGGAGATTCCAATGACTTTCATGCACGGTGAAGATGGAAGTCCTAGCGGATATCAGAAGCAAGAAACCTGGATGACTTCACCCA

>nucleosomal\_sequence\_1324

ATATCTCCCACGGCTACGGCAAATACAAGCGGATCGCAACAGATCAATATCGACTCTGCCCTGAGAGACAGGTCGAGTAACGTTGCAGCACAACCATCATTGTCGGACGCTTCAAGTGGCAGCAACGACAAAGAACTGAAAGTGCTACTG

>nucleosomal\_sequence\_1325

AGACACAAATCAGCGAGGCAGTTGATCTCGGACGAAAACAAGCGGATCAACGCCTTGTTGACCAAGGCTAACAAAGCTGCAGAGAGTTCTACTGCTGCTAGGCGACTTGTGCCCAAAGCGACGTACTTTAGCGTGGAAGCGCCACCGTCT

>nucleosomal\_sequence\_1326

TAGCTGGACTTCTGAATTAGTTTCATTACCAAATATCATCTTGACACCACACATTGGTGGCTCTACCGAAGAAGCCCAAAGCTCAATCGGTATTGAAGTGGCTACCGCATTGTCCAAATACATCAATGAAGGTAACTCTGTCGGTTCAGT

>nucleosomal\_sequence\_1327

GCTGCTATGAAGGATGGCGCTTATGTTATTAATGCTTCAAGAGGTACTGTCGTGGACATTCCATCTTTGATCCAAGCCGTGAAAGCCAACAAAATTGCAGGTGCTGCTTTGGATGTTTATCCACATGAACCAGCTAAGAACGGTGAAGGT

>nucleosomal\_sequence\_1328

TCTTGACTACAGTAGTATAACTTTGTAGTTCGTTTATCAGACAGTGTAGGTCTGTTTGGTGACCTAGGGGGTGGAAGAACTGGTATCCTGTTATTATCTCCGAGTGCTGTCAATTCTTGTACTATGCCAGAGTCCTTAATTGAAGGTACA

>nucleosomal\_sequence\_1329

CAATGGATACAATTCTTTACTTTTCTCATCTTTCAATGGTATTGACCCACGTCTGTGGTGTGTTTGTGAAGCTTCAACGTCGTGAAAGAGGGTTGTGACCGGCTCATTGTACATATGCTTCTCCTCTATGTCGGCGTCTTCTTTTGAATT

>nucleosomal\_sequence\_1330

GTTGACAAATCTTCTACCGGTAATAGGGTTTAATAGGATACCACCAAGACCTCTTAAGGATTCGGCAGCCAAGAATTTCCAGCTTGAGCTACGGTCATTTGGATCAATGAACCCAGTTGGATGAACTTGAATTTGGTCCATGTCAATCAG

>nucleosomal\_sequence\_1331

CCGTTTGCTAAATATCCAAATCTTTGAAACTATTTATCATGCCTCCATGGAAGCTTCTTGTGAACTAGCTCAGAAGGACGGTCCATACGAAACTTTCCAAGGATCTCCTGCTTCTCAAGGTATACTACAGTTTGATATGTGGGACCAAAA

>nucleosomal\_sequence\_1332

TCTCTGAGGCCTCTTAATGGCTCCGGCAAACCTCTCCTAAACTGGAAGGAGGTGGAGTTGATTGGTACAGTAGATACCCTCCAGGCACCAGAAGAGTCTGTGAAGAGAACAAACTCGATTTGCTTTTCAATGTTCTTCTCTCTTTCCAGC

>nucleosomal\_sequence\_1333

CTGCTTCCCCAAATGGCGATGTCTTAGTCATGATCACTGGTGATCTGTTGATTGACGAAGAACAAAATCCACAGCGTTTCTCTCAAGTGTTCCATTTGATTCCTGATGGAAACTCTTACTACGTGTTTAACGATATCTTCCGTTTGAATT

>nucleosomal\_sequence\_1334

ACCTGGATCTTCTTCAAGTGCTCTAAAGAGAGATAAATCATCATCACCATCTTCCTCAGAAGTATTCTCAAGAGCTCGCTCTCCAATGATTTCGACTACGGCCTCTGGGCTGTCATGGCGGTTATCTGTGACGATATTTTGTGTTCTCGA

>nucleosomal\_sequence\_1335

AAGACCTCTGCCATCTCTCAAATTACCGATGGTCAAATCCAAGCTACCAAGGCTGTTTCTGAGCAAACTGAAAACGGTGCTGCTAAGGCCTTTGTTGGTATGGGTGCTGGTGTTGTCGCAGCTGCCGCTATGTTGTTATAAGTTATTGGT

>nucleosomal\_sequence\_1336

AACGATGACGAGGACGAAGAAGAAGGAGCCGGCGATGATATTGAAGAGTTTATGAACGAAGAGTTCGCAGCATCAGTAGTGGTAGAGAGAGAAGATGGCACAGAAGCAGTCAAAGGCAATTTGTTTAAATACACGGTAGACCATTCATCC

>nucleosomal\_sequence\_1337

TGATATACTACTGGGTGAAGATTTGGCTATAATGTAAGATTGAAGAGGGTGTGAGGCTCTCCGAATGGATGAAAAGCCGTCATCTACCGAACTATTCGTGGTGGTTCCCACTGTGGAAGCTCGCCTATAAACTAAAGGTGTATTGGAAAG

>nucleosomal\_sequence\_1338

TAGTCAACATGACGTGTTCCGTTCTTATGTTCGAGCTAATGCCTCGTCTGCTCTTCCACGTTCAGATGTTCCCTTGATTGCTCAAAACACTCTCAGCAGGCCGAGATTTCGATTTTAGCCAGCAGTACGGAAGTAATCCGAGCCATGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1339

CGCCTTGTTGACCAAGGCTAACAAAGCTGCAGAGAGTTCTACTGCTGCTAGGCGACTTGTGCCCAAAGCGACGTACTTTAGCGTGGAAGCGCCACCGTCTATCAGGCCTGCCAAGAAGTACTGCGATGTTACTGGGTTGAAGGGCTTCTA

>nucleosomal\_sequence\_1340

ATTGGTTGTGCCTCTGCAATTATCTTCACCTCATTAGGTGCTGCTTACGGTACTGCTAAGTCTGGTGTTGGTATCTGTGCCACTTGTGTGTTGAGACCAGACCTATTATTCAAGAACATTGTTCCTGTTATTATGGCTGGTATCATTGCC

>nucleosomal\_sequence\_1341

TCAAGAAGGCAGTTTGCCTTATAATATCCTCATACGGGATTAGTGTGGCCACTCTTCCTGGGTTTGCAGGTGTACCCCTATGATCAGTGGAACTTTGCCAGAACCGACGAGCAAAACCGTGAATTATTGCCGGTATTCTATGCGTGTAAT

>nucleosomal\_sequence\_1342

TTGGCCTTACAGCCACGGTCATTACATAAAGCAGTCATGAACAAACAACTCAACTTCTCACCACATGACATCACCAGATCTACTGTACGTGAACTCACTTCACCCAAAACTTTTGAAGCATTTAAATATTTCTTGACCAGTTCAAGTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1343

TCTTTCAAGCTTCGTGGTGCCTATAACATGATTGCCAAGTTGGACGATTCTCAAAGAAACCAGGGTGTTATTGCCTGTTCAGCTGGGAATCATGCCCAAGGTGTGGCCTTTGCTGCTAAACACTTGAAAATACCTGCTACTATCGTTATG

>nucleosomal\_sequence\_1344

GCACAATCCAGTTTCGTACTCTCCTTCGAATGAACCCATACAACCTTCAAGCAGTCTATTGAGTCAATTGACACAGGACACCGATAATCGATCAATGCTCTCCAATCACATCTCATCGAACAACGAAAACAAGCAACAGCCTTCTTCATA

>nucleosomal\_sequence\_1345

GATGAACTGCTCGAAACGGATACTGTCCTTGAAATTTCCATGTCTCCTGTGTTTACAGAAGGCATGATTCTTCGCAGAGGACTTAAGTCTGTTGGCGGTCTTGAAAAGCTCTTTGATGGATGTGAAGTTTGAGAAAGAAGCGAAGCACTG

>nucleosomal\_sequence\_1346

TAGTAGAAATGAAGAAAGCGTCTTCGGCAGATAAGTTCTCTACGGATTGAAGTTGTGCCTGCTGGACGTTTTCCTTGTGGAAATCGATCTCTTCTTGAGGGGCACCTCTCTTGAAGACTATAATGTAGCGGTTGGGGATGATCTTGGAGA

>nucleosomal\_sequence\_1347

TAGGCAAACGAACTTCTTCTGGATCTAACGAATACTTTAGGAATGAATCCATACTTCTCCTCATCATTAGACCGAACGATGGGGTCTTGGTTCAAAGAATTGGTGAAGGAGTGAGAGTTTGACCTTGGCTTTAGAGTCTTATGATGGGGA

>nucleosomal\_sequence\_1348

GTAGGGTTGAATGTTTCCCAGCCAGTCTGGTAAAGGTCTCCAGACGTTGGGGACAATGACGTCCTTGTCGTGATGCATTAGATCCTCCATGATGGTAGTGGGGATGGTTTCGACATCCACGTCTCTCCAGTAAACCCAGGAGTGGTATGG

>nucleosomal\_sequence\_1349

TCGGCAATGATATCGATGAAGAGGAAAGTGAATACGAAGAAGCTTTGTCGAAGAGGTCTCCACAGAAATCACCGAAAAAAAGACAAAGAGTCAGACAACCAGCAAGCAACTCTGGATCCCCAATCAAATCTACTCCAAGAAGGTCAACGG

>nucleosomal\_sequence\_1350

TGAGGAGTTCCTAGTATTTCTGGGAGTGGGGATAAAATTCTGTTGTGACGGAAGGTCCTCTAACGACTGTGAAGTCTTTCTAACATGGCCTCTGTAGGAAGCTCTCTGGTCAACGTTTGCGGGAGGCATCAATTGGTTATAAATGTTAGC

>nucleosomal\_sequence\_1351

TTTCTTAACCTTTCTTGTTTGAGTCAGTTTAGCATCTTCTAGAACAGGAGTGGGTAAGAATGAAGTTGTCGAGACTTCCAGATTGGATGGTACCAGAGAAACTTCTTCAGTGGATTCAATTGCCTTATCAGCCAATGAAACATCGTCAGT

>nucleosomal\_sequence\_1352

AAATTAAGCATATCTGACTGTTTATCTGTTTATCTGTTTATACACGGTGAACTGTCACGAGAACCCTTACTTGCACGATTAGCAGATTGTTCAGAGAGCCTCGCTCGTTGAAGTTCTTCTATATGCCAGCGTGTTTCATGTAGCAGGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1353

ACTTTCATGCACGGTGAAGATGGAAGTCCTAGCGGATATCAGAAGCAAGAAACCTGGATGACTTCACCCAAGGAAACACAAGATCTTCTTCAATCGCCCCAATTTCAGCAGGCCCAAACGTTCGGAAGAGGCCCATCAACCAACGTCAGG

>nucleosomal\_sequence\_1354

AACGAATGACTCACGTTATCAGGCTCATAGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGATTGTTGTTCTAGTCGCTTGCTTTATAAAGTAACGACACTTTCTGGTGCCAATATG

>nucleosomal\_sequence\_1355

AACCTATTGCATCCAAACCAGAAGTAATACAACCAGAATGTGGAGATGAGGAGCCAACAGGTGTGTATCCAGAAGGTTCAGCCACAGGTTGGTCATCAATACCACTGGGGGAGCATGCAATATAATCAGATGGTTGCGAGGAATAGCTAG

>nucleosomal\_sequence\_1356

GTAGAAACACTAGGTGTTTCCTGTGCACAGGGCGGTTCGTCGATGTTGAGGAAGTCCTGTGATCTTTCAAATGTGGGTGACGTGCTCACTTGGGGCGTGTTCAAGTGGGGATCTGTCATGAGGGTGAGTGTATGCGTGTGTGTGTGTGTT

>nucleosomal\_sequence\_1357

GGCGGTTCGTCGATGTTGAGGAAGTCCTGTGATCTTTCAAATGTGGGTGACGTGCTCACTTGGGGCGTGTTCAAGTGGGGATCTGTCATGAGGGTGAGTGTATGCGTGTGTGTGTGTGTTGCGTAGATGTGTGATTTACTATGTGTTATG

>nucleosomal\_sequence\_1358

GCCAAGAGTTTCTCTTCAATCTGTACTTGTGGAAAGCACGACCAGCCTTCAACAATGGTTTGTCAACTCTACCACCACCGGCAATGACACCGATGACACCTCTGGCATCAGAAGAGATAACCTTCTTGGCACCGGATGGTAATCTGACTC

>nucleosomal\_sequence\_1359

AGCCTGGTCTGCCTGTTGACGAGAACTCTTCTCATTGTTAACACCTGGTGGAGGACCTTTGGGTCTTGGCCATGTTGTTCCCCTTGGTGGTTCCCACTGAGAGCTGTTCGTAGATAAATCTACATAATACCAAGTCTGGTATTCATCATC

>nucleosomal\_sequence\_1360

TGGGCCCCTGCTTGCACTTGCGGTGTTGATTGAGAAGAATAAGGTGGAGGAGCCTGGTCTGCCTGTTGACGAGAACTCTTCTCATTGTTAACACCTGGTGGAGGACCTTTGGGTCTTGGCCATGTTGTTCCCCTTGGTGGTTCCCACTGA

>nucleosomal\_sequence\_1361

TGCTCCAACTGCACAACCTCCACCACTCCGCTGTGGAGGAAGGACCCCAAGGGTCTTCCCCTGTGCAATGCTTGCGGCCTCTTCCTCAAGCTCCACGGCGTCACAAGGCCTCTGTCGTTGAAGACTGACATCATTAAGAAGAGACAGAGG

>nucleosomal\_sequence\_1362

ACAGCACCTCTAGAGATGGTAGAAGCCTTACCAATATGTTGATGGTTACCACCACCGTGAGGGTGATCAACTGGATTCATGGCAACACCACGGGTCTTTGGCCAAGAGTTTCTCTTCAATCTGTACTTGTGGAAAGCACGACCAGCCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1363

ACACGAGTTGTCGTCGAGAACAGGATGTACTGATAGGACGTTTTCTCCACTGCCACCAATTGACATCTCAGTGCTCTTCAGCACCCTCTTTGGTTTGGGTTGTGGTGGTGGCAAACTGAAGCTTTCGTTACTATCAGAGGACTCTATTGT

>nucleosomal\_sequence\_1364

ATATCGATGAAGATGACGACATGTCATCTTACAACGACAAAGCAGCCTCGGTAGCGCACACCAGAGTCCTCAATTCCTTGCATCTGTCCACCGACAGCAATACCGCCCACGAGACGTCCAATGCAAACGACAACCACAACCCCTTCTACA

>nucleosomal\_sequence\_1365

TACTCCGCCTTCGAACACCTCATCCAATCCGGATATAAAATGCTCCAACTGCACAACCTCCACCACTCCGCTGTGGAGGAAGGACCCCAAGGGTCTTCCCCTGTGCAATGCTTGCGGCCTCTTCCTCAAGCTCCACGGCGTCACAAGGCC

>nucleosomal\_sequence\_1366

CCAATATGTTGATGGTTACCACCACCGTGAGGGTGATCAACTGGATTCATGGCAACACCACGGGTCTTTGGCCAAGAGTTTCTCTTCAATCTGTACTTGTGGAAAGCACGACCAGCCTTCAACAATGGTTTGTCAACTCTACCACCACCG

>nucleosomal\_sequence\_1367

GATATGAATATGACTATGAACATGAACCTTCACAACGCCTCAACCTCCTCCTTCAACAATGAAGCCTTCTGGAAGCCTTTGGACTCCGCAATAGATCATCATTCTGGAGACACAAATCCAAACTCAAACATGAACACCACTCCAAATGGC

>nucleosomal\_sequence\_1368

TTCACTATTATCGATTTGCCCCTCAAAGTAGCTGTCTTGGCCACACTGTCACAAATGTCCCCAATTGGGGTTTCAGATTGCAAAGTGACCAAAGCGGCAGTAATTTGGTGTGGAGCAAAAGGAATACACTTTCTCCTGTACACCTTGGAC

>nucleosomal\_sequence\_1369

GCAATGGCCTTCAAATGCATATCTCTACTATCGGCTAAAAAACGAATGACTCACGTTATCAGGCTCATAGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGATTGTTGTTCTAGTCG

>nucleosomal\_sequence\_1370

CTGAGGCTGTTGAGGCTGATAGTAACGAGGTTGCTGTGCTTGGGCCCCTGCTTGCACTTGCGGTGTTGATTGAGAAGAATAAGGTGGAGGAGCCTGGTCTGCCTGTTGACGAGAACTCTTCTCATTGTTAACACCTGGTGGAGGACCTTT

>nucleosomal\_sequence\_1371

CGAATAGCAAGGTAGCTTCCATCCTGTACATGCAAGACCGTCACACAGCATGTCATCGGAAGAACCCCATGCATCTATATCCTTTCCAGATGGCTCACATGTCCGGTCGTCCTCCACTGGTACTTCATCTGTGAACACAATCGATGCTAC

>nucleosomal\_sequence\_1372

ACACCCACACCCTAATTCTACCTCAACCCTACCCTAATCCAACCCTTCCATCCTGTCTCTCAACTTACCCTCCATTACCCTGCCTCCCCACTCGTTACCCTGCCTCCCCACCACCAACCCACAAATCCACCATAACAGTTACCCTCCAAT

>nucleosomal\_sequence\_1373

CTGTTCTTCTTCTGATAGCTTCTTGGATAGTTGACTGGTATCCGTTGCTTTCAATGGAGGAACTGAACCGTTTGCTTGACTTCCTTCGTCAAAATCTGAATCACTCTCTGTCTGTTCAAGATACAGATCTCTTAATTTCTGGATCTTCAT

>nucleosomal\_sequence\_1374

CGGTATGGACAATCTGAAGGCAGTGCAGGAAGATGAAGATGAAGGGGTGACAGTTTCGAGGGCCCTGAGGGGAATTCTACAGGAAATGTCTCAGGAAGGGACGCATCACTTGACAATAGCGTCGAACATAGAAAGTTTGGTGCTGCAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1375

AGTTTATGTTTATATACACCGGTGTAGGCTGTGCGTTGGTGTGAACACTTCCTGTTGCTGTTGCTGTTGAAGCCGTCTCCGCATGCAACTGTAGTCATACAGCCTCTTGTCTGCCCTTATTCAATTGACCAGCTAACAATAGCTTCGCTT

>nucleosomal\_sequence\_1376

CACAACGCCTCAACCTCCTCCTTCAACAATGAAGCCTTCTGGAAGCCTTTGGACTCCGCAATAGATCATCATTCTGGAGACACAAATCCAAACTCAAACATGAACACCACTCCAAATGGCAATCTGAGCCTGGATTGGTTGAATCTGAAT

>nucleosomal\_sequence\_1377

GGAAAGCACGACCAGCCTTCAACAATGGTTTGTCAACTCTACCACCACCGGCAATGACACCGATGACACCTCTGGCATCAGAAGAGATAACCTTCTTGGCACCGGATGGTAATCTGACTCTAGTCTTGTTTTCGTCTGGGTTGTGACCGA

>nucleosomal\_sequence\_1378

GAAATCGGTATGGGTATTCATAACGAGTCTGGTACCTATAAGTCTTCTCCGCTGCCATCGATTTCTGAGCTCGTTTCCCAGATGCTTCCTCTTCTTCTCGATGAGGATGAAGACCGTTCTTATGTGAAGTTTGAGCCCAAAGAGGACGTA

>nucleosomal\_sequence\_1379

ATTGTTTTAAATGAACCTTTCACTAAAGCAGTTCTTACGAACGGTTCGCTGAGAAACATTATCTGTTGTGATTCTGATCTCTCACTAGCTTCTTGCTGTTGAGACTGTGGTGTGGTAGATGTCAATTGCTGTGATTGCGGCGTAGACTTT

>nucleosomal\_sequence\_1380

GCTTTGTATCAAGAAACCCAAGATTACGTATAGGCTACTTCACTCAACATCATGTGGATTCTATGGATTTGACCACGTCTGCAGTGGACTGGATGTCCAAATCCTTCCCAGGTAAAACTGATGAAGAGTATAGACGTCATCTAGGTTCAT

>nucleosomal\_sequence\_1381

ACCCCTGCAAATAGACCTTTACTCTTAGAATAGGCAAAAACTGCAGCCACACCACCGGCGGAGGCTGATGCAGCTGCTTCTGCACTTCTACCAAGAGGCCCAGCAGAAACGGAGACGTTACCACCCAACGTGATGGTCCCAAATTCAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1382

CTGTAATCCATGTGGCAAGTCCACCGTAATTGTCTTTGCCCTGTTGACCTGAACACCCTCACCATGGCACTTGGTACAATTGTCCTGAGGCCGTTTCATGGTACCTTCACCGTTGCAAGTAGGACAAGTCGACATCATCTGAAATCCGCC

>nucleosomal\_sequence\_1383

GTCGACACGAATTCTCACCAAAATATCACCTCTTGATAACTTGACTGAATCTTTCAAGTCCGCCTCTACAGCGATGTCAGGGTATGAGCCTTGGCCAGGGATCCTGACCACGTCGCCGTCCTGTAATCCATGTGGCAAGTCCACCGTAAT

>nucleosomal\_sequence\_1384

AGCACCATCATGGATCAATTCTGTTCTGCACTTGTTTGGAGAGTTCAAGGACTTGAATTTGGCATCACAATGCTTCTGGACCAAAGAGGTCAGTTTCTCAGAATCCATGTCGGGGACGGTTCTAATGGAAAACTTACCGAAGACCTTAGC

>nucleosomal\_sequence\_1385

TGTCATCGGAAGAACCCCATGCATCTATATCCTTTCCAGATGGCTCACATGTCCGGTCGTCCTCCACTGGTACTTCATCTGTGAACACAATCGATGCTACCTTATCCAGACCGAACTATATTAAGAAACCGTCCCTGCACATTATGTCGA

>nucleosomal\_sequence\_1386

GTGAGAATACATGACCGAAGGAATGTTGTTATAGTTGACATGACCGTGACCAGTTTTCAACATTTCGACAGCTGCAATACCTTCCTCTTCGGCTTTGTGAGCCAGCATTGGACCAAATGTAACATCTCCTACCACTTTAATGTGTGGGAA

>nucleosomal\_sequence\_1387

TACTTCCTAGATGCTATATGTCCCTACGGCCTTGTCTAACACCATCCAGCATGCAATACAGTGACATATATATACCCACACACCCACACACACCACACCCACACACCCACACCCACACACCACACCCACACCACACCCACACACCACACC

>nucleosomal\_sequence\_1388

GGTATGAGCCTTGGCCAGGGATCCTGACCACGTCGCCGTCCTGTAATCCATGTGGCAAGTCCACCGTAATTGTCTTTGCCCTGTTGACCTGAACACCCTCACCATGGCACTTGGTACAATTGTCCTGAGGCCGTTTCATGGTACCTTCAC

>nucleosomal\_sequence\_1389

GTCTACCTATTAAATGACGATGACGTACAAAGTATAATGACCTCAGGTGAAGATTCTAAATTGTTCATTTCTACACCCCCACCACCACCGAAGATGGCCATCCCAGCAACAAAGCAAGGCGGATCGCTGGAAATCTCATTCGATTCGGAA

>nucleosomal\_sequence\_1390

TGATCTAGAAACTGGGGATGGCACGTTTGACTTAAACGAAGAGATCATTCCACTGAAGAACGAGGACGTCGAAGAAGTCCTTGATTGATCGTGCTTGATCTCTGTAGGGTGTTCATCGGCGGCACTTTGGTTTGTAATCACTACTAAATT

>nucleosomal\_sequence\_1391

CTCGTCTGCTGCCGCTTCCAGATCGCTATCTCCATTACTAAACGTTCCAGCACCAGAGGATGGCACGGAGAGAATCTTACCTCAGAGTGCTCTTGGTCCCAATAGTGGCTCTGTGCCAGGAGTACATAGTAACGTATCACCTGTTTTACT

>nucleosomal\_sequence\_1392

CACATTTGTTGGAAGGTAGTCAAAGAAGCCAAGATAGAACCACCAATCCAGACGGAGTACTTTCTTTCTGGAGGAGCAATGATCTTGACCTTCATGGAAGATGGAGCCAAAGCGGTGATTTCCTTTTGCATTCTTTCGGCAATACCTGGG

>nucleosomal\_sequence\_1393

GGTCTTTGGAATATCAGATTCTCGATCTACAACTTTCCTTAACAGTGGGTTTGCCATGTGTGCCCCAAAACCTGTGGCCAAGGTGGGAGACGAATACGTAACACCTAGAAGATTTACGTATCTTAGGAATTGATCACCATTAGACTGTAC

>nucleosomal\_sequence\_1394

ACCTTTGAAATTATCCAACATGATAACGTCTGCACCAGCTTCAATGGCCTCTGTGGCTTCATCTTCACTCAAACACTCCACTTCGATCTTCACAGCAAACCCGCACACGGCCCTGGCGTTCTTAACTGCGTTTGTTATAGAACCAGTAGC

>nucleosomal\_sequence\_1395

CCACAAACAGCTAATCTAGCAGCTCTGGTACCGATCAATTCACAAAGTCTTCTAATCAACTTACGTTCTGGCAGAGTGGTCTTGACACCAAAGTCCTTTTGGAAGATGTCATCAGTATCTTCCAAGTTTTCAAATGGATCATCCTCGATT

>nucleosomal\_sequence\_1396

AACGAATCTGCGCCATTACAACCGTTCCCTGAGAGGCCGATGGTGAGAGATACAGTGGTTCTTGAACCTAGTGGACATGTTGTCCTGAGATTTAGAGCTGACAACCCTGGTGTCTGGTATTTCCATTGTCATGTAGATTGGCACTTACAA

>nucleosomal\_sequence\_1397

TCAGATTCAGATTTGGATTCAGAGGACAATAAACATGGCAAAGGCGACAATGACACTGCCCCCATATGGTTACAAGATGATGTGCATTCAGACGAAGATATTCAGCTGGACTCAGAGGACGATTCCGATACAGAAGCTGTTCAAGCCCAA

>nucleosomal\_sequence\_1398

GATCTTTCAAATGTGGGTGACGTGCTCACTTGGGGCGTGTTCAAGTGGGGATCTGTCATGAGGGTGAGTGTATGCGTGTGTGTGTGTGTTGCGTAGATGTGTGATTTACTATGTGTTATGTAGCTGCTCTCATCGCTGCTGATAGTAGAT

>nucleosomal\_sequence\_1399

AGTATAATGACCTCAGGTGAAGATTCTAAATTGTTCATTTCTACACCCCCACCACCACCGAAGATGGCCATCCCAGCAACAAAGCAAGGCGGATCGCTGGAAATCTCATTCGATTCGGAAAACGATAGGGCTTTGCATTATCAAGATGAC

>nucleosomal\_sequence\_1400

TGTTGAAGGAGAACCGGATATGGTAGGCTTATGTATTTTCAACTTGCCACCAGATGTAGTGTTTGAAGCGTTACTCCCTGGAGTTGACACTGATCCGTCTGAGGATGACCCCATTAGTGACGCAGAAGAGGTTCTTCTGTGAACCCCAGG

>nucleosomal\_sequence\_1401

AGAATCCACAAGGGAACCGAGAACTTGCATTAAATCGATCATTGGTTCAGCAACAACACCACCAAAGATACCAGAGTGTAAATCTGCACTTGGACCCTCAATGATGGTTTGATAGTAGTTGCAACCTCTTAGACCATAAGTCAAAACAGG

>nucleosomal\_sequence\_1402

GCTCGTTTGAGGCGTTTTTGGCGATCCAGCCGTTCTTGAAAGCTCTAGCCTGACCGACCTTACCAACTTGAGGACCCAGTTTGGACATCACATCTTTGATTTGAAGTTGACCCAACTCTTGGATGAGCTTGACTAGTTTAATTTCGTACG

>nucleosomal\_sequence\_1403

GGGTGATCAACTGGATTCATGGCAACACCACGGGTCTTTGGCCAAGAGTTTCTCTTCAATCTGTACTTGTGGAAAGCACGACCAGCCTTCAACAATGGTTTGTCAACTCTACCACCACCGGCAATGACACCGATGACACCTCTGGCATCA

>nucleosomal\_sequence\_1404

TTGGTATCGAATGTATGCAACAAGTCGAATTGGAAGAGTACTTGGCCAAGCAAGGCAGACCAGCTTCTGATGCTAAAATGTTGAGAATTGACAAGTTGGCTTGCTTGGGTTGCTGTTGCTTCTGTACCGTTCTTTACATCTGCAACGATG

>nucleosomal\_sequence\_1405

TTTGACGACGATGACGATGATGATGACGTGGAGACGCACTCCATTGTGCACTCAGACCTGCTCAACGACATGGACAGCGCTTCCCAGCGTGCTTCACATAATGCTTCTGGTTTCCCTAATTTTCTGGACACTTCCTGCTCGTCCTCCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1406

TTTCACAAGTTTGGAATAAAGGTGAAGGTTTCCTAGATATTCCAGGTGCACAAGACGAAATGGTTTTACCACCAGCTCCTCCGAAGAACTCCGACCCTTCCATTTTGAGAGCCTGGAAACTTCAAGTCAAAACAATTGCTAATAAATTCT

>nucleosomal\_sequence\_1407

TAAATCTCCGGACTCTTCTCCTGCAAAGCTATATAATGCCACGGCCTTTGGAGAAGACGTGGATGGGGATGTTGGAGCAGTGAATCTGCCCTGACTAGTTTGCGGTGTTGAAGCGGACGAGATTCTAGATTTAGAAAATCTGTTCGACAA

>nucleosomal\_sequence\_1408

TTGCTGTATCTTGACTCTCTCAGCACACTCCTCGTAGTGGTGCACAAGGGCCTTACCCTCCTCCGTGTTCTTGAAATGTTCTCTCAAATCTTCCAACTGATCAGTGACTTCTTCCTCTTCTTCCTCATCTTCGTCGTCATCATCATCATC

>nucleosomal\_sequence\_1409

GACACAATGTCCCATCGTTCCGGGACAAACATACCTGTACAACTTCACTGTCCCAGAGCAGGTAGGAACGTTCTGGTACCATGCACACATGGGTGCCCAGTACGGTGACGGTATGAGGGGTGCATTTATCATCCACGATCCGGAGGAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1410

AGGACCCCAAGGGTCTTCCCCTGTGCAATGCTTGCGGCCTCTTCCTCAAGCTCCACGGCGTCACAAGGCCTCTGTCGTTGAAGACTGACATCATTAAGAAGAGACAGAGGTCGTCTACCAAGATAAACAACAATATAACGCCCCCTCCAT

>nucleosomal\_sequence\_1411

AAGGCTTATGTACGTCATGTCGCCGAAAGCTTTAAAGCTCAATTTACGTGAGAATGAACTGGAAGTCCTCAAGACAGCTGGTCATCTATTGACAAGAGAATTCCTGAGAGATGTTACAATGAATTTAGTCCAAGATAATGAAACTAGGGG

>nucleosomal\_sequence\_1412

ATGGCGCCTTTCCAATCTTCTTTGTCTACGTTCGTTAAAGTCAAGATCCTTCTCATTCTCAGATTCTGAAGAAGAGGATCCGGAAGAAGAGGATCCATCATCATCTGAATGATGGTTGCACTCTTCTTCATCCTCATTTTGTGGATGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1413

GGGCACCTCTACCGGAGTCGTGGACAATTTGCTTAACGATACCACGAATGTAACCGTGACGTTCAGCATAATCCAAAGTTCTCAACTTGGCAGCACCTTGTCTCAATCTGGTGTGGGAGGTAAAGATAGAACCAGCACCCTTTCTTTGGT

>nucleosomal\_sequence\_1414

TACTTGAGCATGTAAATCAGAGATTCTATGTAACAGCTGCCCAGAAACCAGAAAACGTCTCTTAACCACTTCCATTGTTGGCATGTTGAAACCTCCTGCCGCCTTGATCATCCTTCGACTTAGGGAAGAATCTTAACAAATGAAATTTAA

>nucleosomal\_sequence\_1415

CAACAGCTATTTAGTGTATCCATCACCACCAAAAGTTATTAACTCCGAAATTAAAGCTCATGCCACCACAAACAATATCACATTGTCAGTTGGTGGCAACACAGAGACCAGTTTCAAGAGAGATCAGCAAGATGCTGGCCATAGTGACAT

>nucleosomal\_sequence\_1416

CGTATGTCAGATCCTCGCATGATCAAAGAAATTATGGAAGCTGTTTCAATTCCGGTGATGGCAAAGGTCCGTATTGGACACTTCGTGGAGGCACAGATCCTGGAAGAGCTGCAAGTAGACTACATTGACGAAAGTGAGGTTTTGACTCCA

>nucleosomal\_sequence\_1417

TCTTGATAACTTGACTGAATCTTTCAAGTCCGCCTCTACAGCGATGTCAGGGTATGAGCCTTGGCCAGGGATCCTGACCACGTCGCCGTCCTGTAATCCATGTGGCAAGTCCACCGTAATTGTCTTTGCCCTGTTGACCTGAACACCCTC

>nucleosomal\_sequence\_1418

GGGATTAACTCTGGAGGAAGTTAATGAAATGTACGAAGAAAGAATAAAGCCATGGAAGTCCGGAGGTTGGATTCCCAGTTCTAGAAGAACACCACAACCAACAAGCAGTACACCATTAGTTATTGTTGATAGTAAATAATTTCTAAATAT

>nucleosomal\_sequence\_1419

CTTTGTTAGGTTTGTCCAATATGGCGTCATTGAACTTGACGGGGTTGTTGAGGACCTCCTTAGAGACCATCTCCCTGAGGTCACGAACGCTATCTTGTTTGAAGATGCCATAGGCAATAGCATGGAACAGACACGAGTTGTCGTCGAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1420

TAGGCAAAAACTGCAGCCACACCACCGGCGGAGGCTGATGCAGCTGCTTCTGCACTTCTACCAAGAGGCCCAGCAGAAACGGAGACGTTACCACCCAACGTGATGGTCCCAAATTCAGAAAACGACTTAACAGCATCCTGAGTATTTAAA

>nucleosomal\_sequence\_1421

CGATGAGTTGCAAGGTTTAGTTAACAGTACTGTTACTCAGGCCATTATGTTTGGTGTCAGATGTGGTGCAGCTGCTTTGACTTTGATTGTCATGTGGATGACATCGAGAAGCAGAAAAACGCCGATTTTCATTATCAACCAAGTTTCATT

>nucleosomal\_sequence\_1422

TATCTTGTTTGAAGATGCCATAGGCAATAGCATGGAACAGACACGAGTTGTCGTCGAGAACAGGATGTACTGATAGGACGTTTTCTCCACTGCCACCAATTGACATCTCAGTGCTCTTCAGCACCCTCTTTGGTTTGGGTTGTGGTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1423

ATAAGGTCTGCAATGTACGTCGGAGAAGAGCCACTATCATCGGCGACTCCTGTGATCGTGTTCCACTGTGGAGAGCCATATCGCACCTTGCCGTCCAGTTCCAGCTCCAAGATCATACACGGATTCTTCTCTGTGGCCAGCTGCAGATAT

>nucleosomal\_sequence\_1424

CAACAGCAACAGCTTGCTGTCGCACAGGCTCAGGCTCAGGCACAGGCACAGGCACAGGCTCAAGTTCAGGCTCAGGCTCAGGCTCAGGCCCAGGCTCAGGCTCAAGCACAGCAGATCCAGATGCAACAGCTTCAGATGCAGCAACAGCAA

>nucleosomal\_sequence\_1425

TCAGCAGCAATACGCCATGGCTATGCAACAGCAGCAACAGCAACAGCAACAGCTTGCTGTCGCACAGGCTCAGGCTCAGGCACAGGCACAGGCACAGGCTCAAGTTCAGGCTCAGGCTCAGGCTCAGGCCCAGGCTCAGGCTCAAGCACA

>nucleosomal\_sequence\_1426

GCATTCTGGGTCCCTAGTTGTGGCTGAAGTGGTTGAAGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGC

>nucleosomal\_sequence\_1427

CGAAACAAATACAAAGACTACAACAACAGAGAGCTCTACAGGCTCAGCTTCTTTCTCAACAACAGCAACAGCAGCAACAGCAGCAGCAACATCACTCACCCCAAGCGCAGGCCCAGGCCAGTACCCAACAACCTACTCAAGGTATGGTGC

>nucleosomal\_sequence\_1428

TGATATGGGGGATGGAGTTGCAGGAGCATCTGTCTGCATTGCATTCTGGGTCCCTAGTTGTGGCTGAAGTGGTTGAAGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTG

>nucleosomal\_sequence\_1429

TTAGAACCATCAACGACTAACAGTTCCAGTACGTTTAGTCTGGTCACTTCAAGTGACAACAATTGGTGGATTCCAACTGAGTTAATCACGCAGGCACCAGAAGCTGCATCCACTGCATCTTCTACCGTTGGAGGAACACAAACTATGACT

>nucleosomal\_sequence\_1430

CCAGGCAAGCACAGCAGCATCATCAAGATCATGCGCCAGGCAATGCAGAGGACAAGACAACTGTAGGTGAGTCCGTGAATGGTGTTCAACAGCCGGCCTCCTCCCAGTCAGATGCCATGAAACAAGACAAGTACGTCAGCACTAAACCAA

>nucleosomal\_sequence\_1431

CTCTATTGAGGTCCTTGCTCAAGGAATGCGATGACATTGGTACAGCAAACATAGCTCAGGACCGTGGACGACTTCTGGGGGTTGCCACCAGTGACAACTCTTCAACCACGGAAGTTCAAGGAAGAACGAATAACGATTTGCAACAGGGGC

>nucleosomal\_sequence\_1432

AGGAAGAAGCTTGGGAGGAAGAGGAAGATTGAGTAGATGTAGCAGCAGAGCTGGAGGCTGGAGATGCGGCAGCAGAAACTTGTGAGTTGTTCTCAGAAGAGGAAGCAGCAGCGGTAGCTACAGAAGCAGCAGACGATGTTGTACTGGTAG

>nucleosomal\_sequence\_1433

TTGTTTCTAATAGATTGTTGATTTATTTTGATTAAGCTGTTGTTTGTTGGGGAAGAGACTCACTTTGCTGGTGTCCGACTTGTTCATGTTCTTCAACAGCACCTTCTTCTTCTTGTTCAGGTTCTTCAATTTGTCCATCTTCTTGTTCGT

>nucleosomal\_sequence\_1434

CTTCAACAGCACCTTCTTCTTCTTGTTCAGGTTCTTCAATTTGTCCATCTTCTTGTTCGTCTTCGGACCACCTGCCTTGACCGTCTTCCTCTTCCTCTTCTTCGCCTTCTTCAGGTTCGAAGTCTTCGTAATCCTGCTTGAAACTTAAAG

>nucleosomal\_sequence\_1435

GGGAAATACTCACGAATGAATTTAATACCTTGAATGACTGGCCCTGCAGGATCGTCAGCCGCTGTACCCACTGGATCCTTGGTACCAGGGATGAGAGGCACACCAAACAAGATCACAGAACGCAAACCCTTGGCCACTAATGGCTTTAAG

>nucleosomal\_sequence\_1436

CCTCAGCAGAGTTCTTCCTCAATATGGACACCATCGCCGGAGATTGGATCTGCTGCTTTCTGTCAACAAACCCAGTGCCTGCCCCTGTTGAGCTCTCTTGCTGCAACTGCTGCTGACGATGTTGATTTACCATCGATTTCAATGAGATGC

>nucleosomal\_sequence\_1437

AACAGTATTACGATCCTGCTACCGGAATGATATATGTAGATCAGCAGCAATACGCCATGGCTATGCAACAGCAGCAACAGCAACAGCAACAGCTTGCTGTCGCACAGGCTCAGGCTCAGGCACAGGCACAGGCACAGGCTCAAGTTCAGG

>nucleosomal\_sequence\_1438

TGGTGGCTCTGTCACCTCCATGGAATTGTCATCATTTTTGTTGATGGTCCTTTCTTCTGTCGTTGCAACTTGGGGTGACCAGCAAGCTGTGGCTGCCAAGGCTGCTTCATTGGCTGAAGGAGCAGCCGGTGCTGTTGCCTCCTTTAACCC

>nucleosomal\_sequence\_1439

TCAAAGACTTCAAGAAAGCCTTATCAATAGCATCCAAACCCTTCTTCTTTCTGGAAGCAGCCAAACAAGCAGTCAACATCAAGTCGTCTGGAGAAACACCTTCAACAGTGTATGGTTCGTGCAAGGACAACTTGTTCTTGGTCAAAGTAC

>nucleosomal\_sequence\_1440

AGGGAAGACCATCGACCACATGTGGCCATTGTAAAGAGCTGAGAAGAACCAAGAACTTCAACCCATCCGGTGGGTGCATGTGTGCCTCTGCACGACGGCCAGCTGTTGGCAGCAAGGAAGATGAAACACGATGTCGTTGTGATGAGGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1441

TGATGCCTTAAATGACTTGGAACAATTGAAGGTCGGTGTAGATGCTGTGAAGAAGGCAGGTGGTGTTGTAGAAGCCACTGTTTGTTTCTCTGGGGATATGCTTCAGCCAGGCAAGAAATACAATTTGGATTACTACTTGGAAATTGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_1442

GGAGACGACGACGTCGAAAGTCTGCGAGGATCACGTGCTACAGCTGGTCTCATGGCTCTTGTAACTGAAGTTTGTCTCTCTCTGCATGGTTTGGCAACAGCCTTCTTGTGTTTTGATTCTTTATTCATGTTTACGGCTCTGGAGGTAGCG

>nucleosomal\_sequence\_1443

TGGACCGGATGTACGAGGCTTCTTTGCCCCAATTTATTGACATCACCTGGAATGCAGGCGGTGGACGGTTGTCACATCTGTCCACGGACTTGGTTGCGACAGCGCAGTCTGTGCTTGGTTTGGAAACGTGCATGCACCTTACCTGCACCA

>nucleosomal\_sequence\_1444

TACATTTCAACACCTGTTCTTGAATTTGCTGCGGATAATTAGACAGCTGCTGTTGTTGAGCAATTGCTTGCGTTTGTTGCAACGGTACTTGAATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGTAAATTAGATCCAGTTGAAGGCTTAGACCAAGCAA

>nucleosomal\_sequence\_1445

ATTTACAAGCACCGCTGGACTCGTATGGGGTATAAGTGATACCTCTGACACCAGAGGCAAAGCTGCTGACGTCTTCGCCGGAAGAACTAGAGGAAGAAGCTTGGGAGGAAGAGGAAGATTGAGTAGATGTAGCAGCAGAGCTGGAGGCTG

>nucleosomal\_sequence\_1446

ATTGATGAATCTGCAACAACTCCGGCTATCCCTACTAAATCTGATGAAGCTGAAGCTGAAGTTGAGGCTGAAGCAGGTGATGCTGGAACAAAGATTGGACTTGAAGCTGAAATCGAAACTACAACTGATGAAACTGATGATGGTACAAAC

>nucleosomal\_sequence\_1447

GGAAGAGACTCACTTTGCTGGTGTCCGACTTGTTCATGTTCTTCAACAGCACCTTCTTCTTCTTGTTCAGGTTCTTCAATTTGTCCATCTTCTTGTTCGTCTTCGGACCACCTGCCTTGACCGTCTTCCTCTTCCTCTTCTTCGCCTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1448

TCTTGTCTCTTGCGGCCTTGTTCTTTCTTTCAATGTAACGCTTGTGGTCTCTGTTAGAAGAGTCATCTGGGACATCTTCGTCCAAGAACTCAAAGGTTCTCCAGGAGTCAAATCTGTGCCAGAAAGCATAGAATTGTTCAACTTCCTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1449

GTGCTGGTAGTAGAAGTACTGGTGGTAGTGGTTGTCGTAGTTGCAGTGTCAGCAGTTGCTTCAGTGGCCTCAGATGTGGTAGTAGAAGTAACGTCCCCTTCATCTGATGAAGACGATGACGATGACGATGACGATGACGATGACGATGAT

>nucleosomal\_sequence\_1450

GGAATTCATCAATATTTTGACTGACGATGGTTTATTAAACGAGGAGTGTGGTCCAGAGTGGCAAGGCATGAAGAGGTTTGATGCCAGAAAGAAGGTCATTGAGCAGCTGAAGGAAAAGAACCTATACGTTGGCCAAGAAGATAATGAAAT

>nucleosomal\_sequence\_1451

GGGAAGTGGATACTGACACGGACGATAACAACGAAGGAGATGGCTCTGACAATCACGAGGAAGGTGGAGAAGAAGGAAGTAGAGGAGCTGATGCTGATGTGTCCAGTGCACAGCAGCGTGCCGAAAGGGTTGCGGACCCATGGATATATC

>nucleosomal\_sequence\_1452

CATCCAAACCCTTCTTCTTTCTGGAAGCAGCCAAACAAGCAGTCAACATCAAGTCGTCTGGAGAAACACCTTCAACAGTGTATGGTTCGTGCAAGGACAACTTGTTCTTGGTCAAAGTACCGGTTTTGTCGGAACACAAGATTTCGACAC

>nucleosomal\_sequence\_1453

AACCTCTGATGAAAATCAATTTGTTCTGTTCCACCAAATTTGACAGAGGAGTGTGTTGCCACTCCTGCCTATGAACAGATAACAGATTCTGTGAATTCAAGGTGGACAAGGAGTTGCCATTATTGTTTGAGTATTCCGTGTTATCCAGCG

>nucleosomal\_sequence\_1454

CCTTCACCGAGCTTGCTACTGTGGCTGCTGCGAACATTCTCCTCAGCAGAGTTCTTCCTCAATATGGACACCATCGCCGGAGATTGGATCTGCTGCTTTCTGTCAACAAACCCAGTGCCTGCCCCTGTTGAGCTCTCTTGCTGCAACTGC

>nucleosomal\_sequence\_1455

CGCTGACAGAGAATCCACTCAAACCACACTTAGTCTTGGAACCTCTGCCTGTAGCACCCTCGTCTCTGATTTCACCACCAGAACCTGTAGCAGCACCTGGGAAAGGAGACACGGCTGTTGGATGGTTGTGAGTTTCGACTTTGATAAGTA

>nucleosomal\_sequence\_1456

GCCACTTCGACAATTTCATCTTCTTCGTCGTCATCTTCTTCTTCTTCACTCTCCTCCTCTTCTTCCTCTTCCGCATTCTTTGATGGCATCTCTTCCACTGCTCCCGCACCTGGCTCGCCTCTCATTAACATATTAACAATTCTGTAACAT

>nucleosomal\_sequence\_1457

CAAGTTATAAAGCCTTCTTGGCGGCATCAGCAGGGGAAACCTTGTTTTCTCTGTTGAATCTTGGTCTTTGAGGTGGAGCTCTGTTCTTTCTGTCTTCTCTGGATCTGACTCTGACAATTCTGGCGTGAATAGCACAAGAAACACAGTAGT

>nucleosomal\_sequence\_1458

CTGGATCCTACGAGCATACCATTCACTCCAATCATCTCTGTCCGGATCTGCCTCAATGCCGATGACCAAACCTGGCTGGTGTGATATCTCATCACTTGAGAGAAGTGAGGGCTTTGAGTTCTTATAAGGAATAGGTTTATTCAAATCTAT

>nucleosomal\_sequence\_1459

AGGCGCCTTTACCATATCCTCCACCTTTCACTAATTACTATCAACAGCCTCAGCAACAGTACGCACCACCTTCACAGCAAGCACCGGTGGAAGCACAACCGCAACAGAGCAGTGGGGCTAGTAGTGCCTTCAAGAGTTTTGGTAGCAAAT

>nucleosomal\_sequence\_1460

CCGTGGACGAATTCCCCAACGGTAGATTCGGTGATTCGTCTTCTCCTGCGTTCGGTGACTTGGATCTGTGTGGTTCAGACTTGATCAGGCAATCAGCGAACAAATGTCTCGAATTATGGTCCACCCCTACTTCCATCAACGACGTCGCCT

>nucleosomal\_sequence\_1461

TAGAAGTAGTTTAGGGTCATTTTTCAGTACATTGGTTGGCCTGGCTTGAGTTGCAACCAGTGCCAAGCATCAGCGTTGGCCTCTCTCTTGTACATTGGTTGGCCTGGTCTCAAATTTAACCAGTGCCAAGCGTCGGCAACAGCCTCTCTT

>nucleosomal\_sequence\_1462

GTGAATTTCTGCACTGAGAAACGTACCTGTAGTGATTATGACCTGATCTGCCCCAACCTGGGTACCGTCATCCAGAACCACACCTTTGATGACCTTGTGGCCACATCCGGGGTCATACAAGATCAAGTCAGCAACTTTGTTCTGCAGCAG

>nucleosomal\_sequence\_1463

TCAGTACCTTCTACAAGTTCCAGATCGTCCGTTTCTCAAGTCTCAGACACTCCGGTGCCTTCTACAAGTTCAAGGTCGTCCGTTTCTCAAACATCTAGCTCACTACAGCCCACCACTACATCCTCCCAACGTTTCACCATTTCCACTCAT

>nucleosomal\_sequence\_1464

TTCAAATACGCCAGACAATTGATTTCTAACGAAGGTGTCTTGGTGGGTGGTTCTTCCGGTTCTGCCTTCACTGCGGTTGTGAAATACTGTGAAGACCACCCTGAACTGACTGAAGATGATGTCATTGTTGCCATATTCCCAGATTCCATC

>nucleosomal\_sequence\_1465

TTATTGCCAAGTTGTCCGTTATCCCAATCAGAAGAGGTTACTGGGGTACCAACTTGGGTCAACCACATTCTTTGGCCACCAAGACCACTGGTAAGTGTGGTTCCGTCACTGTTAGATTGATCCCAGCCCCAAGAGGTTCTGGTATCGTCG

>nucleosomal\_sequence\_1466

TTGGTTACGATCCAACTGCTCCTGTCGAAGAAGGCGAAGAAGAAGAAAGTGAAAGTGAAAGTGAAAGTGAAGATCAAGTTGAGGAGGAAGATCAAGAAGTTGTTGCTGGAGAAGAAGATGATGACGATGACGAAGAGCTACAAGCTCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1467

CCCAATTGTCTCCATCGAAGATCCATTTGCTGAAGATGACTGGGAAGCTTGGTCTCACTTCTTCAAGACCGCTGGTATTCAAATTGTTGCTGATGACTTGACTGTCACCAACCCAAAGAGAATTGCTACCGCTATCGAAAAGAAGGCTGC

>nucleosomal\_sequence\_1468

GAGAATAGAGCCTCACAGGATATGTATCTCTATGAAGCGATGCCACCAACGCTGCCCCACAGGGATTGGAAGGACTATTTTGTGATGGCTACTGCCACAGCTGGGCTGTTGTATGGTGCATATGAAGTAACTAGAAGGTATGTGATACCA

>nucleosomal\_sequence\_1469

CGTTCGAAGAATTTGTCGAAGATAAACGATTCATTGCTCTAGAGGTATCTGATAATGATGACGATTGTGACACTGATTTGACTGCTGACACAGCTGACGAGCTGGAAAGCTCTGCTATCTTAAAGATGAGGGAGTCTGATGCATCTTTAA

>nucleosomal\_sequence\_1470

GACCCTAAATTCATTCCAAACAAACCATACAGACAATTCAACACATGGTGTGGTGAACCTGCAAGAATGATCATTGCAGGTGCCATTGGACAGGAAATCTCCGACAAGAAGTTGACTGAACAATGTTCAAGAGTAGGTGATTATTTGTTC

>nucleosomal\_sequence\_1471

GTACTCTCACTTCAATCTCCCCGTCGCACAAGATCACAAGAGGATCTTTGATGGCGACAAGGGCTTGAACACCGGTGGGATGGGTGCCTATGCCCCCGCTCCTGTGGCCACACCATCTTTGTTGAAGACCATAGATTCACAGATTGTGAA

>nucleosomal\_sequence\_1472

CAGGCTCAGGCACAGGCACAGGCACAGGCTCAAGTTCAGGCTCAGGCTCAGGCTCAGGCCCAGGCTCAGGCTCAAGCACAGCAGATCCAGATGCAACAGCTTCAGATGCAGCAACAGCAACAGGCGCCATTATCTTTTCAGCAAATGTCG

>nucleosomal\_sequence\_1473

CCTTTGATCTCCATATTGGTTATTTGTTGCGTTAAAGTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTCATCCATGAACCACTGTTGCTGCTGCTGCTGTCTTGAACTATGATCAACTTCGGACGCATTTAAATCTATTGAATCTTCATTCGTCATTAC

>nucleosomal\_sequence\_1474

TTCGTTGTCGTACCAGGAGACCAACTTGACGAACTTTGGAGACAATTGGATACCAGCGGAAGCATCGAAGATGGAAGAGTGAGAGTCACCCAAGAAGTCAGAGGAGACAACAGCGTCTTCGGTGTAACCCAAAACACCCTTCAACTTACC

>nucleosomal\_sequence\_1475

TCATTGCTCTAGAGGTATCTGATAATGATGACGATTGTGACACTGATTTGACTGCTGACACAGCTGACGAGCTGGAAAGCTCTGCTATCTTAAAGATGAGGGAGTCTGATGCATCTTTAAATGTTACCACCGGCAATAATACATCAAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1476

CTAGCGCTGTTGCTAATCATGCGCACGACGATGAGGCTTCCACAGACGTTGAAGGCTCCACAGACGTCAATGTCAATGAACAGGCTCTGTTGCAAGAGGATTTTGACATGTGGAGTGAGACTATATTGCAGAAAACACAAGACGTCATAC

>nucleosomal\_sequence\_1477

ATCATTTTTGTTGATGGTCCTTTCTTCTGTCGTTGCAACTTGGGGTGACCAGCAAGCTGTGGCTGCCAAGGCTGCTTCATTGGCTGAAGGAGCAGCCGGTGCTGTTGCCTCCTTTAACCCAGGTTATTTCTGGATGTTCACCAACTGTAT

>nucleosomal\_sequence\_1478

CCAGAGGCAAAGCTGCTGACGTCTTCGCCGGAAGAACTAGAGGAAGAAGCTTGGGAGGAAGAGGAAGATTGAGTAGATGTAGCAGCAGAGCTGGAGGCTGGAGATGCGGCAGCAGAAACTTGTGAGTTGTTCTCAGAAGAGGAAGCAGCA

>nucleosomal\_sequence\_1479

GTAAAGAGCTGAGAAGAACCAAGAACTTCAACCCATCCGGTGGGTGCATGTGTGCCTCTGCACGACGGCCAGCTGTTGGCAGCAAGGAAGATGAAACACGATGTCGTTGTGATGAGGGTGAACCTTGTAAATGTCATACCAAGAGGAAAA

>nucleosomal\_sequence\_1480

TCTTCTTCTTCTTCTTCGTCGGAAGAAGAGTCAGAGGAAGAGGAAGAGGAATCCTTGGATTCTTCCTTCTTGGTTTCAGCTTCACTTTCGCTGTCAGAAGACGATGAAGAAGAGGATTCAGAATCAGAGGATGAAGATGAAGATGAAGAT

>nucleosomal\_sequence\_1481

GCGTAGACGTATCTCATCTTGTACTTGTAACCCTTGGTGACACCAGTGATCATGTTGTCAACCAAAGACTTGACGGTTCTCAAAGCAGCAACGTGCTTTCTGCCACCGTTGTGAACAGCAACCTTGATCAATTGGTTGTTGACCTTGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1482

TGAATGACTGGCCCTGCAGGATCGTCAGCCGCTGTACCCACTGGATCCTTGGTACCAGGGATGAGAGGCACACCAAACAAGATCACAGAACGCAAACCCTTGGCCACTAATGGCTTTAAGTAGTCTTTTAGCCTATTTACACCGATTCTA

>nucleosomal\_sequence\_1483

GTATCAATTTCGTTAGAACCTTGTTGTCTAAGAGAAAGTTACAATGGATGGTTGACAAGGACTTGGTCGGAAATTGGGACGATCCAAGGTTCCCAACTGTCAGGGGTGTGAGAAGAAGAGGTATGACTGTCGAAGGTTTGAGGAACTTCG

>nucleosomal\_sequence\_1484

TGCTTCATCAGCACTATTTTCGACAGCATTAGTAGTAGAAGTGCTGGTAGTAGAAGTACTGGTGGTAGTGGTTGTCGTAGTTGCAGTGTCAGCAGTTGCTTCAGTGGCCTCAGATGTGGTAGTAGAAGTAACGTCCCCTTCATCTGATGA

>nucleosomal\_sequence\_1485

TGGTTTCAGCTTCACTTTCGCTGTCAGAAGACGATGAAGAAGAGGATTCAGAATCAGAGGATGAAGATGAAGATGAAGATTCAGATTCAGACTCAGACTCAGATTCAGATTCAGATGAAGATGAAGATGAGGATGAAGATTCGGAGGAAG

>nucleosomal\_sequence\_1486

CGGCTACTCAATCCACAACTCTATCTTTTACCGACGCAAACAGCAGTTCTGCTTCCGCTCCATTGGAAGTGGCAACGTCTACGCCAACCCCATCTTCAAAGGCATCCTCTCTGTTGCTTACACCATCAACATCCTCTTTAAGTCAGGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1487

TAGTCTTGGAACCTCTGCCTGTAGCACCCTCGTCTCTGATTTCACCACCAGAACCTGTAGCAGCACCTGGGAAAGGAGACACGGCTGTTGGATGGTTGTGAGTTTCGACTTTGATAAGTAATGGAATTCTTTCCTTTGTAGAGGTCCATT

>nucleosomal\_sequence\_1488

GTGAGCATATGTTTGGGATGAGGACGTTGCTGGCATTGTCGAGGGCCTTTGGTGGGGTCTTGATTGGTGCCCTTGCGCCAAGTTAGCTGCTGGTCTTGGTGGTCGTGGCGGTTGAGATTGCAATCTCTCCTCTTCCTTGATTACGTCCTC

>nucleosomal\_sequence\_1489

ATCCAAGATTTCCTTCTTTGGCATACGAATAGATTTAATATTGCTCTTGGCCTTCTCACGCCCCACTTTCAAGAAATTCGAGTTGTCTGACCTCATGGACATACCTGTGTGGCTCATCGTAACACCAACGGTTTCATCCAAAGTTGTGAT

>nucleosomal\_sequence\_1490

TCAGAGGAAGAGGAAGAGGAATCCTTGGATTCTTCCTTCTTGGTTTCAGCTTCACTTTCGCTGTCAGAAGACGATGAAGAAGAGGATTCAGAATCAGAGGATGAAGATGAAGATGAAGATTCAGATTCAGACTCAGACTCAGATTCAGAT

>nucleosomal\_sequence\_1491

CACCAGTGATCATGTTGTCAACCAAAGACTTGACGGTTCTCAAAGCAGCAACGTGCTTTCTGCCACCGTTGTGAACAGCAACCTTGATCAATTGGTTGTTGACCTTGGTGAAGGTAACATCAATGTGCTTCAAGTTCTTGGTCAAAGTAC

>nucleosomal\_sequence\_1492

CATTGGCCTTGATCTTATCGGCGGTGGACACTAACTCTTCGTCATTCAAACTGTCAACGATCAAACCAACTTGTTCGTCAATCGTGGTGGCCTTGTCAGCATCACCAAAGTAGTCAGCTTCCTTAGCAGAGTTACGGATGGCTCTCTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1493

TCTTCGTCTACTAGCGATGATGAAGAGGGAGATATTATTGCCCAGACGACAGAGCCCAAGCAAGATGCCAGTCCTGATGATGATCGCTCAGGCCATTCTTCGCCCAGAGAGGAGGGACAACAGCAAATACGTGCCAAAGAAGCTTCGGGA

>nucleosomal\_sequence\_1494

TACAACTTCAAGTTCGTCCGTTTCTCAAGTTTCAGACACGTCAGTACCTTCTACAAGTTCCAGATCGTCCGTTTCTCAAGTCTCAGACACTCCGGTGCCTTCTACAAGTTCAAGGTCGTCCGTTTCTCAAACATCTAGCTCACTACAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1495

GATCAGGGCCTTTCGGAAGACTTTCACATATTTCTTTATTGGCGCAGCCACCACAAGCATCGGACTTACCTGCCATGTCTGATTCTGGACCAGGACAGTGTTCTGGTTCCGGCTGATTAAGTTCATACTCTGCTGGTAGCACTTCGTCGT

>nucleosomal\_sequence\_1496

ATGCGCCAGGCAATGCAGAGGACAAGACAACTGTAGGTGAGTCCGTGAATGGTGTTCAACAGCCGGCCTCCTCCCAGTCAGATGCCATGAAACAAGACAAGTACGTCAGCACTAAACCAAGAAATAGTAAGAACGATGGTGTGGATACAG

>nucleosomal\_sequence\_1497

TTCGCTGCCGGTTGGGGTGTTATGGTTTCCCACAGATCTGGTGAAACTGAAGACACTTTCATTGCTGACTTGGTCGTCGGTTTGAGAACTGGTCAAATCAAGACTGGTGCTCCAGCTAGATCCGAAAGATTGGCTAAATTGAACCAATTG

>nucleosomal\_sequence\_1498

TACTCAATAACAAACGTAAAATACCTGGATCCGACTGAATTGCATCGTTGGATGCAAGAAGGACACACTACTACGCTGAGGGAGCCTTTCCAGGTAGTGGATGTGCGAGGCTCAGATTATATGGGGGGCCATATCAAGGACGGATGGCAC

>nucleosomal\_sequence\_1499

CAAGTTCAAGTTGATCGACATTAAAGAATTAAGGCACGACAAGAACTGGAACAGTGATAAGAAGGACAACGGTCCTAAGACCATTCAACAGATTCATGAGGAAGAGGAGAGACAACGTCAATTGAAGAATAATTCAAGATCTAATTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1500

GCAGCACCGGTGGAGGATGGGATGATGTTACCGGAAGCGGTTCTACCACCTCTCCAGTCCTTGTGGGATGGACCGTCAACAGTCTTTTGAGTAGCAGTCAAAGAGTGGACAGTGGTCATCAAACCTTCTTCAATACCGAAAGCATCGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1501

GAAGTATCATGCTCGAATGGTGAAAACATACCTGTAGAGTTGGAACCACCCCCAACACATGCAACAACTGCGTCAGGTAATTTACCATTGTTCATGGCAGCAAACTGTTCCTTGGTTTCTTTACCAATGACACTTTGGAAAGTTCTAACC

>nucleosomal\_sequence\_1502

AAGACTTGACGGTCTCAGTCTTAGTTAACTTAAGTTGATTTGCACGAGAGTTGGTTTTTGAGGGGACATACTGTTGAGGTTGTTGGCCCTCAACGTCCACCATGGAAGTGTTTTGTGAGTTGAATGAAACAACAGATTCTTGATCACTCA

>nucleosomal\_sequence\_1503

CCCCAACCTGGGTACCGTCATCCAGAACCACACCTTTGATGACCTTGTGGCCACATCCGGGGTCATACAAGATCAAGTCAGCAACTTTGTTCTGCAGCAGAGACAAGTTGGGGTGTGCTTTCTTGTCGGAAAGTTCCCTTTGCATGTATT

>nucleosomal\_sequence\_1504

AATCTGATAGAATAACCAACTTCTTCGCCCAACTTGACATCCATTTCCTCAGCAACTCTCTGTGCAACAGACATTGCTGCGACACGACGAGGTTGAGTACATGCAACTTGAGTGTTCTCTAAGTGTGGCATCTCATCGAATAAAACGAAT

>nucleosomal\_sequence\_1505

TAACATCTTAACTCTTAGACCCAAGTGTCTAGCTTCGCTAACAGTTTGAGCAGTATCGTCTCTTGGTGGATCCATACATGGCATAACACCCAAGATTTCCCAGTGACCTTCACCTCTCTTTCTAGCAACACCTAAAGCACGGAACCCTCT

>nucleosomal\_sequence\_1506

CGCCACAATGCCTTGAATAAGTGAACCGTAAAGGGTTATACAGCCTGAGCTTGGCGTTGCAGCCACCAGCCCAGAAATGATACCGGAGCACAGACCAACTGTCGACCATTTCTTCTCCGATCTGTAATCCAGAAGACACCACGTCATCCC

>nucleosomal\_sequence\_1507

CCTCCTCAGTTGGAGAATGTTATCTTGAATAAATACTATGCCACGCAAGACCAGTTCAACGAGAACAACTCAGGCGCTCTGCCCATTCCGAACCATGTGGTGCTTAACCACTTGGTTACTAGTAGCATTAAGCACAATACACTTTGTGTA

>nucleosomal\_sequence\_1508

AATATCTGTTAACGATGGTGTAATGAGAGTAGTATGCGCACCAGTCCTAGATGACGCAGCTGCAGCTTCGCAGCCTGCATGTCCAGCACCGATGACCACGACCTGTGTCTTGGTTGTGGGTTGGAAGCTTGTCAAAGAAGATATGGTCAA

>nucleosomal\_sequence\_1509

CAATGTAACGCTTGTGGTCTCTGTTAGAAGAGTCATCTGGGACATCTTCGTCCAAGAACTCAAAGGTTCTCCAGGAGTCAAATCTGTGCCAGAAAGCATAGAATTGTTCAACTTCCTTCTTGGAAGAATCTTTGTTACCTAGAGAAGGAA

>nucleosomal\_sequence\_1510

GGTAAACATTACAAAATTCTCCAAATTCGAAAGAAGTAAATCAAGCCACAAGAATGAAAGGCGTGTTCTTGAGATACAAACCTCCCTGGTGAGGATGTTTGAGAAGAATGTCATGCTGAATATCTACCCCAGAACAGTTATCGATATCGA

>nucleosomal\_sequence\_1511

AACAAGTACTCAAACAGTGGTTGAAACAATTACTTTGGACCAGGAAGAGGCTAGCGCTGTTGCTAATCATGCGCACGACGATGAGGCTTCCACAGACGTTGAAGGCTCCACAGACGTCAATGTCAATGAACAGGCTCTGTTGCAAGAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1512

TTCATTACTATTATACATGTGATATCAGAACGGAAGGTTTTACTCAACTTGACTGCCATCCCTCGGTTTGTAGTGAGGCAACAGCTCCACAACCTCAGCTGGTAGTCTACCATCGACCTTGATGGCGTACATACCAGCTATACTATGATC

>nucleosomal\_sequence\_1513

GAGATCTATTTTTACTCAGCGGTAATATTAGATCATGGCTAGGGGGATCTGGAAGTACAATGATGTGCTCTCCCCCTCTCAAACACAACACCAGGATGAACTAAGGGCTCATCTCGAAAGTCGAAGGTGCCTCATTCAGGTTATTAGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1514

TACTGGATTGACGTATCCAGCTTGGGGATTTAAACAAGCTGAAATCGTCTGCAAAGACTCCTGGAGTCGTAGGGACAAATCGACCTGGTGGAATGTAGAAGATCACTGGAACCACAATTTAGAAACCGCAGAAGATTACGTTCCACCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1515

CGCTATCTTCTTCTTTTCAAACGTGATGGGAGATGTCACGGTGTCAGCACCGCTTTCCTCATCACCTTTCCTGCCACGGTAGTCATGGTTCCTTGGTCCCAGGGGAACTCCTCTGCCGTCTCGCTCATCACCGTCCTCCTCCTCTTCCTT

>nucleosomal\_sequence\_1516

GTAGACTCTTTGGAATGAAAGGTTGGACATCCTTAATCATCCAACTCTTGATATCAGCTGGGACCTTTGGAGAGTTGTAAGCACAAAGGATTCTTGTTTCTTCTGGACTGATTTGGTAAACCAAGATTGGCATATGATCACTACCAAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1517

AGTTCGGAAAGTTCAAGCTCTTTGATTTCCTCTTCAATTTCAACATCCGTTTCGACTTCTTCAGTGTACGTTCCCTCCTCTTCAACTTCATCTCCACCTTCGTCCTCATCCGAATTGACATCATCCTCGTACTCATCATCCTCATCCTCA

>nucleosomal\_sequence\_1518

CAACCATGGTCCATCATGCCAGATTTGTACTTCTACAGAGACCCTGAAGAAGTTGAACAACAAGTTGCTGAAGAAGCTACCACCGAAGAAGCTGGTGAAGAAGAAGCCAAGGAAGAGGTTACCGAAGAGCAAGCTGAAGCTACTGAATGG

>nucleosomal\_sequence\_1519

GAAGAGGTTACTGGGGTACCAACTTGGGTCAACCACATTCTTTGGCCACCAAGACCACTGGTAAGTGTGGTTCCGTCACTGTTAGATTGATCCCAGCCCCAAGAGGTTCTGGTATCGTCGCTTCTCCAGCTGTCAAAAAGTTGTTGCAAT

>nucleosomal\_sequence\_1520

TGATAGTCACTCACTTGGCTTCATCATCCAATGTATTACGCAACATTGCTGCTCAGACCTTAGGTGATCTTGTCCGTCGTGTAGGTGGTAATGCTTTGTCCCAACTGTTACCAAGTTTGGAGGAATCTTTGATAGAAACATCAAACTCAG

>nucleosomal\_sequence\_1521

TTATGTTCATGCCCTTGCTCATCAACTTGGTGGTTTCTACCACTTGCCTCATGGTGTTTGTAACGCTGTCTTGTTGCCTCATGTTCAAGAGGCCAACATGCAATGTCCAAAGGCCAAGAAGAGATTAGGTGAAATTGCTTTGCATTTCGG

>nucleosomal\_sequence\_1522

TTTCTTGCTTCTTAACAAATCACCATTCTTGTTATTAAAAACACTGAAGCCCAGTGATTGCCTCCCACGCTCGTGACTGGTTCCTCCGAACCTGCTGGAGTCTGTTTCTTCTTGCAACACGTCCATTACATGGATTTCAAAAACAACCTC

>nucleosomal\_sequence\_1523

ATATCTGTTTATATGACTGAAAATATCTACATAGATTCAGAAGCGTCCAAGGATGTTGACAACAAGTGCTGTCCAGCCTGTGAAATGCTCAGCACCAGTACCATGACCATCTATCGGACTGTAATTTTCATAACAATAACCTTGTTCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1524

GGAAGAGGCACATTCATTGCCTGGGATTTGCCTACTGGTGAGAAGAGAGACTTACTATTGAAGAAATTGAAGTTGAATGGTTGCAACGTTGGTGGATGTGCAGTCCATGCAGTGAGATTAAGACCTTCATTAACATTCGAGGAGAAGCAT

>nucleosomal\_sequence\_1525

TGCTTGACCAGCGTGTTGAATGCTTCCTCTACGGAAATAGAACCTCTGATGAAAATCAATTTGTTCTGTTCCACCAAATTTGACAGAGGAGTGTGTTGCCACTCCTGCCTATGAACAGATAACAGATTCTGTGAATTCAAGGTGGACAAG

>nucleosomal\_sequence\_1526

TGTATGATATAAGCAAATCAAGTTCATACGAAAATTGCAACCACTGGCTTACCGAACTGAGAGAGAACGCAGATGACAACGTGGCTGTTGGGTTGATAGGGAACAAATCAGATCTGGCTCATTTAAGAGCAGTACCAACCGATGAAGCGA

>nucleosomal\_sequence\_1527

TTGTTGAAGGTCAACCAAATCGGTACCTTGTCTGAATCCATCAAGGCTGCTCAAGACTCTTTCGCTGCCGGTTGGGGTGTTATGGTTTCCCACAGATCTGGTGAAACTGAAGACACTTTCATTGCTGACTTGGTCGTCGGTTTGAGAACT

>nucleosomal\_sequence\_1528

CCAGAGCCGGTCAAAGAACCAGATTTAAGGCTGTTGTCGTTGTTGGTGACTCTAACGGTCACGTTGGTTTGGGTATCAAGACCGCCAAGGAAGTTGCTGGTGCCATCAGAGCTGGTATCATTATTGCCAAGTTGTCCGTTATCCCAATCA

>nucleosomal\_sequence\_1529

GGTTATTTCGGTAAGGTTGGTATGAGATACTTCCACAAGCAACAAGCTCATTTCTGGAAGCCAGTCTTGAACTTGGACAAATTGTGGACATTGATCCCAGAAGACAAGAGAGACCAATACTTGAAATCTGCTTCTAAGGAAACTGCTCCA

>nucleosomal\_sequence\_1530

TTGGTATTTCTTTGGCCAACCAACAAGTCGTTCAAACTTAAAACTGAACTTGGTCTCTTCAACTGTACGGAACTCTGAGTTTGTGCTCTGAGACTTCCATTGTTGTTTGGATTTGCATTGTTCAATCCTTGAAAATCCGTTAAAGATCGC

>nucleosomal\_sequence\_1531

ATTCTTCAACATCAAGTGCCGTTCCTCTGGATTGACACCTAATGCTGTGGTCTTGGTTGCTACTGTTAGGGCATTGAAGTCACACGGTGGTGCTCCAGATGTCAAACCTGGCCAACCTTTACCTTCCGCATACACTGAAGAGAATATCGA

>nucleosomal\_sequence\_1532

TGTCTATATCCTCGCTGAATCCATCTAATGCATTATCAAGAGCCCTCGGTATTGCATCAACGAGATTGTTTGGTGGTGCAAATCAACAGCAGCAACAGCAACAAATCACATCTTCCCCACCGTACAGTCAAACTTTGTTGAATTCCCAAC

>nucleosomal\_sequence\_1533

CCTACTGGTGAGAAGAGAGACTTACTATTGAAGAAATTGAAGTTGAATGGTTGCAACGTTGGTGGATGTGCAGTCCATGCAGTGAGATTAAGACCTTCATTAACATTCGAGGAGAAGCATGCTGATATCTTTATTGAAGCATTAGCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1534

TCTTATTATATCTTTAAATATGTACATACGCTTGTTTATACGTGGAGGCGACAAAAAGGGTTGGTTGAAGGGAGAGAGAAAGAGACGCACAGAGATTGGAGGAGGGGCTCAGTTCGCTGATTGTTTCTTCTTCTGTGTTAGGTTTTCCAA

>nucleosomal\_sequence\_1535

TTCGTGTCTTGAAGCACTCGTATAAAGTCTCTTAGTTTCGTCGGAGGCATGTTGCATTTCACCAACTGTCATAATCTCCCTGCCATCCTTCACTCTGTTTCTGATGAATTGATTCATTTCTTGATGGAACTCGTGAATACGTGGTCCATT

>nucleosomal\_sequence\_1536

ATATATGTCAGAAATTGGTTGAGCCTTACCTAAAGTTTCAAGTAGTTGAGATACAGTTGGCATCTCAATATCGGAAGTGGAAGGTTCTGTCTCCTTCACTGTGTTCTCCTCTGTGGTGATTACGGAATTTATTGTTTCGTCGTCACTTTT

>nucleosomal\_sequence\_1537

TGTACTCACACTGATGGTCCGCTACAGATGATCAGACGCAAGGGAAGACCATCGACCACATGTGGCCATTGTAAAGAGCTGAGAAGAACCAAGAACTTCAACCCATCCGGTGGGTGCATGTGTGCCTCTGCACGACGGCCAGCTGTTGGC

>nucleosomal\_sequence\_1538

CAGCAGTTCTGCTTCCGCTCCATTGGAAGTGGCAACGTCTACGCCAACCCCATCTTCAAAGGCATCCTCTCTGTTGCTTACACCATCAACATCCTCTTTAAGTCAGGTTGCTACAAATACTAATGTACAGACGAGTTTAACAACGGAATC

>nucleosomal\_sequence\_1539

TACGACGGTTGACATTTGGAAGGCATTGGTTCCAAATACTCCAAGAGCTGTGAAAGAGATCCTTCCAACATTGACTGGTATGATAGTCACTCACTTGGCTTCATCATCCAATGTATTACGCAACATTGCTGCTCAGACCTTAGGTGATCT

>nucleosomal\_sequence\_1540

GGGTGCAAGGATCACTCAAAGTTGCATTTAAATCTGGATTATGTTCACTGGTCCAAAAATCGATGTGTCTCCAAGCTAAGAGGGTTTCAGAGACACCATCGTTTGACTCCGTGGACGTAAATTCATCAATATTTATGTCTTCATTAGATG

>nucleosomal\_sequence\_1541

TTTAAACACGACTTGAAGATTGTTAAATTAAGCTCCGCTAATGCCGACAATTTCGACTTCCAATCTCCGTTTGCTGTCTTGTCTGATGATGAAACGTCCCAACATTTCACCACCTACCTAATCTCTCCAGCTGAACATCCAACAATTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1542

AGCCTTGTATGACATGAAGGACCATCCAATAATCGAGGAACACACAAGAAACGAGGCTTCACAAAACAATTCCACCTCTAGCCTGTGGAAGTTCTGGAAACGAGAACCTACGACTGCTGTAAACGGAACGCAAGCTGTTGATAATAATAC

>nucleosomal\_sequence\_1543

CTTAAACAATATCAAACCGATTGATCCAATGACTATTCCTGGCTTGAAAGAAGCCGGCTGGACTCCCGAGATGGATGCGTTGGCACAACGTCCCAAGCGTGGTCCACACGATGCAGCAATACAGAATATACTCACAGAGCTACAAAATCA

>nucleosomal\_sequence\_1544

TTCATACTCAGTTGCCATCCATGGCTTCTTTAGGTTACTTCAATCAGCCAAGTTCTACTTACTATGCTCCTCCTGCACCACTTCAACAGCACCAGCAACCACCTATCCTTCCCCCTCCGGGCCTAATGTACACTAGTAACAATAACAGCA

>nucleosomal\_sequence\_1545

TAATTCTACAGCTATCACAGCAGATCTAGGTTCATCCGAAGCAGAGAACCTACTGCAGTTGAAGACAGGCTTAGCTGCCATAGTCTCTACTGTCATTGAGGAATTCACACTGTTTATGGATATCGCTGAGAGAATCGCCGTGTTACATCA

>nucleosomal\_sequence\_1546

TTGGGTGACCTGGTTTGGCTTGGATAGTCCATTGACAAAACTGGATCCTACGAGCATACCATTCACTCCAATCATCTCTGTCCGGATCTGCCTCAATGCCGATGACCAAACCTGGCTGGTGTGATATCTCATCACTTGAGAGAAGTGAGG

>nucleosomal\_sequence\_1547

GAATCCAACTCAGAGGCAGTTGAAGCCGAAAAAAAAGAAGAGGAAGCTCCCCAGCAACAACAATCAGAACAACAGCCGGAGCAAGGAGAGGCAGTGCCGGAGCCTGTGGAAGAAGAGAGTTAACCACCTCATAGAAAGACAAATAAAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1548

GAGTAGATGTAGCAGCAGAGCTGGAGGCTGGAGATGCGGCAGCAGAAACTTGTGAGTTGTTCTCAGAAGAGGAAGCAGCAGCGGTAGCTACAGAAGCAGCAGACGATGTTGTACTGGTAGCGGCAGCTGGAGCGGAGTTGACAACAGCAT

>nucleosomal\_sequence\_1549

GACGATATTCCAACCACCAAAGAAGCTTACTGGTACAGGCTGAAGTTTGATGCTTGGTTTCCTCAAAAGACTGCGGCAGACACTGTCATGAGATGGATTCCAAAGGCCGATTGGGGTTGTGCCGAAGATCCTTCAGGTAGATACGCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1550

CTGTATTATACAATTCTATGCTATGTGAACTGTCCTTGAAAGTGACCTAGGCCACTTCGACAATTTCATCTTCTTCGTCGTCATCTTCTTCTTCTTCACTCTCCTCCTCTTCTTCCTCTTCCGCATTCTTTGATGGCATCTCTTCCACTG

>nucleosomal\_sequence\_1551

TAGCATGCGACCACCCAGTAATCATACTGCTGACGCTATTGGTCACGTGGTTATGGCAGCTGCTGTTGACTGCGGTGGCGTCCCGTTTCCACACCGTACGTGAGCACATGTCTGGATTGCTAGCTGCGTACATAGTGACAGGCCTTGTCT

>nucleosomal\_sequence\_1552

ACTGAGGGGGAGCTGCAGCGTTAACAACGCCGGAAAAGGCTGATATGGGGGATGGAGTTGCAGGAGCATCTGTCTGCATTGCATTCTGGGTCCCTAGTTGTGGCTGAAGTGGTTGAAGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTTGCTGTTGAGGTT

>nucleosomal\_sequence\_1553

ATATGGAACCAGTTGGTGCAGGCCACTATCAGTTCGTAGTGAAGTCAAAGCTGCTTGTTTCATATGCTGTGCAGCTTCATCAGCTTGACTCTTCGCTGTCAAGGTTGAAATGACCTTATTGAAATAAATCTGTAATTCTTTGGATAAAAC

>nucleosomal\_sequence\_1554

AGCTGCCCCACTGCAAACAAGTGAATCAAGCAGTTTTACCACTGCATCAGCAGCTCTACCAGTAAGTTCAACAGACGTTGATGGCTCAAGCGCCTCACCTGTAGTGAGCATGAGCGCCGCAGGACAAATAGCTAGCTCAAGCAGCACAGA

>nucleosomal\_sequence\_1555

GGATTGGGTGATCTTCTTCGACAGTCTTCAAGACGAATAATGGAGCACCCTTAACACAAACAATTCTTTCACCTTCTGGAGATTCGACAACGGCAGTAACCTTCTTGGAGACAGGGTCAAATGGATGGAATTCCAAAACCTTGTACTTGG

>nucleosomal\_sequence\_1556

CATCATTTAATGCCAATGTGTCGAGCAAGCAAATTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCACAAGTCTCAAGACACAGGTCTCACGCCGCTGGAGATACAATCACAACAACAAAAACTACGACAACAACAACTACAACAACAGAAGTTTG

>nucleosomal\_sequence\_1557

TTGCTCTTGGCCTTCTCACGCCCCACTTTCAAGAAATTCGAGTTGTCTGACCTCATGGACATACCTGTGTGGCTCATCGTAACACCAACGGTTTCATCCAAAGTTGTGATCCTTTCCTTATTATTAAGCTTGACAATATTTCTTCTCTGT

>nucleosomal\_sequence\_1558

TGGTTTCTACCACTTGCCTCATGGTGTTTGTAACGCTGTCTTGTTGCCTCATGTTCAAGAGGCCAACATGCAATGTCCAAAGGCCAAGAAGAGATTAGGTGAAATTGCTTTGCATTTCGGTGCTTCTCAAGAAGATCCAGAAGAAACCAT

>nucleosomal\_sequence\_1559

GAATCAGAGGATGAAGATGAAGATGAAGATTCAGATTCAGACTCAGACTCAGATTCAGATTCAGATGAAGATGAAGATGAGGATGAAGATTCGGAGGAAGAGGAAGAGACGGCCTTAGCTTTTTCTTCTTTGGCTTGTTTGGAAGCCTTA

>nucleosomal\_sequence\_1560

TCAGAGCCAAAGCGAGAGTCAAGGTCAAGTTTCTTTCACCAATGAAGCTTCTCAGGATAGTTCCACCACCTCTTTGGTAACAGCCTATTCTCAAGGTGTTCATTCGCACCAGTCTGCAACAATAGTGAGTGCCACAATCTCTTCCCTCCC

>nucleosomal\_sequence\_1561

ATCATCAATATCTCCTTCCTCTTCATCATCAACAATAATATCATCGTCATCATCACTGCCGACATTCACTGTGGCATCAACATCTTCGACAGTTGCCTCCTCCACACTTTCCACTAGCTCATCGTTGGTTATCTCTACGTCTTCGTCAAC

>nucleosomal\_sequence\_1562

TCAACAAGTTTGACCAATCTAGCGTTATCAGCAGTCTTCTTCTTGTCTCTTGCGGCCTTGTTCTTTCTTTCAATGTAACGCTTGTGGTCTCTGTTAGAAGAGTCATCTGGGACATCTTCGTCCAAGAACTCAAAGGTTCTCCAGGAGTCA

>nucleosomal\_sequence\_1563

TTAAGGTTCTCTTCGCATAGTCGGCAGCTTTCTTTCGGACGTTGAACACTCAACAAACCTTATCTAGTGCCCAACCAGGTGTGCTTCTACGAGTCTTGCTCACTCAGACACACCTATCCCTATTGTTACGGCTATGGGGATGGCACACAA

>nucleosomal\_sequence\_1564

TTAACATGAGAGGTATTAAATCCACTGCTATGGTATTGTGTGGTTCTAACGACGACAAAGTTGAATTTGTCGAGCCACCAAAGGACTCTAAGGCCGGTGACAAGGTGTTCTTTGAAGGTTTCGGTGACGAAGCTCCAATGAAGCAATTGA

>nucleosomal\_sequence\_1565

TCTTCAATTTCAACATCCGTTTCGACTTCTTCAGTGTACGTTCCCTCCTCTTCAACTTCATCTCCACCTTCGTCCTCATCCGAATTGACATCATCCTCGTACTCATCATCCTCATCCTCATCCACCCTCTTTTCCTACTCCTCCTCATTT

>nucleosomal\_sequence\_1566

CACAGTCCAAGGAGTATTTCAAATTGTCACTTGAAGTGAAAACACCCCAGTGCTTCTCGACATCAGAGGTACCAGAGGTGTTTGGCTTCCAATCTTCATCAAAGGCTTCAAAAACAATAACGTTAACACCCCAAGCTCTCATGGAACAGA

>nucleosomal\_sequence\_1567

AGACTATTCACGTACAGGGTCCTCAGACGACGAGGATAGTGGAGCTTATGACGAGTGGATTCCATCGTTCTGTTCCAGATTTGGTCACGAGTACTTCTGCCAAGTCCCGACAGAGTTTATCGAGGATGATTTCAATATGACCTCGTTATC

>nucleosomal\_sequence\_1568

CAAGACCAAACATGTCCATCTGTATCTTCGGTGATGCTTTCGATGTTGACAGAGCTAAGTCTTGCGGTGTTGACGCTATGTCCGTCGATGACTTGAAGAAGTTGAACAAGAACAAGAAGTTAATCAAGAAGTTGTCTAAGAAGTACAACG

>nucleosomal\_sequence\_1569

CAGCCTGAGCTTGGCGTTGCAGCCACCAGCCCAGAAATGATACCGGAGCACAGACCAACTGTCGACCATTTCTTCTCCGATCTGTAATCCAGAAGACACCACGTCATCCCACCAGTAATGGCACTGAGACATGTATTCATGAATGCATAA

>nucleosomal\_sequence\_1570

CGCTCAGCAGTTTAGAAGCAATATTGCTAATGAAATCAAAAGCATTCAAGGTCACGTGCCTGGGTTTGCACCTAACCTTGCCATCATTCAAGTAGGCAACAGACCAGACTCAGCCACATATGTACGCATGAAGCGTAAGGCAGCTGAAGA

>nucleosomal\_sequence\_1571

TGACCACCTTGGACTTCACAGACGAAGACTCTTCTTCTTGTCGCAGAAGCACTCTGTTTGATGTCATCAGTGTAATTGACTAATGCGTTCAAACAGGTATCAACACCAAGTGAGTATTCAGTACCTGGAACGTTGTTAGAAACAGTGGCT

>nucleosomal\_sequence\_1572

ATCATCTCAGTACACTATATCATCCACTGGTATACTTTCTCAGGTTTCAGACACATCGGTGTCTTATACAACTTCAAGTTCGTCTGTTTCTCAAGTTTCAGACACACCAGTTTCTTATACAACTTCAAGTTCGTCTGTTTCTCAAGTTTC

>nucleosomal\_sequence\_1573

AAGCCTTTGCAGATTCCTCCCTTGCCATTGAAGTTGCTAACACCTGTTCCTTCCGATATAGACATCTCCAGAGCACAACAGCCAAAGCTTATCAACCAGCTTGCTCAAGAATTGGGTATTTACTCTCATGAGTTGGAGCTGTACGGACAT

>nucleosomal\_sequence\_1574

CTGAACACCACGATTTGCATCATCACTACTTTATTGGTAACTACGCTTCCTCTTTCAGATGGTGGGATTACTGTCTAGACACTGAATCTGGTCCAGAAGCTAAGGCCTCCAGAGAAGAAAGAATGAAGAAGAGAGCTGAAAACAATGCTC

>nucleosomal\_sequence\_1575

CACCTTTGGCTGCTTCCGGGGGTGTTGCTGACAACATAGGCGGAACTATGCAGAATTCAGGCAGCAGAGGGACGCTCGACGAGACTGTGCTGCAAACACTAAAGCGAGATGTGGTGGAGATTAATTCCAGACTGAAACAAGTGGTATACC

>nucleosomal\_sequence\_1576

TCTCCACCTTCGTCCTCATCCGAATTGACATCATCCTCGTACTCATCATCCTCATCCTCATCCACCCTCTTTTCCTACTCCTCCTCATTTTCATCATCCTCATCCTCATCATCCTCATCATCATCCTCATCCTCATCATCATCATCATCA

>nucleosomal\_sequence\_1577

AAGCTGTTGAGCGAGCTATTTCGGGTATCCCAGCCTTCTCTGCAGACCGCCCCAGTTGGCTTGGCTCTGGTGCTGTTCGTTAGCATCACATCGCCTGTGACAGGCAGAGGTAATAACGGCTTAAGGTTCTCTTCGCATAGTCGGCAGCTT

>nucleosomal\_sequence\_1578

AAGGAATTTGGAACGTGCCCCCGTTACTATTGTAATGGCATGCAGTTGCTGCCTTGTGGGTTGAGCGATACAGTTGGGAAACACACCGTAAGGTTGTACTGTCCCAGTTGTCAGGACTTGTATCTTCCCCAATCATCTAGATTCCTGTGC

>nucleosomal\_sequence\_1579

CCCTTGGTTGAAAAGTTCATTAATTTCACTGAAGGTTCTACCAGTTGTCTCAGGCAGATCGATGATGACCCAAGCTAAAGTGACTGCTGTGAAACCACCCCAGTATAGACCAGTTTTGGCACCCCAGTTCCAATCGCTCACGTTTAGCAT

>nucleosomal\_sequence\_1580

GATAGAGCACTGGAGATGGCTGGCTTTAATCTGCTGGAGTACCATGGAACACCGGTGATCATTCTGGTCACTTGGTCTGGGGCAATACCAGTCAACATGGTGGTGAAGTCACCGTAGTTGAAAACGGCTTCAGCAACTTCAACTGGGTAG

>nucleosomal\_sequence\_1581

GGACGCCAACACCAAGAACAGGAGAAGAAGAGCCAATAAAAAGTCAAGTGAAACGTCACCTGATTCTACTCCGGCCCCATCTGCTCCTGCCTCCACAAATGCCCCCACAAACAATAAAGAAACTTCTCCAGAGGAGAAGAAAATAAGATC

>nucleosomal\_sequence\_1582

TCGATATCGTCATCGTCAGAAGATTCAGATGCAGCGTCATCGTAAGTCTTAGCAGGCTTTTCTTGAGTTGGCTGATGAGCTGAAACAGAAGATGCTGAAGAGGATGATGAAGAGGATGATGTATCAGTCATATTGATATTGTTTGATAAT

>nucleosomal\_sequence\_1583

AGTGCATTATTAATGAACAGTGCACCACCTCCGAGTAAAAGCAAACCTCCCAAGCCTGCAAATGCCCCCCTTGGTGAAGGCACTTGACCTCTGCCTCCGGTTTGCTGTACCTTGGACAATTGTTTTTGGAACGCCTTTGCGTACCTTTGG

>nucleosomal\_sequence\_1584

AGAGAAAGTTACAATGGATGGTTGACAAGGACTTGGTCGGAAATTGGGACGATCCAAGGTTCCCAACTGTCAGGGGTGTGAGAAGAAGAGGTATGACTGTCGAAGGTTTGAGGAACTTCGTCTTATCCCAAGGTCCATCCAGAAATGTCA

>nucleosomal\_sequence\_1585

GAGGCCGTGGTTGGGAACTTGTAGGCGTATAAGAGTGTGAGTGAGCATATGTTTGGGATGAGGACGTTGCTGGCATTGTCGAGGGCCTTTGGTGGGGTCTTGATTGGTGCCCTTGCGCCAAGTTAGCTGCTGGTCTTGGTGGTCGTGGCG

>nucleosomal\_sequence\_1586

GACGTAGAGGACGACGTAGGTGTATTGGTTGATTCGGTGGACTCCTGAGAAGCAATTGAGGTACTCGTTTGTTGATTCAAAGTTGAAGTCGCAGCTGCTTGGTAAGAATGATGCTGACTTTGAGTGTTGCCTTCAACATTGGCTTCACCG

>nucleosomal\_sequence\_1587

AGCAAGCCAAGGATAATGGTGTTGATATATTTAGAGTCTTTGATGCCTTAAATGACTTGGAACAATTGAAGGTCGGTGTAGATGCTGTGAAGAAGGCAGGTGGTGTTGTAGAAGCCACTGTTTGTTTCTCTGGGGATATGCTTCAGCCAG

>nucleosomal\_sequence\_1588

TAATGTCTGCTCCAGAAGCTCAACAACAAAAGAGAGGTGGTTTCGGTGGCCGTAACAGAGGCCGTCCAAACAGAAGAGGACCAAGAAACACTGAAGAAAAGGGATGGGTTCCAGTTACCAAACTAGGTAGATTAGTCAAGGCTGGTAAGA

>nucleosomal\_sequence\_1589

TCTAGCTTGACGCTGGACCAGATTACAGGCCTAATTGAAGTCAACGAAAAGGAATTGGATGCAACTACCAAGGCAAAGACAGAAGACTTCGTCAAGGCATTCCAGGTCTTCGACAAGGAAAGTACAGGCAAGGTATCCGTTGGTGACTTA

>nucleosomal\_sequence\_1590

ACCAGTGATTAAACCAGTGAAAGAAGCGATGTAACCAGAGTGACCACCTTGGACTTCACAGACGAAGACTCTTCTTCTTGTCGCAGAAGCACTCTGTTTGATGTCATCAGTGTAATTGACTAATGCGTTCAAACAGGTATCAACACCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1591

CAAGGGCTTCTGAGACCATGAGGAACTCGCTACTTTACAAGATGTCCTACAAAGATTTCCCACAATTATTCAATGGTGGCCAAGCCACTGACAGAGTGCGTCAACAAATGATCACACCATTAGACGTCCCACCATTAGACTACTTCGACG

>nucleosomal\_sequence\_1592

ATTGCCTAAGGCTTTGGGTATCAAACCACAAATTTATGCTAAGCTGGAACTATACAATCCAGGTGGTTCCATCAAAGACAGAATTGCCAAGTCTATGGTGGAAGAAGCTGAAGCTTCCGGTAGAATTCATCCTTCCAGATCTACTCTGAT

>nucleosomal\_sequence\_1593

TTGACTTTGAGCCTTGTTAGTAGCTTCTTGTTGTGGTATACGGAACCCAGAAGCATCAACCTCACTCAACTTGAAAGATTCTAACCAAACTTCTCTCAAGGAATCTTGGGAAGTCCCTGAAGATAGTAAGCTATTTTCACCATGTTTGAA

>nucleosomal\_sequence\_1594

TTGGTCCATTCTTTCCTTCGTTCTCTTTATCTTTAATGTTTGGGTCAAGGTCTTTGACCACTTTGCCACATAACTGAGCATACATTGAAGACCAATGAGGTTCATCACAAGCCTTGTGGAAAATTTGTTCAATAACTATTTTCAATGTTT

>nucleosomal\_sequence\_1595

GCCCTTGCAACTAGAGGCTTTCCAACAAGGATTCTAAACTCCCCTCCACAGACCCCATCAAGTCGAACTGGTTCAAAAGTTATGACCAAAGGTGGCTCCAACGACGCTTCGAGCACTAAGGTGGAAGAGGAATTCAATGAATTTCAATCC

>nucleosomal\_sequence\_1596

GGCGGACCTGCTGGGAACGGTCGTCATAGAAATATCCCAAGCAAATGAAGTCGACGAGTCTGTCGTTGGCTGCTCCATTCAGTTCATCCAGCAAAGCTGTTTCCAACAAGATCCTATCAATAAATGACTGGTTAAGGTCACTCCTATCCC

>nucleosomal\_sequence\_1597

ACGTTGCAACAGGATTTGATTCAGGATATGAGCAAACTTGTGGGCAGTTTGAAGCAAGGAGCTGTGGCATTTCAATCAGCACTTGATGAAGATAAGCAAGTTCTTGGAGCTGCAGAGATAGGTATTCAAGTTGCTTCTCAAGGTTTAATG

>nucleosomal\_sequence\_1598

GAGCTTATCAAACCTGTTAAGAGTTGCCATAATAAACCTTCAGTGTTGGTGTTGGATGACAGGATTGTGGATGCGGCAACCAAAGATCTCTACGTGAATGGGTTCCAAGAAGAGATTCAGTATCAGAATCCTACACCGGAGAACTTGCAA

>nucleosomal\_sequence\_1599

GTGATTCGTCTTCTCCTGCGTTCGGTGACTTGGATCTGTGTGGTTCAGACTTGATCAGGCAATCAGCGAACAAATGTCTCGAATTATGGTCCACCCCTACTTCCATCAACGACGTCGCCTTCTTGGTCATCAACTACTTGAATGGAAACT

>nucleosomal\_sequence\_1600

TAGGATATGAAACTACGAAATCAGTCGATAGGCAAATTGAGGACCAGGACACGTTGCAACAGGATTTGATTCAGGATATGAGCAAACTTGTGGGCAGTTTGAAGCAAGGAGCTGTGGCATTTCAATCAGCACTTGATGAAGATAAGCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1601

AGGTGTATGTTGAATAGGGTTCTTTATCTTTATGGTTCTTTGCGAACGAAATATGTCTGGAAGGGTGCCAATCTCTGGTGACCACAATCCTGTGCCAGTCTCTATCAGCATCTTGCATCAAATCCGAGATAGGATTGATTAATTCCTCAC

>nucleosomal\_sequence\_1602

GATCTCCTTACTAGCAGAAGCCTTCCTACCATCTATCTGCCCTTCACCGAGCTTGCTACTGTGGCTGCTGCGAACATTCTCCTCAGCAGAGTTCTTCCTCAATATGGACACCATCGCCGGAGATTGGATCTGCTGCTTTCTGTCAACAAA

>nucleosomal\_sequence\_1603

CTAATTGAAGTCAACGAAAAGGAATTGGATGCAACTACCAAGGCAAAGACAGAAGACTTCGTCAAGGCATTCCAGGTCTTCGACAAGGAAAGTACAGGCAAGGTATCCGTTGGTGACTTAAGGTACATGCTAACTGGCTTGGGTGAAAAG

>nucleosomal\_sequence\_1604

TCACTCATTGTCCGGTGTAGACTATAAATCACTGGATGCAACTTGTCAATAACTTTCAACAACTTCTCAGCATTTGCAAAGCTGATTTCTTTGTTCTTTGGCAGTGTCAAAGCTGCGACATCATCAGGCCTGAGCTTGTTATCATGTCTT

>nucleosomal\_sequence\_1605

AAATCTTGGCTTTCCTTTTCATTGACAACAATACGACTTCCTTGATCTGAAACATTTGTCATAGGAGGTGGAGGTGGGAAGGAAATCGGTTGTCCAAACCCATGTGGTGCTGGTGGCGGAATAGACATTCCATTCATATTAGGGTAAGGC

>nucleosomal\_sequence\_1606

TTATTGGTAACTACGCTTCCTCTTTCAGATGGTGGGATTACTGTCTAGACACTGAATCTGGTCCAGAAGCTAAGGCCTCCAGAGAAGAAAGAATGAAGAAGAGAGCTGAAAACAATGCTCAAAAGAAGACTAACTAAGAGAAGAAACATA

>nucleosomal\_sequence\_1607

GTAGGCGTCCTTAGGAAAGATAGTTTGATTGATACCGAAGGCAGACGTGCCGGTCTCGGAAATGATAACATCACCTTCTTGCAAGAATTTGGACAATTCGTTCCACAACCACTCTTGTTTCAAGGGCGTGCTAGCAGGTACACCTTTGTT

>nucleosomal\_sequence\_1608

TTAATGGCAGACTGTGTCTTTGTACATATCCCTTGATTGGCACAGTGAAAGATCTTCTCAAAGTGTACTGGATATGACTCAGTCTTGTCGGATCCTTGGCCAACCTTTGAGCACTAAGAGCATCCTTCCGTCGTTTAGTCAACTGAGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1609

AGCTCCGCTAATGCCGACAATTTCGACTTCCAATCTCCGTTTGCTGTCTTGTCTGATGATGAAACGTCCCAACATTTCACCACCTACCTAATCTCTCCAGCTGAACATCCAACAATTTGTACTTTCACACCAGAAAAGGGTGGTAAACCG

>nucleosomal\_sequence\_1610

GGGTCAAATATGCCTGTGAAACGTGTATCAGGGGTCACAGGGCGGCGCAGTGTACTCACACTGATGGTCCGCTACAGATGATCAGACGCAAGGGAAGACCATCGACCACATGTGGCCATTGTAAAGAGCTGAGAAGAACCAAGAACTTCA

>nucleosomal\_sequence\_1611

TGAAGAACAATAGCTAGTTTCACAAATTTCATCATCTTAACCCTCTCTGGATCCTGGAAGAACACGTTTACTTCCTGGGCTGTTTCCACAACACTCAGGCCGTCTTCAACACTTTGATATTTTGCGATTACTAAAGAAAGTTCCATAAAT

>nucleosomal\_sequence\_1612

CTGGGTCAACGACGTAGACAATACCATCAATTGTTAAAGAAGTTTCAGCGATGTTCGTGGAGATAACAACTTTCCTGCCTGGTCTACCATTATGTGACTCTGGAGCAGGCTCGAATATTCTTTGTTGTTGATGCGGTGGTAATGAACCAT

>nucleosomal\_sequence\_1613

TTACCACAACTTGAAGTCTTTGACCAAGAAGAGATACGGTGCTTCTGCCGGTAACGTCGGTGACGAAGGTGGTGTTGCTCCAAACATTCAAACTGCTGAAGAAGCTTTGGACTTGATTGTTGACGCTATCAAGGCTGCTGGTCACGACGG

>nucleosomal\_sequence\_1614

ATGAAGCCAGTAAATATCCCACACTTTAAAGAAGTCATTATCATGTCGACGGTCTGCGATCATTGTGGTTATAAGTCTAATGAGGTGAAGACCGGTGGTGCCATCCCTGACAAAGGAAGAAGGATTACTTTATACTGTGACGATGCAGCT

>nucleosomal\_sequence\_1615

GATGTAGAAATACCGAACCAGGAATTAGTCAAACCGAATCCAACACCAAGAATTGACCACAACGAAAATGACTTTCTTAGATGAACTTCACCATCTGCTGCTACAGCACCCTTGCTATCCATATCATCCAATGGCTTTATTTCCTCCTCA

>nucleosomal\_sequence\_1616

CGTTGCAGTTGAGGCACCTTTTGAGGACATTTCTCCTAACCGTAGACTGCACACCCAAATGCCTGAAGTCTCATCAGGTTCCCATACCATCAATGAAGTATCAGCAGTAGCAGCTAGTAGTTGTAAGCGACTTTCGTGCCACTGAAGGGA

>nucleosomal\_sequence\_1617

CGTTTCTCGAAGACTGCGCACAATACTTACAGTCCTCAGAACAACCACCAGATTTGATGTTCATCAATGTGCACAATTGCACTTTGGTTGGATCGTGCCACTTTCTGTGCTGCAATTGTGCTGCATGAGTAAGTTCGAGCAGTGGGGTAT

>nucleosomal\_sequence\_1618

AGACACACCGGTTTCTTATACAACTTCAAGTTCGTCTGTTTCTCAAGTTTCAGACACACCAGTTTCTTATACAACTTCAAGTTCATCTGTTTCTCAAGTTTCAGACACACCGGTTTCTTATACAACTTCAAGTTCGTCCGTTTCTCAAGT

>nucleosomal\_sequence\_1619

GGATAAATTCGAGCTCCACTTCGAACCTCGTGGGGAGAGGATTTTGATCCGAGGAAGGTGTCGCTGGTGCGTTTCCATTAGTGCTTGACATCCTGGGTGGAGCTTGGGGGAACTTTGCCGTCTTATGAGTGCTATAAGTTTTGGCTTACT

>nucleosomal\_sequence\_1620

GCTACAGTCTACTACTTTGGATAGCTCAAGTTTAGCTAGCTCCTCTGCGTCGAGTTCAGACCTTACAGATTATGGCGTCTCCAGTACAGCAAGCATACCGCTGTTGTCAGCCTCAGAACAAGCAAGTACTTCCAGCAGTTTTAGCGTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1621

TGCTCTACGTTACTAAAGTAACGGATTACAAATTAAACAAAAGATGCTTCAAACCAGTTTCGGCATTCCATGGAGGGCTCAGTGTTATCATTGCCCCACATTGGATGGAGATGTTTAACTCTATAGAACTACAAATGTTAATATCAGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1622

TGTCTTGATAGCGCCTGAAATGCGTTGAATTCGTTCCTTTTCCTCCTCTTCAGTTTCCTCTGCACGTTGTCTTGTACCCACACTTGGCCAAGAAAACCCATCTCTCTCGACAGGAGGGTTTAAAGTGTATGGAGAGGTAGGTCTAATGTT

>nucleosomal\_sequence\_1623

GAGATACGGTGCTTCTGCCGGTAACGTCGGTGACGAAGGTGGTGTTGCTCCAAACATTCAAACTGCTGAAGAAGCTTTGGACTTGATTGTTGACGCTATCAAGGCTGCTGGTCACGACGGTAAGATCAAGATCGGTTTGGACTGTGCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1624

TGAGCGCACCTCAAGTGAGAAACGCAGGCCCAGAGATTCTCCAGGCAGGAAGGAATTGGGACAGATCCTGCCTGGAGGGATGGAGGAATTTACTTCGTAGGCTGGAACAGGCTCATCTCAGCCAACGATTGTAAATGTGCAGGGCCATCG

>nucleosomal\_sequence\_1625

TTCAGGTAAGCCATCAACATGTCCACTAGGTAGTCCATGTGGCGGACCTGCTGGGAACGGTCGTCATAGAAATATCCCAAGCAAATGAAGTCGACGAGTCTGTCGTTGGCTGCTCCATTCAGTTCATCCAGCAAAGCTGTTTCCAACAAG

>nucleosomal\_sequence\_1626

CATTTCTCCACTTTCGCATACCTTGAAGTGATGAGACCCAACCAGCTCACCTTTCACCCCATCACTCCACTCCCCATCAAAGAACCTGTACATTTACCCATACAACTGACACATGTATCGTGGACGGCCTTAATAACGTGCACCATGGTA

>nucleosomal\_sequence\_1627

CTTTTGAATAATCTTGAAAAAGCCATCTTGGTCCAAACTACCACCAGCAGCAGATTGCTTGTCTGGATGGTACTTGACAACTTGTTTTCTGTGAGCCTTGATGATTTGACTTTCAGTAGCTCTGAAACGCAACTTAGACAAACCCATAGC

>nucleosomal\_sequence\_1628

GTAGGCGACTTGTTACCAACTTGGTTGTAAACTTGCAACAAAGCAGAGGCACCTAGTGACTTAGTCTCTTGTTTAGCTGATAGATCAACCAAGACAAGGACAGAATCATCTGTGTTTCTATTTAGCAATGGAGTCCACGTTTTACTAGTG

>nucleosomal\_sequence\_1629

CTTGGGATGGGGTAGCTTGGTTACCGTTAACCAATTCGTTACCAATGGAAACAGTGGTGACATCGTCCCAAGAACCGTAAGATTCAACAGCAGACTTGATGGTGTTGACACCGTCTTGGATTTGGTCAACGTAGTAAATACCTAAAAAGA

>nucleosomal\_sequence\_1630

TCGTAACCCATATCATCTTGTGGCGAGTCGTAGAATGGTGAGATCCAAATGGCATCGGCACCAAGCTCTTTGATGTACTCCAGCTTGGAGGCAATCCCTTTCATGTCACCCCAGCCATCGTCATTAGAGTCTTTGAAACTTGCTGGGTAA

>nucleosomal\_sequence\_1631

GTGGTAGTTGGCTTGTTTCCAAATAACCCACCTCCAATGGTGGATTGTTGAGGTTGTGCTGTTTGTTGCCCAAATAAACCTGTTCCAGTAGCTGTAGTTCCTGAAGCGGTAGTGCTTGAACTTCCTAGGCTGCCAAGAGCAGGCTTATTA

>nucleosomal\_sequence\_1632

ATTTCGCACAAGCACCTTCTGCTGCAGAATTTCACACCGAATCTGTGCAACGTGTCAAGAACTTGCATTTGGCAGATTGTTTGAGAGCTAATAAGTCCACGATGGCTTGGGGTCTAGAAGCTCGTGTTCCCTTCTTAGACAAAGACTTTT

>nucleosomal\_sequence\_1633

ATTCAGGATATGATTTCTAGGGGCAAACTCTTTGTCATAGGTGAAGAAGAGACGAAAGTTACTAAGGAGCTCTACCTCGTTGACTCTGAAACCGGAAGAGGGGAGGGATTTCCCACTGATAATGTTGTCAAGTACAAGAATATTGCTGAG

>nucleosomal\_sequence\_1634

ACGAAGGAGATGGCTCTGACAATCACGAGGAAGGTGGAGAAGAAGGAAGTAGAGGAGCTGATGCTGATGTGTCCAGTGCACAGCAGCGTGCCGAAAGGGTTGCGGACCCATGGATATATCAAAGATCTAGATCAGCTATTAATATAGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1635

TATTTGTATGCAGGAACGACACTTCTGGTATCGTACGTGCTACGACGGTTGACATTTGGAAGGCATTGGTTCCAAATACTCCAAGAGCTGTGAAAGAGATCCTTCCAACATTGACTGGTATGATAGTCACTCACTTGGCTTCATCATCCA

>nucleosomal\_sequence\_1636

GAGAAATCTTACGAAATTCTAAAAGAGCATGATGTCGATTATGTCTTGGTCATCTTTGGTGGTCTAATTGGGTTTGGTGGTGATGACATCAACAAATTCTTGTGGATGATCAGAATTAGCGAGGGAATCTGGCCAGAAGAGATAAAAGAG

>nucleosomal\_sequence\_1637

TGGTATTGTGTGGTTCTAACGACGACAAAGTTGAATTTGTCGAGCCACCAAAGGACTCTAAGGCCGGTGACAAGGTGTTCTTTGAAGGTTTCGGTGACGAAGCTCCAATGAAGCAATTGAATCCAAAAAAGAAGATCTGGGAACACTTAC

>nucleosomal\_sequence\_1638

CTCATGACGGAGAGATACTATGCCATATATCTTCATTGTGCGACGAGCCTGGATGCCACAATAGCACCACCGCAACTTGAACTTGTAACTGATCCTCAGCTTTCTATGGACAGTTTCCTTGAAATGATTAGGGTATTTACTGTACCAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1639

CTTACCAATATTCAACTCCCAAGGTTGTTCATTACCTGGTATCAAAAGGTCGCTGACAGAGAATCCACTCAAACCACACTTAGTCTTGGAACCTCTGCCTGTAGCACCCTCGTCTCTGATTTCACCACCAGAACCTGTAGCAGCACCTGG

>nucleosomal\_sequence\_1640

CGTCAATGGCGTCGTAATTAATCTTCTTGGAGAAACTTGCCTTCTGCAACATGTTCTTGACACTATCAGCAGTTGTGAAATCACCACTTTCCTCAGCTGCCTTCAATGCAGCGTGTAAACCAGACTTATCTTGTAAGTCTGACATCAATC

>nucleosomal\_sequence\_1641

TTCTTGCACTCTTTGCCAGTCAAGGAATTCCAAATCATTGACACTTTGTTGCCAGGTTTGCAAGACGAAGTCATGAACATCAAGCCAGTTCAAAAGCAAACCAGAGCCGGTCAAAGAACCAGATTTAAGGCTGTTGTCGTTGTTGGTGAC

>nucleosomal\_sequence\_1642

TATTGATGGACACCACCTGGAGAGACGCTCATCAATCTCTACTTGCAACAAGAGTCAGAACCCACGATTTGGCTACAATCGCTCCAACAACCGCACATGCCCTTGCAGGTCGTTTCGCCTTAGAATGTTGGGGTGGTGCCACATTCGATG

>nucleosomal\_sequence\_1643

AAGTTCAAAGCAAGATTAGGCTTTCTGATGAATTGGTAGCGCAGAGTCTGGCAAAGTCTATTTCAAGTTCACAGCGTCCGTTTACCACAATTGTTTGAGAACTCTTCTCCTTCCTGTGCCTATAGCCACACTTGCAAACATTACATGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1644

ACTTTTGATGAGAATCCTTTGCTCTTGGGAGATATGGGTGAGTAGTCGTTGTGAAAACAATGGCTTCTGCACCTTGAGAAATAGGTGCAATGTCCACATCAGGAGTCAGGTAGGAAGATACTTTATCAATGAATTCTTGCGTCATAATGA

>nucleosomal\_sequence\_1645

TGACGGTTCTCAAAGCAGCAACGTGCTTTCTGCCACCGTTGTGAACAGCAACCTTGATCAATTGGTTGTTGACCTTGGTGAAGGTAACATCAATGTGCTTCAAGTTCTTGGTCAAAGTACCTCTTGGACCAACAACCTTGACGATTCTGG

>nucleosomal\_sequence\_1646

AGAAGGCTTCCACTAAGGCTAACTCTCAACAGACAACAACACCTGCTTCATCAGCTGTTCCAGAGAACCCCCATCATGCCTCTCCTCAAACTGCTCAGTCACATTCACCACAGAATGGGCCGTACCCACAGCAGTGCATGATGACCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1647

AACGTAAAGGAATATGGCCAGCATGCATCTGTGGAATATTTGAAGGGTCTGGCACTTCAGATAACCCTGGCAACAGCTCATATGCCACTTTGTACTCCTCAGATGACGGAAGGGATACTGAGATCCTTATTAAAGCAGACATGGCTAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1648

AATCTGGTATACTGGTAGCACTAGAACTAGCACTATTTATTGGAGAGCCCACAACCTTCTTCTTTCTGCCTCTTTTACCTCGAGGGTGGGAGTTTGTATGAATTCTTCTGTGTCTCGTCAGTTCATCGCTTCTACTGAACCTTTTCACAC

>nucleosomal\_sequence\_1649

AATATTGACGAAAATTGCATCTACGTTCTTATTGGATAAGATCAATTCGAAACCTTGTTTGATGGTCTCAGGGGTGGCACCACCACCACAATCCAAAAAGTTCGCAGGATCGCCTCCATTTAATTTGATGACATCCATAGTAGCCATAGC

>nucleosomal\_sequence\_1650

TTCCAAGAAATGTACGACTACTGTGTTCAAATGATCAAGGATGGTAAAGCTTACTGTGACGACACTCCAACTGAAAAGATGAGAGAAGAACGTATGGATGGTGTTGCTTCTGCCAGAAGAGATCGTTCTGTTGAAGAGAACTTAAGAATT

>nucleosomal\_sequence\_1651

TAGAAGATTATACAGATAATTACTATCTTGGATACATAGATGCACCAGTCACAAGAAATCCATGTTCAGACCACCTAATTCCAGATTGTTCAGGTCTAGAGAATCCAGTTCTTTCCCCCCGTTATTCATGTTATTCATGCCCATATTCAT

>nucleosomal\_sequence\_1652

ACCAGACAACTGCACTAACTGAAAGATTCTTCCCAGGATTCGAACTTGATGCTGATGGAGACACTATCATCGGTGCCACAACCCACTTACAAGAAGAATACGACTCTGACTATGATTCAGAAGATAATCTGACCCAGAATGGATACGTCC

>nucleosomal\_sequence\_1653

AAAGGTTTGACTTCAGTATTCTGTCCTGGTTTAACATTAGACAGGTGTTGAGAGGCGCCTGTATCCGTCACAGAAGCACTTGCTGTCGTCGACGTTACAGGTGTTTGGAGGCTGTTATCATTCAAAGCAGTGACAATAGCACCTCTAATA

>nucleosomal\_sequence\_1654

TTGGAGAAGAAGTTATAGCAGCGCTGCTACTAGAGGAACCTTCAGAGGTGGTAGCGGCTGTTTCCTGTGTGGATGAAGTAGAGGACGAAGTAGAGGACGAAGTAGAGGAAGAAGTAGAAGAAGAAGTAGAGGAAGAAGTAGAAGAAGAAG

>nucleosomal\_sequence\_1655

GAAGATGAACCTTATTATTTCTTACAAATGAATCCCTACATCAAAGACTTGAAGGAAAGAGAGAAGGCACAAAGTTCTCCAAAGCAGGACCATGACGAATTTTTGAAGTCCTTGGCAAACACTTTCCTTTCCTTGGATACAGAAGGCCGT

>nucleosomal\_sequence\_1656

ATTGTATCAATAAAGGCGAATTGGTACCTGCCAACAAATATCTTCCAGGGGAGGCTCTTCCACCTCACTTAAGCCCATGGGGTGATGCTATTGGTTACGATCCAACTGCTCCTGTCGAAGAAGGCGAAGAAGAAGAAAGTGAAAGTGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1657

GGTGTTGCTCCAAACATTCAAACTGCTGAAGAAGCTTTGGACTTGATTGTTGACGCTATCAAGGCTGCTGGTCACGACGGTAAGATCAAGATCGGTTTGGACTGTGCTTCCTCTGAATTCTTCAAGGACGGTAAGTACGACTTGGACTTC

>nucleosomal\_sequence\_1658

GCGATGTATGGTAGCTTTGTTTCTACCTTGTGGTACTTTGACAACTCTTCGTCGTAGTGGAAGTCACCACTGTTGACCCAAACGATCTTTGTGTAACCTTCGGACACCTCATTCAAAGTGCTTGCCATTCGAACATGATAGCCGAGTGGT

>nucleosomal\_sequence\_1659

ACATAAACAGGACTACGTCACCGACGGAAGCAAACGAAGTATCTTCACGATCTCATGCAGTGCTGCAAATACACATCATGCAGACAAATAAGCTTGTAGACTTGACCTCGCAACATACATTTGCTACACTTTCAATAATCGATCTAGCTG

>nucleosomal\_sequence\_1660

ACTTTAATTGAACCATTAGAAGAACATAGCAAGAATTTCATGTTCGTCACCGAGTTTGTCACTAGCTCATTGGAGACCGTTTTCAGAGAAACCGATGATGAAGAGCAGAATTTCTTACAAGGTCATGTTAAAGATAATATCGTGGTACAG

>nucleosomal\_sequence\_1661

AATGACAGGGAAGGCAAAGAAGAACGCATATAGTAGAGAGTAAATCAAACACACGTAGAAACAAGTGGCAACTAGAACAGGTTCAGTGACAGCGAAGTACAAAGGTCTCAACAGACAAGCCCTCATCATTTCACTCATACTGACACCTTG

>nucleosomal\_sequence\_1662

TTCAATATGACCTCGTTATCCCAAGAGGTACCCCACTACCGGAAAGCTCTGGATTTGATATTGGATTTGGAGGCTATGAGTGATGAAGAAGAGGACGAAGACGACGTGGTGGAAGAAGACGAAGTGGATCAAGAGATGCAGAGTAATGAC

>nucleosomal\_sequence\_1663

AAACCACCTCACGCAAGAAGAACAGGCGGTGGACGTATTGTCCCCGGAGTTCCTCCTGGTGCAGCAAAGAAGACCATCCCAGGGCTAGTTCCGGGCATGAGTGCCAACAAGGACGCCAACACCAAGAACAGGAGAAGAAGAGCCAATAAA

>nucleosomal\_sequence\_1664

CAAAAGCAGGTATTACAACTTAATAGAGATTCGTACCCCTTCGAGGCGGGTTTGGAGCTACCTTTCGAAATGGTGACAGAAGTCCCCATTCCTAGGCGACCACCGCCACCACAGGCTGCAAATAACACAAACTCTGTATCAAATAACACA

>nucleosomal\_sequence\_1665

GTGGATGAAGAGGAAGATACAGAAGACGAAGAAGATACAGTGGAAGAAACCGAGGAAGACACAGTGGAAGAAGCCGAGGAGGACACAGTGGAAGAAACCGAGGAAGATACAGTGGAAGACGCCGAGGAAGATACAGTAGAAGAGGATGTA

>nucleosomal\_sequence\_1666

CCCATTTGGTGTGCAATAGTAAAGATGATGTCAACAAAATCTTGACCTCCTGTGTTGCTGCCATCCAATCGATAAGGTCACACCAAACAGCAAAGAAAGGACGTAAGGGACAGGTATCCCATGCTGTTGCAGCTCCTTTGGTATCTTTCA

>nucleosomal\_sequence\_1667

TAAGAGACAGGTTAGATAGGGTGGTGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGTGTGGGTGTGTGTGTGTGGGTGTGTGTGGGTGTG

>nucleosomal\_sequence\_1668

AAGCCGGGTAAGGAGTGACAGCGAGAGTAAAGATAGATGTGAAAAGTGTGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGGTGTGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1669

AGGGTAACGAGTGGGGAGGTAGGGTAATGTGAGGGTAGGTTAAGAGACAGGTTAGATAGGGTGGTGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGTGGGTGTGGTGTGTGTGGGTGTGGGTGTGGTGTGGGTGTG

>nucleosomal\_sequence\_1670

CGGCCCCTTTGAACCTCTTCATCTTTACCTCGTATTCCGGCACGTCCTCCTGCTGCTCGTGCGGTGCAGGTGCAGGTGCAGGTGCCTGTTTCAGGTTTCTGTGAGCAATCTCGTTCTTATCAATCTCCTCTATCTTGGCTCCGGAGATTT

>nucleosomal\_sequence\_1671

TGAACCATCATGACCACTGGATCCATCACTTGCATAAACGACAGGGAAGTCGACCGATGTCCATGATGCCACGGTACTGTTGTGACTTGTACCAGAGCTGACAACAACCAAACCTTGGATACTAGAACTTAGTGATTGAATTAAGCTTTG

>nucleosomal\_sequence\_1672

CCCACTTGAGCATACGAGTACACTGAACAAGTTTATTGACAATGCAAGGGAGGAGGAAGACGCTGAAGAGGACTCTCAACCGACAGAAGAACCTGTACAGAAGGAAACACAGGACGCCAGCGACAGCGACAGCGACAGCGACGATGACTA

>nucleosomal\_sequence\_1673

ACACATAGGTACTTGCTGAACGAAACAACCAAAAGAGTTGCTTGGTGCCACGATTCTCCCAAGCCTCCAAGTGACAGAATCACCTTCACTCTGCCTGTGTTGAAAGACGCCAAAGCCCTGTGTTTTGTGGCTGAGGGCAGTTCCAAACAA

>nucleosomal\_sequence\_1674

GGAAGACCTAAATTCTTGATTAGACTTGTTACTCCTAATATGTTGCGGCACTCAAGTGGTGACATGGCACCACTGCCGATAACAATGCCTCTGGACCTCGAACTCCTGATGACGCTTCTTACATTGGATACGAACTGCCTCCGAGCTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1675

GACCACGTCCGTAACCATCATCATCATAATCATCATCATAACGACTGCGTGACCCCAGCGACATTCCTCTTCTTCTTGATGATCTTGTGTTTGGACGTGTTGAGGATTCATCAGTAGAATCAAAGGAATCTGGAATATCGTCGTAATAAT

>nucleosomal\_sequence\_1676

GCCTGTTTCGGAAGCGTTTGCCAAGTTGTGTGTGAATGAGAAGCCTCCTGCTGAATCTGCCGTTGCGGTGAAGTCTTTGGTCTTCAAACCAAAGACTCCAAAGTCCGCCACCCCTGTTCCTATCGTTGTGGTGGCTTTGCAATCTACTAC

>nucleosomal\_sequence\_1677

CTTGGTGTAATGCAATTCGTTGATTTGACCGGAGATATAAGGTTCCAATGCACCGAAGTCCCACTTCAAGTCTGGCAAGGTGACTTTGGTTCTCCTTGCTGTGGTGGAGAGCAATGACAAACCACCCTTCTTGGTTAAATTAGCAGCTGC

>nucleosomal\_sequence\_1678

TCATTCCTAAGGGACTTGACCCCACAAGAGGTGGAAAGACGTGAGATTCCATTGGCTGAGGTGCTTCCAGAACCTTCTGGTGGTGAAGATACCGGTCTGGTTCCCCCATTACCTCCCACCGATATCGGTAGACATGTCAAATACCAATGG

>nucleosomal\_sequence\_1679

GATTATCTCGCTTATCAGCAGAGTACTTTAATAAGAAGTCTTCGACCTCAGTTCCTATCTCGGTAGGTGACACACCTACTACCACGCCAGGGTCCATTGAAGCTGCAGGTGTGGTTGCATGGAATGAAATTCTATCTCAGACTGATATGA

>nucleosomal\_sequence\_1680

GCCTTCGGAAGTATCTTCGTTGGGGTCAGATCACCAGAATGATGGTGAGGATTCAGACACTGACAGTGACAACTTTTTGCAAGACCCTGAAGACGATGTGGATGAAGAAAGCACTGGTAGAGGTACAGTCACTACCACTTCCACATCCAC

>nucleosomal\_sequence\_1681

GTGTCACATCATCAACATCTACCACCACAAGTACTACGTCGTCAACCCTCATTTCCACGAGCACATCATCATCATCATCATCAACTCCAACCACAACATCGTCAGCCCCCATTTCTACAAGCACGACGTCGTCAACTTCCACTTCAACAA

>nucleosomal\_sequence\_1682

CCTTCGCCTCTTGAAATAACAAATCCAACTTTGCCATCAACTTCGACAGCTGGGGCACCGTTAGCGCACTTGCTGACATCACACTTGTCAAATGGCAAACCAATGAAGTCACGGAAGTTAATGATAGTATTCTTAGGATTTCTGATTAAT

>nucleosomal\_sequence\_1683

GACCACTGACGGTGTACGAAATCAATTTCAGAGTAATGGTTGGTGTTCAAATAACTGTGCTGGTCATCAGTTTGCCATCGTACAGGGGTTCATGTGCTGGTGCAGTGATTCGGAACCGAGCACTCAGACATCGGTGGGAGACTGCAGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1684

ATAAGAAGTCTTCGACCTCAGTTCCTATCTCGGTAGGTGACACACCTACTACCACGCCAGGGTCCATTGAAGCTGCAGGTGTGGTTGCATGGAATGAAATTCTATCTCAGACTGATATGATTTCCAAGGATCATGATCAGTTATCAACCG

>nucleosomal\_sequence\_1685

CGTCAGAAACGAACGCCTTTTGTTTAGTTAATTGGTAAATCAGCCATGTGTCCACAGTGCCGAACATCAGGTCGTTCTCCTCATACGCCTTGGTACACAGAGGCTCATTGTCGAGGAACCAGCGCAGCTTGGAACAGGAGAAATACGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1686

TCCGTCAATCTGTAACGACCCAAATCGTATTAAAGTTTCGCCGTCCTGTTCACTGAACCTTCCCTCATTTGGAGAATCTCTCCTCGCCAGCGACGCAAAGTCCTTAGGCAACTCTAGTTCACCTTGAATCTCCAGCATCATCATCCCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1687

GTCAACCCTCATTTCCACGAGCACATCATCATCATCATCATCAACTCCAACCACAACATCGTCAGCCCCCATTTCTACAAGCACGACGTCGTCAACTTCCACTTCAACAAGTACAACATCGCCAACTTCTTCTTCAGCACCTACAAGCTC

>nucleosomal\_sequence\_1688

CGCTATTCTCCATCTATGATCAGTCCACGTCTCCATATCTCTTGCACTGTTTCGAACTGTTGAACTTGACCTCCAGATCGTTTGCTGCTGTGATCAGAGAGCTGCATCCAGAATTGAGAAACTGTGTTACTCTCTTTTATTTGATTTTAA

>nucleosomal\_sequence\_1689

TTTTTCCAATTATGGAACGCCTGTTCCTGATCCATGGCCTGCACTTGCGACCACAATTCCACACCTGAGGCACCTGCCTCTTTTCCAGCATGTGGCAACTGTCCCCACGACAGGGCATCCCAGAATCCTCTGGTAAATCTTAAATGAAAC

>nucleosomal\_sequence\_1690

GATGATGGTGCAGGAACTACAGACGAAGATTACATGGCCTGGAAGGACTCCATCCTGGAGGTTTTGAAAGACGAACTGCATTTGGACGAACAGGAAGCCAAGTTCACCTCTCAATTCCAGTACACTGTGTTGAACGAAATCACTGACTCC

>nucleosomal\_sequence\_1691

AGAATATATCGTATGATAACGTAAGAGTATTCAGTATCAACGGCAACAACAACAACAACAACAACAACAACAGCACAACAACAGCACAACAACATCGAACGGTTGCTACTGCGACGTTACGGATTATATCCACAGTATATGGCGTGCAGC

>nucleosomal\_sequence\_1692

TGTAACAGGGTTGGCTCCTGCAGTTGCAGGCACATAATAACCCTGTTGTGGTTGCTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGCTGTTGTTGGAGATGATTCTGAGTGTAGTGAGCCTGAAATTCCATTTTATCAAAACG

>nucleosomal\_sequence\_1693

GTTTGTTTCCTCACGTGTGTTGGAAAAGGAAAAGGACCATGTTGAAGGCTTTGCTCCAGAAGTTGCCTGGGTCACCAGAGCTGGCTCCTCTGAATTGGAAGAACCAATCGCCATTAGACCAACTTCTGAAACTGTCATGTATCCTTACTA

>nucleosomal\_sequence\_1694

AAAAGAGTTGCTTGGTGCCACGATTCTCCCAAGCCTCCAAGTGACAGAATCACCTTCACTCTGCCTGTGTTGAAAGACGCCAAAGCCCTGTGTTTTGTGGCTGAGGGCAGTTCCAAACAAAATATAATGCATGAGATCTTTGACTTGAAA

>nucleosomal\_sequence\_1695

GTTTATTGACAATGCAAGGGAGGAGGAAGACGCTGAAGAGGACTCTCAACCGACAGAAGAACCTGTACAGAAGGAAACACAGGACGCCAGCGACAGCGACAGCGACAGCGACGATGACTACAATCCGGGCTTATCCATGGATTTCCTCAC

>nucleosomal\_sequence\_1696

GATTATCTTCTACCTCCTCTGAAACCACCACGAGATCCGCCACGAGATCCTCCTCTAAATGATCCGCCACGAGATCCACCTCTGAAAGAACTGCCACCACGGCCTCCTCTGAAAGAACTACCACCACGGCCTCCTCTGAAACCTCCTCTG

>nucleosomal\_sequence\_1697

TACATGGCCTGGAAGGACTCCATCCTGGAGGTTTTGAAAGACGAACTGCATTTGGACGAACAGGAAGCCAAGTTCACCTCTCAATTCCAGTACACTGTGTTGAACGAAATCACTGACTCCATGTCGCTTGGTGAACCCTCTGCTCACTAT

>nucleosomal\_sequence\_1698

GATGGTGAGGATTCAGACACTGACAGTGACAACTTTTTGCAAGACCCTGAAGACGATGTGGATGAAGAAAGCACTGGTAGAGGTACAGTCACTACCACTTCCACATCCACTGAGTCAAGAGGCCGTCCATCTTCTTGTATCTTCGTGGCA

>nucleosomal\_sequence\_1699

TGTGAATGAGAAGCCTCCTGCTGAATCTGCCGTTGCGGTGAAGTCTTTGGTCTTCAAACCAAAGACTCCAAAGTCCGCCACCCCTGTTCCTATCGTTGTGGTGGCTTTGCAATCTACTACTACTCCTTCTGCGTTGATTGCCAACGCTAC

>nucleosomal\_sequence\_1700

GCAAGTATGGCGGTGTTGTGTGGTGTATGCGGAATAAAAGAGTTCAAATACAAGTGTCCAAGATGTTTGGTGCAAACTTGCTCTTTGGAGTGTTCCAAGAAGCACAAGACAAGGGACAATTGCTCAGGTCAAACACATGATCCTAAGGAG

>nucleosomal\_sequence\_1701

TGAGAACTGATGAGCTAGGCCGAGAAAGCTGGGAATATTTAACCCCTCAGCAAGCCGCAAACGACCCACCATCCACTTTCACGCAGTGGCTTCTTCAAGATCCCAAATTTCCTCAACCTCATCCAGAAAGAAATAAGCATTCACCAGATT

>nucleosomal\_sequence\_1702

CTTCTTGCAGGCGGTCATATTCTTCCTGGTTGAAGAGGGGGAACTCTGCCACCATGGATGCACACGTATTTGGATCATCTTCGTCGCTGTTGTACTGTGAGCTCTTGTTTGTGCTATGTTCTCGGTGCCCCTTCATGGTTTGTATCTCCC

>nucleosomal\_sequence\_1703

AATGGTGAGAGAGATGGATATCGGTAGTCTGATGGGATTGTTGAACTTGGTGTGATCGTGAGAGGTAGCGATGCCAGAAGCAGCAGGTGGCGTCTGGTTTGGGGGAGATGAGGGAACAGTATTAGTAGACATCCAGGAATAACCACTATA

>nucleosomal\_sequence\_1704

GTTTCAAGTAGCTCTATCACGAGTAGTAGTAGTACGAGTATTGTGGACACAACCACAATCTCGCCGACTCTGACGTCAACGAGTACGACCCCATTGACAACCGCCTCAACCAGTACAACACCATCAACTGATATAACATCGGCACTGCCC

>nucleosomal\_sequence\_1705

GATCTGTCACCATCTGTGTACTGGAGGGCTCCATTCAACGCCCTGGCTGATGTGACCCAGTTGGTGGAGTTCATTGTTCTGGACGTGGATTCTACAGGTATAAGCAGGGGAAATCGTGTCTTAGCTGACATTACTGTTGCTAGAACGTCT

>nucleosomal\_sequence\_1706

TGTAAAGTTTGCAACACCTTGTTGTTTGCCGTGTTCAGCACGTTGCTCTGCGAGTGGAACTGCGACCGAGTCTCCCAGGCTTGGGAGATGAGACGGTCGACTACGTTGTTGGACTGATCGATTCGCCTTGTTTCGTTCTGAATGTACTCG

>nucleosomal\_sequence\_1707

AAAGAATCAGATGAAACTACTGTATGCCTACTAGAAGAGTGTTCCGTTTCGACTTGGCACTGCAAATTGTTTGATTCTTCAAGCAGCTCTGGGGCCCTCCAACCACTTGTGCCAGAAGGGTTATTCAAATTTGTTCTAAATGAAGACTGA

>nucleosomal\_sequence\_1708

TTACCGATGATGGCACCATCGGATTATCCAGTTCTTCGATTTCGTATCCAGGCGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGAAGTGCTAAGTCGCTGTCCTCTTCAAAACCAGGAGGTGGGGGCGGTAGTCCACTCATCTTTCTTTGACGCTATTTTT

>nucleosomal\_sequence\_1709

GAATTAGACGTGGCCATCTGTTTTGGATAATTTTCTTCACTCGCTGCGGCGTTGCCATTATCCACATCTGAAGGCTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGTTGCTGCTGCTGTAATTGTAATTGCCTTTGCTCTTCTAAT

>nucleosomal\_sequence\_1710

ATTACAGCTTTCCATTTATAGAGCCCTCCGTTAGACTGGAAGTGCTAGGTGAGGGTGTTACTGGCGACAAGCACTCGTCTGTCAATCTGCACAATTTGTGGGAGCACATGATCTATGTAAAAGATCCTACGCTGTCCTTTATCTTGACCC

>nucleosomal\_sequence\_1711

CGAACATCAGGTCGTTCTCCTCATACGCCTTGGTACACAGAGGCTCATTGTCGAGGAACCAGCGCAGCTTGGAACAGGAGAAATACGTGGAGAGCAATGGCAATCCAGTCTTCTGTCTAAGCTGCAGTTGCCTATCGACGCTAGTGTTTT

>nucleosomal\_sequence\_1712

TGTTGAAGAACACCACAGTGATCGAGTTTCCCACGATATTCGTTGCCATGACAGAGGCTGACCTACCAGAGGGCTACGAGGTGCTACACCAGGAACCCCGCCCACTTGAGCATACGAGTACACTGAACAAGTTTATTGACAATGCAAGGG

>nucleosomal\_sequence\_1713

TAACCATAAAGTAAGAGAGTAGAAGAACAAATCAAAATATGCCTGTTTCGGAAGCGTTTGCCAAGTTGTGTGTGAATGAGAAGCCTCCTGCTGAATCTGCCGTTGCGGTGAAGTCTTTGGTCTTCAAACCAAAGACTCCAAAGTCCGCCA

>nucleosomal\_sequence\_1714

GGTACAGATCTGAAAGATTGCCAGCCAACTTACTACAAGCTCAACGTGACTACTTTGGTGCTCACACTTTCAGAGTGTTGCCAGAATGTGCTTCTGACAACTTGCCAGTAGACAAGGATATCCATATCAACTGGACTGGCCACGGTGGTA

>nucleosomal\_sequence\_1715

AAACTCCTCATCGTCGTCGTCTTCGTCTGACGATGTCTCGTCCTCGCCAGCTCCAGTGGTCGTCCTAGCATTTCCATCTTGCTTGTGCAAAGGATGCACCTGCTCCTTTTCAACAAGGTCCTGTAAACACGAGATTTTATCGGAAAGCTG

>nucleosomal\_sequence\_1716

AAGAGCCAAGAGCTACTATGGCAATGGCATCAAAACATATCCCTTGCCATCTTCACCGAAATCGCCGACATCAGAAGAAACACACTCATCTATGACAGCATCTGGAGAGGACTCACACCTACTTAAGCAATAGATTGTGCTATCTGGGAC

>nucleosomal\_sequence\_1717

GCTGCTGTCAAATTTGTTGCTTATGAACAGATTAGGAATACCTTGATTCCCTCAAAAGAATTTGAGTCACATTGGAGAAGGTTGGTGAGTGGTTCACTGGCAGGATTATGCAGTGTTTTCATAACATATCCGTTAGATCTCGTGAGGGTT

>nucleosomal\_sequence\_1718

CCAAATCCATCCAAGCCAAGACCAAATGAAGAATTAGTGTTCGGCCAGACATTCACCGATCATATGTTGACCATTCCTTGGTCAGCCAAAGAAGGGTGGGGCACTCCACACATCAAGCCTTACGGTAATCTTTCTCTTGACCCATCTGCT

>nucleosomal\_sequence\_1719

GACATCTCTTTGGGACCTAAAGGCCACCGTCATTTGAGGGGACATCGTCGGCCAGACAGATGCTGAAACGGTCTCATTCAGATCATCGCCAACTGTCGTAGTAGAGTCAACAGCAGTAACCCACGTTCGCAGTGAGGACCATATGATAAA

>nucleosomal\_sequence\_1720

TTACAACAGTGGATTCAAGATGAAGAGGGCGGCAAGATCACGATCCCTCTGCCTTTGAAGAAACGACACAGATCCCAGCAACACAATGACCAACAACCGCCACAACCACGCACCAAAGAGCTGATCATTCCGTCACATATTAGCCACTAT

>nucleosomal\_sequence\_1721

CGCAATACCACGAGGCCAAGGAGCGTATCAGGCAGAAGGAAGTAACTGCAGGTGAAGCACAGGACGAAGCCAGCTTGCAGCAGCAACAGCAGCAAGATTTGCAGCAACAGCAACAAGTAGTGACTACAGTTGCCTCGCAAAGTCCTCATG

>nucleosomal\_sequence\_1722

TTCATTTCAATATCTCTGTCTGCGTCAAGATCACCACCATACTCCAAATCAGAGTCGCTGTCTTCTTCTTCTTCATCATCATCATCCTCATCATCATCATCTTCATCATCATCCTCATCGCCTTCTTCTCCATCATCATCATCATCGTCA

>nucleosomal\_sequence\_1723

TCTCTGGACACGTGCTGTATGTAGTTCACCACATCCATGCCGTCCACAACCTGTCCAAATACCACATGCTTTCCATCGAGCCACGACGCTTCTTCCGTAGTGGTGATGAAGAACTGAGATCCATTGGTATCTTTACCACGATTAGCCATC

>nucleosomal\_sequence\_1724

GGCATCAACTTCACCTTCTTCGTCATCTTCTTCTGCTGCGGCGTTGACACTGCCTTCTGCGGCGGCTTGCATGTCAGCTTGGATGTCTTCTGGGGACTTGGTAGCGACGTCTTCGTTAGATGGCATAATACCGCTAGCTTGAGCTTGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1725

GAACTCTGCCACCATGGATGCACACGTATTTGGATCATCTTCGTCGCTGTTGTACTGTGAGCTCTTGTTTGTGCTATGTTCTCGGTGCCCCTTCATGGTTTGTATCTCCCAGAGGAGAAAATCGTCACTCAAGTTAAACACGACCTTGCC

>nucleosomal\_sequence\_1726

CTACGAAATGAGAATCCACAAGAGATACATCGACTTGGAAGCTCCTGTTCAAATCGTTAAGAGAATCACTCAAATCACCATTGAACCTGGTGTGGATGTCGAAGTTGTTGTTGCTTCCAACTAAGCTGGTTCTAACTGGAAATAATTTCC

>nucleosomal\_sequence\_1727

AAATTCGAGTATTGAGTTCTGATTGTGGAGTTGCTGGCAATCAGAGTTGGCTCACAGGCATCAAAGAACCATTGAACATTCTTCTGACCAGACAAAACGCCCACAGGAACAGTGTAAGGAGGGAAAACACCAGAATACACAACTTTATCT

>nucleosomal\_sequence\_1728

AACAATATATGCGTACTCTTCGTCGCTGACGGTCTTGTATCTGACCCAGGGGAAAGACTGGTACTGCAATTGTGGCTCTTCGACCTTCAAGTACTCAACTTTCAGGCCACTGCATGTACAGTACGGAATCTCGAAATCAATGTTGACCAA

>nucleosomal\_sequence\_1729

TTCGGAGCTTTGTTCTCAATAAGAATTCGCAGCTTGTAGGCGGCCCCTTTGAACCTCTTCATCTTTACCTCGTATTCCGGCACGTCCTCCTGCTGCTCGTGCGGTGCAGGTGCAGGTGCAGGTGCCTGTTTCAGGTTTCTGTGAGCAATC

>nucleosomal\_sequence\_1730

TGGTCCTGATGGACACACTTGTTCCTTATTCCCTGGAGAAACACATAGGTACTTGCTGAACGAAACAACCAAAAGAGTTGCTTGGTGCCACGATTCTCCCAAGCCTCCAAGTGACAGAATCACCTTCACTCTGCCTGTGTTGAAAGACGC

>nucleosomal\_sequence\_1731

ATTGAAATTCCTGAGCATGAGAGAATAGAATTAATTAGATACATCGTCAATACAGCACATCCGGTTGATGGTGGCTGGGGTCTACATTCTGTTGACAAATCCACCGTGTTTGGTACAGTATTGAACTATGTAATCTTACGTTTATTGGGT

>nucleosomal\_sequence\_1732

CTTGATCAGTTCCGGTGTACGTGAAACTTTACGTTATTTGGTGCAACACAAAATGGTTGATGCTGTCGTTACTTCTGCTGGTGGTGTGGAAGAAGATTTGATCAAATGTCTTGCTCCAACTTACTTGGGTGAATTTGCTTTGAAAGGTAA

>nucleosomal\_sequence\_1733

CTGGTGGAGTTGGCTATACATGAGAAATGCATCGGAGAATTGTTGAAGAACACCACAGTGATCGAGTTTCCCACGATATTCGTTGCCATGACAGAGGCTGACCTACCAGAGGGCTACGAGGTGCTACACCAGGAACCCCGCCCACTTGAG

>nucleosomal\_sequence\_1734

CACTTCTATATTCTCTGAATCATCTACATCATCCGTCATTCCAACCAGTAGTTCCACCTCTGGTTCTTCTGAGAGCAAAACGAGTTCGGCTAGTTCTTCCTCTTCTTCCTCTTCTATCTCTTCTGAATCACCAAAGTCTCCTACAAATTC

>nucleosomal\_sequence\_1735

TCAAGAGGATTTTGGACTTTGGATGCCTTATACTTCTTGAGATGGAAGGAGCTGATGCTACTGTGGTTGGTGTTTCCACAATTGTTCACTGTCAACTGATGAGGTCCATCTTCCATACTGAACATGCCCTTGTAAATACGATTTGCATAA

>nucleosomal\_sequence\_1736

TGGTGTTCAAATAACTGTGCTGGTCATCAGTTTGCCATCGTACAGGGGTTCATGTGCTGGTGCAGTGATTCGGAACCGAGCACTCAGACATCGGTGGGAGACTGCAGTGGCACTTGTCCCGGTTATGGCTACGAAGATTGTGGTAATGCG

>nucleosomal\_sequence\_1737

ACCAACCTTTAAATACGGTGAATATTCACAATGAAAGGAATGAGTACACACCTGAACTTTGTCAAAGAGAAGAATCCTCGAATAAAGAACCTTCAGACTCAGTTCCTCAAGAAGTTTCATCCTCTAGAGATAATAGGGCATCAAATAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1738

TTTTCTTCACTCGCTGCGGCGTTGCCATTATCCACATCTGAAGGCTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGTTGCTGCTGCTGTAATTGTAATTGCCTTTGCTCTTCTAATAGCGGTTGTCTCACAAACAGCCTGAAATCT

>nucleosomal\_sequence\_1739

CACCTTGTGGAATACTTGTGTTACTTATGAACCCAATTCCTGAACCATCATGACCACTGGATCCATCACTTGCATAAACGACAGGGAAGTCGACCGATGTCCATGATGCCACGGTACTGTTGTGACTTGTACCAGAGCTGACAACAACCA

>nucleosomal\_sequence\_1740

CCAAAGGACGAACTGACAAGTGTACAGAACAAGAAACTAAAGACTGCAGATGGCAATAATACCCCAGTCACGAAAGGTGTGCTGCTACACGAATCCATCCACAGCGTGGAGGATGCGTATGGAAAATTGCCTGAGGACGCCTTGGCGTTT

>nucleosomal\_sequence\_1741

TCCCACGCTGGTGGTGCTTTGGCTTTGCAAGAATTCATGATTGCTCCAACTGGTGCTAAGACCTTCGCTGAAGCCATGAGAATTGGTTCCGAAGTTTACCACAACTTGAAGTCTTTGACCAAGAAGAGATACGGTGCTTCTGCCGGTAAC

>nucleosomal\_sequence\_1742

TAACGGTCAATTAACTGATGAAACTGTCATTGTCATCAGAACTCCAACAACAGCTAGCACCATCACAACTACCACCGAGCCATGGACCGGTACTTTCACCTCTACATCCACTGAGATGACTACTGTCACCGGTACCAACGGTCAACCAAC

>nucleosomal\_sequence\_1743

AAATTTAGAGCACGTTGTAAATTGTCAGTAACATATTGCTCCCAAACTTTCCATTCTGGTTGAAACTTGTTGCAAGAGTACCAAGACATCCAAGTGGCAAAACCTTCATTCAACCATAAGCCTTCCCACCAATCCATGGTGACCAAGTTG

>nucleosomal\_sequence\_1744

CGATCCAAAATGTTTAGCGGCGTCGTAGACGACTCACTTGCCGGCATTTTGTCAGCTTGTGAGACGTCCTCTGAAGGCTGCGACTTCTGTCTGCATGATTGTTTCAACACCCCAAGTACTTCAGCCGCTTCTACCTCTTCCTCTGATAAT

>nucleosomal\_sequence\_1745

GGAATAAAAGAGTTCAAATACAAGTGTCCAAGATGTTTGGTGCAAACTTGCTCTTTGGAGTGTTCCAAGAAGCACAAGACAAGGGACAATTGCTCAGGTCAAACACATGATCCTAAGGAGTATATATCGAGTGAGGCGTTGAAACAGGCG

>nucleosomal\_sequence\_1746

AAAGAGCTAGGTGGTGTTACACTCGGTTCTATGACTGCTAACATCACGGGTCTTGCTGCTATTCAAGGTCTGTGTACATGTCTGGACACACTGTGTGCGCAGGCATACGGTGCCAAAAACTACCACTTGGTGGGTGTGCTAGTGCAGAGA

>nucleosomal\_sequence\_1747

CCAAGGAGCTATTCGACACCCACAGAGTTATCGTTAATGAATGGAGTGGTTTTGTTCCAGCATTGAACAAGAAGAACGTTATCTTAGCACCATGGTGTGGTGTGATGGAATGTGAAGAAGATATCAAGGAATCTTCTGCAAAGAAAGACG

>nucleosomal\_sequence\_1748

ACCTGAGAAACTTAACTGTTTGCAGATTCCACACCTTCCCCCTTCAGTGCAGTGGTACAGTTCTTGGAAATATCAAGAAGTGAATCTGAACAAGGACTGGCTGGCAAAAAGACAGAGAGGGCTCGAGTACTTCCTCAATCACATCATCCT

>nucleosomal\_sequence\_1749

CGAAGGGCGTTTCCCCACTATACTCTTCGCTGCAAGCGTGGGTGTGTGCCTTTTCCCACTGGAAACCAAAGGAATGATCAATGTCGATACCAAGACATTGAGGAACATGAGTCCTTTGACGATTCTTACGCCATAGTCTGTCATGCGACC

>nucleosomal\_sequence\_1750

CTGCTGGTGGCCAATTGACAACAACCACCGATATCGAAAATTTCCCAGGGTTTCCTGAATCGTTGAGTGGCAGTGAACTGATGGAGAGGATGAGGAAACAATCTGCCAAGTTTGGCACTAACATAATTACCGAGACTGTCTCTAAAGTCG

>nucleosomal\_sequence\_1751

CCGGTCTGGAATTCGAACGAATGAATCTCTGCGAAAAAGACCCCATCGAACTCTCACTTCTATGAGTGTGTCTTCTTCTCCTCCTTCTCCTCCTTCTCCTTCTCCTTCTTCTGGGAACAATTCGATAATCTGGATACTCCCTGACTTCCA

>nucleosomal\_sequence\_1752

GATTCCGTTCCTTATATCGAAGAGGCCTTGCAAGTGTATGCTGCAGGATTTGACAAAGAGTGGAAGCTGTTTAATACTGAGAAGGAAGAGAGTCCTTTCGACCTGGAAGACATTCAGCTCCCCAAAGAAGCTTACCGATTTAAGCTTACC

>nucleosomal\_sequence\_1753

TCTTGGGTCAAATCACAAAGGCCTACAGAGAAGAACCAGATTTGGAAAACTTGTTGTTCAACAAGTTCTTCGCTGATGCCGTCACCAAGGCTCAATCTGGTTGGAGAAAGTCAATTGCGTTGGCTACCACCTACGGTATCCCAACACCAG

>nucleosomal\_sequence\_1754

GCCACACGTCGATCTCAGGCCGATCTGACAATCTTTAAAGGCATCAACAAGAGCAGCAGCTTGCCGACGTGGCAAAAGTCAAAGAAGAACAGAGGCAACTCGTCCTACGTGAAGCCACATACAACAAGTTAGGAACTATTAGGCGGAACC

>nucleosomal\_sequence\_1755

ACTCCAACTAGTGAGGGTTTGATTACTACAACTACCGAACCATGGACCGGTACTTTCACCTCTACATCCACTGAGGTTACCACCATCACTGGTACCAACGGTCAACCAACTGACGAAACCGTGATTGTCATTAGAACTCCAACTAGTGAG

>nucleosomal\_sequence\_1756

GCGTCAAGTCTTAGCAAATGCAGAACGCTCATATAATCAACTAATGGATCGTGCAGCTAACGCACATATCTCACCACCAGTTCCAGGCCCTGCACTCTACGCAGGAATGACTCATGCTAATAATACTCCAGTAATGCCACCTCAGAGGCA

>nucleosomal\_sequence\_1757

CTTCCAACATTGTCAAGAACGCTGAACAACACAACTTGGTCAAGAAGGGTCCAGTCAGACTACCAACCAAGGTTTTGAAGATCTCCACCAGAAAGACTCCAAATGGTGAAGGTTCTAAGACTTGGGAAACCTACGAAATGAGAATCCACA

>nucleosomal\_sequence\_1758

TTTGTTCCAGCATTGAACAAGAAGAACGTTATCTTAGCACCATGGTGTGGTGTGATGGAATGTGAAGAAGATATCAAGGAATCTTCTGCAAAGAAAGACGATGGTGAAGAATTCGAGGAAGATGACAAGGCACCAAGTATGGGTGCCAAA

>nucleosomal\_sequence\_1759

GCTTCCTCTGAATTCTTCAAGGACGGTAAGTACGACTTGGACTTCAAGAACCCAGAATCTGACAAATCCAAGTGGTTGACTGGTGTCGAATTAGCTGACATGTACCACTCCTTGATGAAGAGATACCCAATTGTCTCCATCGAAGATCCA

>nucleosomal\_sequence\_1760

ATATAATCAACTAATGGATCGTGCAGCTAACGCACATATCTCACCACCAGTTCCAGGCCCTGCACTCTACGCAGGAATGACTCATGCTAATAATACTCCAGTAATGCCACCTCAGAGGCAGAGTTACCAAAGCAATGAGTACTCACCTTA

>nucleosomal\_sequence\_1761

TCGGCCAGACATTCACCGATCATATGTTGACCATTCCTTGGTCAGCCAAAGAAGGGTGGGGCACTCCACACATCAAGCCTTACGGTAATCTTTCTCTTGACCCATCTGCTTGTGTATTCCATTATGCATTTGAATTATTTGAAGGTTTGA

>nucleosomal\_sequence\_1762

TTCACCACAATAGACTGCTCGCTGGCGTTGACCTGCTCTGAGGCATCAAAAAACTCCTCATCGTCGTCGTCTTCGTCTGACGATGTCTCGTCCTCGCCAGCTCCAGTGGTCGTCCTAGCATTTCCATCTTGCTTGTGCAAAGGATGCACC

>nucleosomal\_sequence\_1763

AGGTTCTGATCATCCAAAGATCTTTGCGTACCAAAATTCATGGGGTTTATCCACTCGTGTCATTGGTGTCATGGTCATGATCCACTCTGACAACAAGGGTTTGGTTATCCCACCAAGAGTGTCCCAATTCCAATCCGTTGTCATTCCAGT

>nucleosomal\_sequence\_1764

ATGACTGCTAACATCACGGGTCTTGCTGCTATTCAAGGTCTGTGTACATGTCTGGACACACTGTGTGCGCAGGCATACGGTGCCAAAAACTACCACTTGGTGGGTGTGCTAGTGCAGAGATGTGCTGTGATCACCATCTTGGCGTTCTTG

>nucleosomal\_sequence\_1765

CGTATTCCGGCACGTCCTCCTGCTGCTCGTGCGGTGCAGGTGCAGGTGCAGGTGCCTGTTTCAGGTTTCTGTGAGCAATCTCGTTCTTATCAATCTCCTCTATCTTGGCTCCGGAGATTTTGTTCTCGATAGGGAACAATGGTGGTAGTG

>nucleosomal\_sequence\_1766

GTATTGAAGTGCCAATATTTGGCGACAATGGAAACCGTAACCCAACTGGTAATACCAACCCAGCAACAACAACAGCTATCCAAAGCAACAACAACACCAACAATGCTTCTCCGGCAACATCTACAGTTTCCTTACAACTACCTAATTTAC

>nucleosomal\_sequence\_1767

CATCTCCCTTCACTCTTCCAGGTTTGAGTACGCTTCCTCTAAATAGGGGACGACTTGCTTTCTGGTGGCCTCGACGTTCAGTTGCTTAAACATCGCCACACCTCCATCAAGATTGCCCCCAAATAATTGAAGTTGGAGCTTGTCGCTAAC

>nucleosomal\_sequence\_1768

GGTGATGACACACCTCACAATTCACAAAGAGAATACGATATCCCCAATGTAGTGCAATGTAAAGAGGTGAAGAAAGTGCAAGAAGAGGAAGCTGATCCGTCGAAGATGGTTCATGTTATCTTCTATTCCTTTATGGAACTCGATATATTA

>nucleosomal\_sequence\_1769

CTCATTAATTGTTATTGGAACAGCGCCTATTTTACATTCCTGGACGAGAGAAGTCGCAGTGGTGTTTTTGGTGAACTCAAGGAAAGCCTTACATGAACCAATGGTTGGGTGACCAGCAAATGGCAATTCACTTCTTGGAGTAAAGATCCT

>nucleosomal\_sequence\_1770

ACGTTATTTGGTGCAACACAAAATGGTTGATGCTGTCGTTACTTCTGCTGGTGGTGTGGAAGAAGATTTGATCAAATGTCTTGCTCCAACTTACTTGGGTGAATTTGCTTTGAAAGGTAAATCTTTGCGTGACCAAGGTATGAATCGTAT

>nucleosomal\_sequence\_1771

ACTTGATGTTTTGTTGGATAGCAATCATTTTTCTTGCGTTTGCGGGAGAGGGCTCCTTGGCCAGAAGATCTGAGAGTTCTTGGAATTGGTCAACAGCAGTGTTGAATCCGTTCACATAAGTTTGATGGTGCTTGGTGTAATGCAATTCGT

>nucleosomal\_sequence\_1772

CTCTCACTTCTATGAGTGTGTCTTCTTCTCCTCCTTCTCCTCCTTCTCCTTCTCCTTCTTCTGGGAACAATTCGATAATCTGGATACTCCCTGACTTCCAAGTCCAAAGACACAGATATCCCGATTGATAGGTACATAGACCAGTCAATC

>nucleosomal\_sequence\_1773

AAGACCCTGAAGACGATGTGGATGAAGAAAGCACTGGTAGAGGTACAGTCACTACCACTTCCACATCCACTGAGTCAAGAGGCCGTCCATCTTCTTGTATCTTCGTGGCAAGCTTAGCAGCAGCCCTATCCGATGACGAATTATGTCTGT

>nucleosomal\_sequence\_1774

ACTTTGACCTCCACCAAGGTTAAGCAATTGGAAAACGTCTCTTCCAACATTGTCAAGAACGCTGAACAACACAACTTGGTCAAGAAGGGTCCAGTCAGACTACCAACCAAGGTTTTGAAGATCTCCACCAGAAAGACTCCAAATGGTGAA

>nucleosomal\_sequence\_1775

GGTCTTGTATCTGACCCAGGGGAAAGACTGGTACTGCAATTGTGGCTCTTCGACCTTCAAGTACTCAACTTTCAGGCCACTGCATGTACAGTACGGAATCTCGAAATCAATGTTGACCAACTTATCTCGAGGAGTAACGTGGGAAGTTTG

>nucleosomal\_sequence\_1776

GACTGCGATGTTCTACGTGGAGTATAGTAACTAGCAGGATTGAGCCTCCTGCACTCTTTGAGCCTCAATAGAGAAGCGATCTCCTCGGAGAGTTTTCTTCCCTTATGCTGGTGACCATCTTTAAGTTGTTTGTGTTGTCCTTGTGAAACT

>nucleosomal\_sequence\_1777

GTTACGAAGAATTGAAGAAGAAGGGTATTCTTTTCGTTGGTTCTGGTGTCTCCGGTGGTGAGGAAGGTGCCCGTTACGGTCCATCTTTGATGCCAGGTGGTTCTGAAGAAGCTTGGCCACATATTAAGAACATCTTCCAATCCATCTCTG

>nucleosomal\_sequence\_1778

TAACGCTTCTACCACCGTCTCTTCTACGATCTCTTCTAGCGCCCCAGACTCAATAATTCCTTCATCTAGCGCCTCCATCTCTGGTGTCTCAAACTCCACTACAGCATCTGGTTCAATCGCTTCTACTGCTTCCACCGCTTCCACTACTTC

>nucleosomal\_sequence\_1779

GTCTGAATCACCATCCCCACGTCAATCTACGTATTCCTTGACTGCAGGCAGTCCACCAAATGACCCAAGCACGTTGGCAAGCCCATTTCACGATCCCATTCTTCCCAGAAGAACTTCTACTTTTCTTCATTCGCCCATTCAAAAGCAACA

>nucleosomal\_sequence\_1780

AGACAACATAACCGCTGCTATGATGGGAGGCTTTTGCGGTTCATTCCTAAGGGACTTGACCCCACAAGAGGTGGAAAGACGTGAGATTCCATTGGCTGAGGTGCTTCCAGAACCTTCTGGTGGTGAAGATACCGGTCTGGTTCCCCCATT

>nucleosomal\_sequence\_1781

GACACACCGGCAAATAAACCTTTGCTTTTGGAATAGGCAAAAACTGCCGAGACACCACCTGTGGATGCAGAAGCTGCAGCTTCTGCACTTCTTCCAAGAGGACCTGCGGAAACTGACACATTACCACCTAAAGTAATTGTACCAAATTCA

>nucleosomal\_sequence\_1782

GGCCATGCTACAGATGCTTTTATCCAACACCTCCGCCACCAAATGCCGTGACCTCTTGCCAAGAAGGCGGTGTGATAGGACCTTGCATTGGACTAGTTGGAACAATGATGGCTGTAGAAACTTTGAAGCTTATCCTAGGAATCTACACCA

>nucleosomal\_sequence\_1783

CACTGTCCAGTTTATGGATCCGACTACTTTGCAAACCGCGGATCTGTCACCATCTGTGTACTGGAGGGCTCCATTCAACGCCCTGGCTGATGTGACCCAGTTGGTGGAGTTCATTGTTCTGGACGTGGATTCTACAGGTATAAGCAGGGG

>nucleosomal\_sequence\_1784

CAATTGTCTTTGATGTTGAGGATAGCGATGAAGCTGTGACATCAGAGGTGGACAAGCCGACTAAGGAGAATCAGTCGGAGGATGACGATGCCAAGGGTGGATCAACAGGAAAGGAACAACCTGGGTCTTACACGCCTAAAGAAGGCACTG

>nucleosomal\_sequence\_1785

GTAACTTCTGTCAAATGTTCTTCATCATAAACACGTCTAACGCTTTTCAGTAGAGCAGCACGGACTTTCATGACTGCAGACAAGGCATCTCCTCTCAAGGCCAAATGACGTTGGTCCAACAGTAAAGAAGGGTCTGAGCCCTCTGCGATT

>nucleosomal\_sequence\_1786

CACCCATTTGGTCACGCTTTGGTTGCCGGTATTGAAAGATACCCATTGAAGGTCACCAAGAAGCACGGTGCCAAGAAGGTTGCTAAGAGAACCAAGATCAAGCCTTTCATCAAGGTCGTCAACTACAACCATTTATTGCCAACCAGATAC

>nucleosomal\_sequence\_1787

TACTACAAGCTCAACGTGACTACTTTGGTGCTCACACTTTCAGAGTGTTGCCAGAATGTGCTTCTGACAACTTGCCAGTAGACAAGGATATCCATATCAACTGGACTGGCCACGGTGGTAATGTTTCTTCCTCTACATACCAAGCTTAAA

>nucleosomal\_sequence\_1788

CTGCACGCCTGCTAGCTTTGTGTTGGTCAACTTAATCAGCTCGTCCAGACTGCCAAACTGCTCGTCGATTGCCTTTGCCAAAGCGCCGGTGGGTGGTTCACCACCGCCCTGCGACTCTGGAGCCAGGTTTTCCCAGAATAGACAGTGGTT

>nucleosomal\_sequence\_1789

ATCATCATCATCAACTCCAACCACAACATCGTCAGCCCCCATTTCTACAAGCACGACGTCGTCAACTTCCACTTCAACAAGTACAACATCGCCAACTTCTTCTTCAGCACCTACAAGCTCGTCTAATACAACACCAACGAGCACAACGTT

>nucleosomal\_sequence\_1790

CGTAGATTCAAACCAACATACGGCAGCTGGTCTATAGTTAAGTTTCCCATGACATCTCTTTGGGACCTAAAGGCCACCGTCATTTGAGGGGACATCGTCGGCCAGACAGATGCTGAAACGGTCTCATTCAGATCATCGCCAACTGTCGTA

>nucleosomal\_sequence\_1791

CTAGTGCTTGCCGTGCTACTGTACGTAAAGAGAAACTCCATCAAGGAACTGCTGATGTCCGATGACGGAGATATCACAGCTGTCAGCTCGGGCAACAGAGACATTGCTCAGGTGGTGACCGAAAACAACAAGAACTACTTGGTGTTGTAT

>nucleosomal\_sequence\_1792

GTTCAAAGCATACTTTAATCTGTTTCTTAGAAAGACAATCAATGGCAAGGATTCACGCAATTTGTGTGGACCAGCAGATGGTCTTGGGGCGTAACAACCGGACAACTTGTCCAATAACCAATGGTGTGGAGCTGCTAATCTCTTTAGATG

>nucleosomal\_sequence\_1793

GTGATCGTTCCAGCGAGATGCTTCCTAAACAAAGAAGTATCATAGGATCCCACGTGCAACGTCCACCGTCTCAAACAACTTTAGGAAGGTCAAGGGCTGGAAGCAATACAATGAATAAAGTTTCAGGCTTAGATATTGCTCGAAGACCAA

>nucleosomal\_sequence\_1794

TCAATCACGGTATTCAAATAGCAATGTTCACAATACATTAGCGTCTTCGAGTGGATCTCTTCCCACAGAATCTGCTCTGCTTTTGCAACAAAGACCACCTTCAGTTTTGAGATACAACACAGATAATTTGAAGTCTAAGTTTCATTATTT

>nucleosomal\_sequence\_1795

TATGTGTTGCGTTGCAACAATATTAGAAACTTCCCCTCCGGAACCAAAGTTCACGTCTCCAACCCAATCCCACTTGGCCGTGGATTGGGTTCCTCTGGTGCAGCAGTTGTGGCAGGTGTTATTTTAGGTAACGAAGTGGCCCAATTGGGT

>nucleosomal\_sequence\_1796

TACGTACCAAAGAAGTGTTATAAAAGTGATATAACTATGTCAGAGGATCTTTCACCTACAAGCAGCAGGGTGGATTTGAGCAATCCTCATGGGTTTACCAAAGAGGGAGTGGATTTATCGAAGCTGTCACCACAAGAACTAAAATTGTAT

>nucleosomal\_sequence\_1797

TTGCGCTAACGAAACCACATGGATCCTCCACACAACCACTTAGTTTGGCAAATCCCAAGACCAAGAGGAACTTTCCTCACCATTCGGGGCAGGTGACGAAGCAAGAGCGAAGCTGGATTCTACGCTGGATTAGTGAAGCGCCAGCGAGGA

>nucleosomal\_sequence\_1798

TTTTGTCCATTGAAACCACCTCTGGCGCCGCCTCTACCTCTGAAGTTCCCTCTGCCTCTGAAACCTCCTCTGTAGCCGCCTCTGAAACCTCCTCTAAAACCTCCTCTGCCTCTGAAACCGCCTCTGCCTCTGAAACCTCCTCTTTGCATT

>nucleosomal\_sequence\_1799

ACACGTCTAACGCTTTTCAGTAGAGCAGCACGGACTTTCATGACTGCAGACAAGGCATCTCCTCTCAAGGCCAAATGACGTTGGTCCAACAGTAAAGAAGGGTCTGAGCCCTCTGCGATTTTGTTTGTAAAGGAGTCTTCACCACCGGGG

>nucleosomal\_sequence\_1800

CGGTGAATGTACCACCTTCTTCATTAACAATTTTATAACGCTGGTTGGGAAGATTGGATATCCCTACAGGAGGAGGAACAGGGGCAGCAGTCGCAGTGGCAGCACTCATTATTTGATACAATATGTGATGTAGTTCGTTATCAATACTCT

>nucleosomal\_sequence\_1801

GGTGGTGCCAAGACTGGTTCTGGTAAAACTATTGCATTTGCAGGGCCTATGCTGACTAAATGGTCCGAAGATCCGTCAGGGATGTTTGGAGTGGTCTTGACCCCAACCAGAGAGTTAGCCATGCAAATTGCCGAACAATTTACTGCACTT

>nucleosomal\_sequence\_1802

ACAGAGGCTGACCTACCAGAGGGCTACGAGGTGCTACACCAGGAACCCCGCCCACTTGAGCATACGAGTACACTGAACAAGTTTATTGACAATGCAAGGGAGGAGGAAGACGCTGAAGAGGACTCTCAACCGACAGAAGAACCTGTACAG

>nucleosomal\_sequence\_1803

TTTGGGTGCTGTTCAGGAGTTCTTAAAGCAGCAGAAGGTTGTTGTTGTGGTTGATAACGAGCGCCAAACTGCTGAGATTGAGTTTGCGCTTGAGGCTGAGATGGAGGTTGGCCTGTTGCACGTAGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGT

>nucleosomal\_sequence\_1804

TTAGCTGACATGTACCACTCCTTGATGAAGAGATACCCAATTGTCTCCATCGAAGATCCATTTGCTGAAGATGACTGGGAAGCTTGGTCTCACTTCTTCAAGACCGCTGGTATCCAAATTGTTGCTGATGACTTGACTGTCACCAACCCA

>nucleosomal\_sequence\_1805

TCGTCGCTGTTGTACTGTGAGCTCTTGTTTGTGCTATGTTCTCGGTGCCCCTTCATGGTTTGTATCTCCCAGAGGAGAAAATCGTCACTCAAGTTAAACACGACCTTGCCGATGTTTGCCTTGAATCTAATTTGCTTGCTGAGGTCTATT

>nucleosomal\_sequence\_1806

CATTCGAATTCCACCAGAACTGACTTCCGATGAGGATAGTTTGCCAGCAGAAAGCGAGGATGAATCCGTAGCGGGTGGAGGAAAGGAGGAGGAAGAGCCTGATCTCATTGATGCTCAAGAAATATATGATTTGATAGCTCATATTTCCGA

>nucleosomal\_sequence\_1807

TTGTCTTCTGTCTTAAACACGAAAAGCTTAGGTTCCGTGGCATCGCTCTTCTGTTGAGATGCGAACAAAGCATATGCTGGGGTTTTGAATGGATGGTCTTGTGAACCGGCTGTGGTCAATTCGTCTACACCGGTAGCCTCCTTAATGTAC

>nucleosomal\_sequence\_1808

ATCAGAGGTGGACAAGCCGACTAAGGAGAATCAGTCGGAGGATGACGATGCCAAGGGTGGATCAACAGGAAAGGAACAACCTGGGTCTTACACGCCTAAAGAAGGCACTGCTGGGGAACGTGAGAATGAGAATGAAAGCAACGTTAAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1809

GTCAAATTGTACTATCCCTGATCCTTCAATACATACTACTAGCACTATCACAACTACCACCGAGCCATGGACCGGTACTTTCACTTCTACATCCACTGAGATGACCACCATCACCGATACTAACGGTCAATTAACTGATGAAACTGTCAT

>nucleosomal\_sequence\_1810

GGCTCCTTGGCCAGAAGATCTGAGAGTTCTTGGAATTGGTCAACAGCAGTGTTGAATCCGTTCACATAAGTTTGATGGTGCTTGGTGTAATGCAATTCGTTGATTTGACCGGAGATATAAGGTTCCAATGCACCGAAGTCCCACTTCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1811

AAATTATCCTGATGTGAGTTTTCCGGTGATGGGGGTGCCGCAGTGTCGATGAACGCCTGAGACAGGAACTTTGAGTCCAGTACTTCAGAGACCAGATGTTTGTCTTCAGCGGCCACATATATGCCCAGACCATATGCTTTGAAAGTGATC

>nucleosomal\_sequence\_1812

TGAAAGTTCGAATAACAACGCAGAGGGTGAAGACATAATCAGAAATGAAGAAGTCGAAGATGAGATCAAATCATCACTTGGCAACCACAAGTCAAGCCAGTACGCAAATGCGTTCGATTCGGAAATAATCAAGAGGGAATTAAGATCAAG

>nucleosomal\_sequence\_1813

AAATGTTAGGCTCAGCAATCAAGTGAGATTCAGAATTTACTGGGTGGCTCTGATTTTGGTGTTCTGTTGACACATTTCGATTGTGTACCTCCCTGTTGAGGCGATCAGCATCTGAAAAATCTTTTGGTGCAGGTGATGGAGCGGAAGCTA

>nucleosomal\_sequence\_1814

CAGGCCAAGTGCTGGTGACGAAGATTCTGCTCATCCTGATAAGAACAAAGAAATTTCGATGCCTACTCCGGATTCCAATACTTTGGTGGTCCAGTCAGAAGAAGGTGGAGCTCATTCACTTGAGGTAGATACCAATCGAAGGTCCGATAA

>nucleosomal\_sequence\_1815

CATTTGAGGGGACATCGTCGGCCAGACAGATGCTGAAACGGTCTCATTCAGATCATCGCCAACTGTCGTAGTAGAGTCAACAGCAGTAACCCACGTTCGCAGTGAGGACCATATGATAAATAGGTATATGAGTATCCACATACCGTGTCT

>nucleosomal\_sequence\_1816

TCGATCGAATTTGAAACTATGTCCTGTTGCTTTAAAGGTGGTAGAACAACATCGTGGGTCAGAGAGGATGGCTCGTTCAAGTCAATTGATAGATCCTTACTGGACAGGTTCATTGCCGCATACTTCAAACACAATCACCGTCTATTTCCC

>nucleosomal\_sequence\_1817

ATACATTCTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAACAGGTTGTGTTGATTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAGCGACTTCCACAT

>nucleosomal\_sequence\_1818

AGATTGACTGACAGAGCTTGATACATCAGAAACGGATGAAGAGGATTGGCTGACAGAGCTTGAGACAACAGAGGAAGAGGATGGACCGACAGAGCTCGAGACACCAGAAGTGGATGAAGCTGATTGTGTGATAGAACTTAAGATATCGGT

>nucleosomal\_sequence\_1819

AGAGCTTGAGACATCAGAAGTAGAGGAAGCTGATTGACTGACAGAGCTTGAGACATCAGAAGCTGAGGAAGCTGATTGACTGACAGAGCTTGAGACATCAGAAGCTGAGGAAGAAGATTGACTGACAGAGCTTGATACATCAGAAGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_1820

GTAGAGCTGGATGGAGTTGGTACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTGGTAGAGCTGGTTACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTGGTGGAGCTTGATGGGGTTGGAGCTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTGGATGGAGTTGGTACT

>nucleosomal\_sequence\_1821

TCTTCTTCTGCTTCTGAATCCTCTTCAGCTGCCTCCTCTTCTGCTTCTGAATCCTCTTCAGCTGCTTCTTCCTCTGCTTCAGAATCTTCTTCTGCTGCCTCCTCTTCTGCTTCTGAAGCTGCTAAGTCTTCTAGCTCTGCCAAGTCTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1822

TCTGCTGCCTCCTCTTCTGCTTCTGAAGCTGCTAAGTCTTCTAGCTCTGCCAAGTCTTCTGGCTCTTCTGCTGCTTCATCTGCTGCTTCATCTGCTTCTTCCAAGGCCTCTTCTGCAGCTTCCTCTTCTGCAAAGGCCTCCTCTTCTGCA

>nucleosomal\_sequence\_1823

CGAATCTGGTTCCGAATCTGCCACTGCTTCCTCAGACGCTTCTTCTGCTTCTGAATCCTCTTCAGCTGCTTCTTCTTCTGCTTCTGAATCCTCTTCAGCTGCCTCCTCTTCTGCTTCTGAATCCTCTTCAGCTGCTTCTTCCTCTGCTTC

>nucleosomal\_sequence\_1824

ATCCTCTTCAGCTGCTTCTTCCTCTGCTTCAGAATCTTCTTCTGCTGCCTCCTCTTCTGCTTCTGAAGCTGCTAAGTCTTCTAGCTCTGCCAAGTCTTCTGGCTCTTCTGCTGCTTCATCTGCTGCTTCATCTGCTTCTTCCAAGGCCTC

>nucleosomal\_sequence\_1825

CATTGTCTGTTTAAAGCGACAAATGGCGTCGAGTAGGGAATCCCACTTGCCAAGCATGCAGCCCTGTGTTCTGTAGCACCGGCTCCAACATTGAGAACATTTCCACAGGCAACTTCTTCGATTAAGTTCAAATCAGCCCTCAAAGGTTCC

>nucleosomal\_sequence\_1826

CACAGGTGAGGGGCAGTGTTGATAAGATGTTTACGCTCGTTGAGTGCCTCGATGACCAGATCCAGTTGTGCCTTGGAGAACTCCCAGAAGGCCTTCTCTAAGTACCGCACCCCACCGTGAATCATCTTGGTAGATTTGGACGACGTTCCC

>nucleosomal\_sequence\_1827

TCCACCAACAACTGCTGTAATTGGTTCTTGTTCATTAGTTCCATGCCTCGTTGCAAGGGCAGAGGCTGCCCTCTGATGAGCGATCCTGGCTGAGGCCTCCTCTTGGAGACGCCCCCATATTTCATCACATTCTTGTTACGAGGTAGTTCT

>nucleosomal\_sequence\_1828

AAACATGAAATGTGAAGACGTTGCCCCTCGTCATAGGTAAGCGGTGGTCATCACAACCATCAGCGGTGACAATAACACAGCAAACAGTCTTGTTTGACTCTCCTGCCTGCATGGTGTTTGAAAGTGAATCGTCAGGATTTGCAACAACCA

>nucleosomal\_sequence\_1829

CGTTGAACTACGCCCTCAGTAAAGTGGCTTTGAACTCCAGTGAATGTTTGAACAAGATGTTCCCCACCGAGGAACAACCCTTGGCTTCGGCACTCTTGCAATTCAGTGATGTGCAGGCTAAGATTGCTCAAGCTAGAATTCAACAAGATA

>nucleosomal\_sequence\_1830

CCAGGTGCTGTAGATGGGGATCAGAATTGGTAGCACCGTGCACAGGTGAGGGGCAGTGTTGATAAGATGTTTACGCTCGTTGAGTGCCTCGATGACCAGATCCAGTTGTGCCTTGGAGAACTCCCAGAAGGCCTTCTCTAAGTACCGCAC

>nucleosomal\_sequence\_1831

AAGATCATACCGCTTACCATTAAGGATGTAGAGAATCTAGCCACCGACAACACTTCTGATGGCAGCTCTCCGCAGGATGACCCAACAATGACTGATGGTGCAGACGAATCAGACACACCGTCGAACGAGCAAGAAACTGTCTTAGATGAA

>nucleosomal\_sequence\_1832

TCATCTTCATCTTCATCATCGGATTCTTGCTTTGCATTATATACATTCTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAACAGGTTGT

>nucleosomal\_sequence\_1833

TACTGGAGCAGAAGAGCTTTCGGTAGTAGAGCTGGATGGAGTTGGCACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTGGATGGAGTTGGTACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTGGTAGAGCTGGTTACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGT

>nucleosomal\_sequence\_1834

CTTCTTAACAATCTTTTGTTCTTCAATCAAGAAAGCTCTGACGATTCTTTCCTTGACACAGTTGGCACATCTGGAACCACCGTAAGCTCTGGAAACAGTCTTGTGGGTCTTGGAGACAGTAGCGTATTGTCTTGGTCTCAAAGTGGAAAT

>nucleosomal\_sequence\_1835

CAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGCTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAACAGGTTGTGTTGATTGAACAGGTTGAGTTGGTTGAGCGACTTCCACATATTTTTCTTCTTGGAATGGAGTTGCTCTAG

>nucleosomal\_sequence\_1836

GATAAGAACGTGTCCGATGCCATGGACTCGTTATCTAAGGCGAAGGAGGACTTGAAACAGTACGGCAGCCACTGGTGGTCTGGATGGACTTCCAAGGTCGACAATGACAAGCAGGCTTTAAAAGATGAGGCCCAAAAGAAGTACGATGAA

>nucleosomal\_sequence\_1837

GCTAAGTCTTCTAGCTCTGCCAAGTCTTCTGGCTCTTCTGCTGCTTCATCTGCTGCTTCATCTGCTTCTTCCAAGGCCTCTTCTGCAGCTTCCTCTTCTGCAAAGGCCTCCTCTTCTGCAGAAAAATCTACTAATAGCTCCTCCTCTGCT

>nucleosomal\_sequence\_1838

CGTCGTCATCTTCGTCGTTGCCCTCACCTTCCTCTTCAGAATCCACATCCACGACCCTCAACCGCATCGAGGGGTCCTGCCTCAACACGGTCCACTTGAGGAACTCTTCCTCCCTTACTCTGCTGCGGCTACTGGCCCTGCTTCTCGACC

>nucleosomal\_sequence\_1839

GAGGAAGCTGATTGACTGACAGAGCTTGAGACATCAGAAGCTGAAGAAGAAGATTGACTGACAGAGCTTGATACATCAGAAACGGATGAAGAGGATTGGCTGACAGAGCTTGAGACAACAGAGGAAGAGGATGGACCGACAGAGCTCGAG

>nucleosomal\_sequence\_1840

GTCCTGTATCAGCAGCTCAATGTTCGACCTAATCTTGTAATGCTGGTCGAACGACAGTTGCGACAGCAGCTCGTGTGAGGGTCGCTGGCGATGTGCCCAGCGCATTCCCCCACATTTCCATGAACGCATAATCTTCCACATACTACCGTG

>nucleosomal\_sequence\_1841

GATGAGGTTGATTGAGGGAATGAGCTTGAGCTACCAGAAGCGGATGAGACTGATTGGCTGCCAGAGCTTGAGACACCAGAAGTAGAGGAAGCTGATTGACTGACAGAGCTTGAGACATCAGAAGTAGAGGAAGCTGATTGACTGACAGAG

>nucleosomal\_sequence\_1842

CTTTCAGTAGTAGAGCTGAATGGAATTGAAGATGGAGCGGAGGAAGTGATGTTGCTAGAGGAAGATGGGGTTGGTACTGGTGCTACAGAGCTTTCAGTGGTGGAGCTGGATACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTTGATGGG

>nucleosomal\_sequence\_1843

TAATGTAGGATTCCGTCTTGCCAGCATAGCGGATAAACACCGCAAGGAGGTGTTGTGGTCGGTAATGAGTGGCACGAGGTGTTTGCTAGGCGTCGGACTACCAGTTGATGTGACTGCTACGGAAACTTTGACTCATGATGAACAAGGACC

>nucleosomal\_sequence\_1844

CGGATGGGTGGACAACATTTAAAGTAGGTGGCTCCGTCTGGGATCTGCTCTGCAGCAATACACAAATAGTGGAAACAAGTCTCTGTTGTGACTGGTAGCCCTGACGCACGTGCCTTTCTGATCAAGGGAATTGCTTTCATTGATGCCAGA

>nucleosomal\_sequence\_1845

GGTGCTGCTTCTATGCTGTGCTGCTTTGCTGTCTTTGCCTCCGTTGGTGTGACAAAGCTGTGGCCTCAAGGAAGCAGTCACCAAGACATTACTTCTCAGGGTGCCGGTAACTGTATGATTGTGTTTACTATGTTCTTCATCTTTTCGTTT

>nucleosomal\_sequence\_1846

AGGAAGTGATGTTGCTAGAGGAAGATGGGGTTGGTACTGGTGCTACAGAGCTTTCAGTGGTGGAGCTGGATACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTTGATGGGGTTGGTACTGGAACAGAAGAGCTTTCAGTGCTAGAGCTGA

>nucleosomal\_sequence\_1847

GAGAATCTAGCCACCGACAACACTTCTGATGGCAGCTCTCCGCAGGATGACCCAACAATGACTGATGGTGCAGACGAATCAGACACACCGTCGAACGAGCAAGAAACTGTCTTAGATGAAAACATACCTTATCCAACACATCTACTATCT

>nucleosomal\_sequence\_1848

AGCCTAGTTAATGGATTTATGCGGTATTCATTTCGTAAACTTGACATCGTGTGACCTTTCATTGACAGTCAACTGGAAGACATCTCCCCTAGCATAATGTCCGACAGGGTCAAGATCAAAGCGAGCTTCAGCAATCAAGTCAGTGTTAAT

>nucleosomal\_sequence\_1849

TCTCCGTGAGGGCGGTTCTTTCTGTAGCTGTTGGTTTTTTCCAGATCTTATGTGACACACCTGCACAACAATGTCATTCTCTGTCAGCTGCAAGACTCCCAAGACCACGAAGCTGCTGGTATCTTCTATTTCAGAGAGCGCTGTTGCTCT

>nucleosomal\_sequence\_1850

TACATCAACGAATCCGTCAACGAGTTTTCAAGAAGCGTGGCTTCCAAGTTGACAGAGTTGACTCATGCTACATCTGCGTCTGAGGCACAAAACATCTTAGTTGCTCCAGGCCCCATCAAAGAACCCAAGACGTTGAACTACGCCCTCAGT

>nucleosomal\_sequence\_1851

AAGTGCAACAGATAATGCCGCAGTATTTATATCCACCAGGGATGGGACCACAAGCTCAGCTTCCTACAATGAGCTCAAACTCGGAGTCCCAGACACCAGTGATGAGCTCACAGTTTCTTTCCTTGAACCAGCATGGCCTTTACCAACAAA

>nucleosomal\_sequence\_1852

CGTTCTCCCTAATGTTAACTTGCATATCTGTGTCCACAATACCTGGGGCGACGGCAATGGCTTTCACTTGCCTTTCCTCGTTGGCCAGAGTCATGGCGAAGTGGTTCAGAGCGGCTTTTGAAGAACCGTAAGCTCCCCAACTGCTGAAGT

>nucleosomal\_sequence\_1853

ACGTACTGTGTTCTCTTGATCGTAGTCCAAAGACTTCAAACTGACTTCTGGGAAGTTCACAGAACCGACAGAGTTACCTTCATTGATGTATTTGGACAATGCAGTAGCCACCTCAATACCGATTGAACTTTGAGCTTCTTCTGTAGAGCC

>nucleosomal\_sequence\_1854

AGTTGATGAGCACGGTGATGAATAATACACCTACAACAGTTGCCGCATTGGCTGCGGTTGCTGCAGCCTCTGAAACAAATGGAAAGCTGGGGTCCGAGGAACAACCTGAAATCACTATTCCAAAGCCGAGGAGTAGTGCACAGTTGGAGC

>nucleosomal\_sequence\_1855

CCGGCAAAGAAATCGTAGAATTTACAGCCCATATAGATGTACGGGACCTGCCAGGTGCTGTAGATGGGGATCAGAATTGGTAGCACCGTGCACAGGTGAGGGGCAGTGTTGATAAGATGTTTACGCTCGTTGAGTGCCTCGATGACCAGA

>nucleosomal\_sequence\_1856

TGAAAGTACAGGTAGATGTTAGTAAGGACGTAGAAGAAGGCAGCCTCAATGCTCTGCCTCCATCTGGAATCACAGAATCAGACGACAAAGCTGAAAAGTTCACTAAACATCCTGAATCTAGTTTAGAAGAGCTACAGAAGCATCAAGAAC

>nucleosomal\_sequence\_1857

GACTTTCCTCAGATAGTCTTGATAATGGAATCCAACTAGTACCTGAAGTTGTTAAACTACCTCAACTTCCACCGCCCCCTCCTCCACCTCCCCCTCCTCCACTTCCACAGTCTCTTTTGACTGAAGCAGAAGCTAAACCGGATGGTGTTT

>nucleosomal\_sequence\_1858

TAGACACTTCGAGACCAGATCTTGAATGGCAAGAATTGACTTCATTCTCATCACAACCACTGGAACCGTTGTCGGATACAGAAGAGCCAGACCTTGCGATTGCAGATGTTGAGACAAAGTTAGAAACAAAAGTCGATGAGCTAAGGTACC

>nucleosomal\_sequence\_1859

TTTAAACAGGTAGAGTTATTCGTAACCAAAGAAAGGGTGCTGGTTCTATCTTCACCTCTCACACCAGATTAAGACAAGGTGCTGCCAAGTTGAGAACTTTGGACTATGCTGAACGTCATGGTTACATCCGTGGTATCGTTAAGCAAATTG

>nucleosomal\_sequence\_1860

TTTGTGGTTTGCTTATGTAAGTTAGAGATGGCGATTCTAGCGGCTAGAGTGGCATAATCAGGGTGCACAGTGGTCATGTATGCACATGTTTCAGCTGCAAGATTGTCCAGCTCAACGGTAGTAACACCGGAGTACACACCAGAAATAATA

>nucleosomal\_sequence\_1861

GCTGTTTCATCTGCTGCCTTAGCCAAGAATGAGAAAATCTCTGATGCCGCTGCATCTGCCACTGCCTCAACATCTCAAGGGGCATCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCGGCAACTTCTACCCTAGAAAGCAGCTCTGTTTCTTCATCTAGT

>nucleosomal\_sequence\_1862

CCAACGAAGAAATCAAATTAGAACTGCTAGATTTCGAATCTGACGAAGGTAAGAAGGTCTTTTGGCATTCGTCTGCCCACGTCTTGGGTGAATCTTGTGAGTGCCACCTAGGTGCCCATATTTGTTTAGGTCCTCCAACTGATGATGGGT

>nucleosomal\_sequence\_1863

TAGAGCAACAATTGGTGAGGAGTAACCTTCCACCTTAGTAGTTGGAGACTGAACTGCACCGAAAAGAGCACCTTGACATTGTTCCTTCAACACTTTAACAGTCTCATCAGGCAACGCCTTTCCTGTTTCTTGGAATGTTTGGAAACCGGC

>nucleosomal\_sequence\_1864

CTTACGCCATTGTCTCATCACTACAACTGTTTAGCTACTAACTTGCTTGACATCCAAAGAGCAGGCCAATCACTAGAGAATGTCTGGGATCACTCAGATGGGTACACACAAGGCAGTGGATGTGGTTGTTACCGCCACGACTAGGGTCAC

>nucleosomal\_sequence\_1865

AGTATCATACAGTTCTTCTATCCGATATATAATGAACGATAGGTGTGACACCACTGACTTGAGTAATTCTTTCCAGCCACGCAAGCAAGACACCCCCTTGTTTCTGGCCCTGAGGTACGGACATTCCTTTGTAGAGATACTTTACCAGCA

>nucleosomal\_sequence\_1866

CTGTTGTAACAAGGGTGGTAGCTTCAGTAGTGTATTCGCCAGTACCAGTTGAACAAGGAACAGTGGTTGTGACAGTCTTTGGAGAGCATCCAGAGGTAGTTTCACCGGCAGAGTTTGTACCTGTAGAGCAAACCGTAGTAGTAATAGTGG

>nucleosomal\_sequence\_1867

TGCGTCCATTCTTCTGCACCAGCAAGCTTAATATCTCTTGTGTGACAAGGTTTCAGGTTGTGGAATCCGCCAACTTCGACAACTTTGTCGACTGTTTCCTCAGCCATTTGTCTGTAAGTAGTCCATTTACCACCTGCAATAGTAATTAGG

>nucleosomal\_sequence\_1868

TTCAGGAGCTTCAGAAGTGACAGTCTTGGTCTTACATCCATTGTCATCACAGTGGGTGACGGTGGCAGTGGTGTACGATTGAGAAGAAACAGTAGTTGTGGTGGTAGCTTCAGGAGCTTCAGAGGTGACAGTCTTGGTGTTACAGCCATT

>nucleosomal\_sequence\_1869

ACGGTAATGACTACTATCTTGGTCACATCTATGATATGATGCAGCAGAGACTGAAGCCTCAGGTGGTGACTGTTATGGGTGATCTTTTCTCCAGTCAATGGATCGGTGATTCCGAATTCCATAATAGAACGAAAAGGTATATTAGCAGAA

>nucleosomal\_sequence\_1870

GAATGCCCTGTCTTACTCAACAATTCCAATACTGATAGATGAGGGTCAAGTAAGCCTTTGTCTTCCCCAGTTTGTGCTTCAGAGCATGTGTGAATAGTCGTTGACGAGGAATCAGGTGGCATGCTTTTAGATGAGGATCCTTTACCTTCC

>nucleosomal\_sequence\_1871

TCATCGACTTGAGAATACCACAAAGATCTGCAATAAATCACATTGTGGCTCCGAACTTAGTGAATGTGGATCCAAACTTGTTGTGGGACAAGCAGACGAACACACCTATCTACAAGGATGACATATTGGAACATTTACTGAAGGAGAATG

>nucleosomal\_sequence\_1872

GCGGTGGTCATCACAACCATCAGCGGTGACAATAACACAGCAAACAGTCTTGTTTGACTCTCCTGCCTGCATGGTGTTTGAAAGTGAATCGTCAGGATTTGCAACAACCAATAGTGTACTGCTATTCGCAGGAGCACAAGCTCGCCGGTG

>nucleosomal\_sequence\_1873

ATGTTCAAGTCTAGAGAACGTTCTTATAGAGAATTGCCATGGAGAGTTGCAGACTTCGGTGTTATCCACAGAAATGAATTTTCTGGTGCCTTGTCTGGTTTGACTCGTGTCAGAAGATTCCAACAAGATGATGCTCATATCTTCTGTACC

>nucleosomal\_sequence\_1874

AGAGCTTTCAGTGGTAGAGCTGGTTACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTTGATGGGGTTGGAGCTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTTGATGGAGTTGGTACTGGAGCAGAAGAGCTTTCAGTAGTAGAGCTTGA

>nucleosomal\_sequence\_1875

CCTTTAGCAACCAAAGGTAAAACTCGTTACACTTACTCAACTGGAACGAGATCAACCAGTCTTCAATGAAGTCAGCAACGAACTCCCTCTGCAAAGCAGAATAGTCCTTCTTGAACGCAGGTCCGGAGCGATAGTCTCCGTCGCTGCGAC

>nucleosomal\_sequence\_1876

ATCCCACCAATTCCGGTAGCCTGAGGCTGGTTAAACGCCATTTGCTGTTGTGGTTGAGGCTGGCCTTGGGGCTGGTTTGAAGACTGACCTTGCTGCTGCTGCGGGTAGAATCCATTTGGTTGTTGCTGCTGTTGCTGCTGTTGCTGCTGG

>nucleosomal\_sequence\_1877

ACTCATGCTACATCTGCGTCTGAGGCACAAAACATCTTAGTTGCTCCAGGCCCCATCAAAGAACCCAAGACGTTGAACTACGCCCTCAGTAAAGTGGCTTTGAACTCCAGTGAATGTTTGAACAAGATGTTCCCCACCGAGGAACAACCC

>nucleosomal\_sequence\_1878

TGGTTCTAAGGGAGCTTGGTTTTGCGGTTGAAGGTAAAATCCTGTTTGCTGCGGCTTCAAAGGTTGCAAGGACTGTGCTTGCTGAGGAGGTGGCACCTGTTGAGGTTGAGATTGATAATAACCAGTGCCCTGGGCCTGAAGGGGCTGCTG

>nucleosomal\_sequence\_1879

GAATTTGATACTGCTAAGAAGCGTTTCGAAGAGGCAGTGGATCGTAATGAGAAGGAGCTCTTGTCCACGGTGATGAGAGAGAAGAAGGCCGCTCTGGACAGAGCATCCATTGAGTACGAAAGGTACGGGAGAGCCAGAGACTTTAATGAG

>nucleosomal\_sequence\_1880

AACATCTTAGTTGCTCCAGGCCCCATCAAAGAACCCAAGACGTTGAACTACGCCCTCAGTAAAGTGGCTTTGAACTCCAGTGAATGTTTGAACAAGATGTTCCCCACCGAGGAACAACCCTTGGCTTCGGCACTCTTGCAATTCAGTGAT

**II. List of 1,740 DNA linker sequences in the negative subset**

>linker\_sequence\_1

AAAAGATGGTTTAGCGAAGGCACCATTATGAAGATAGACACATTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTACTTTTATTTCGCGCGGTCGGTAAATTTTTCGTGGGTTTCTTTGAATCTATTAGCCGACAT

>linker\_sequence\_2

AAGATAGACACATTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTACTTTTATTTCGCGCGGTCGGTAAATTTTTCGTGGGTTTCTTTGAATCTATTAGCCGACATAAGAATAATGCATAAATAATATTTTTAATG

>linker\_sequence\_3

CGCGGTTGAAGAATGCTGTGTTCGAACTATAAAGCGTCAGAAAAGATGGTTTAGCGAAGGCACCATTATGAAGATAGACACATTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTACTTTTATTTCGCGCGGTCGG

>linker\_sequence\_4

TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTACTTTTATTTCGCGCGGTCGGTAAATTTTTCGTGGGTTTCTTTGAATCTATTAGCCGACATAAGAATAATGCATAAATAATATTTTTAATGTCTTCCTATGCCCAAAAGAAGAAGTCTTGA

>linker\_sequence\_5

AATATCGATTTAAATTCGAAGTGTTGTTTGCAGGATATAAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAAATAAATAAATAAAATAAATACAATGATATCGATAACGGTGAAATTCTTTTCATGGATTTTTGTTGCCCAAGAAAATAAC

>linker\_sequence\_6

CGCGCCGCGCAGGTACCCCGCGCATCTCTTCTTCTCGAAGAAAGCGGAAAAAACAAAAAAAAAAGTATAAATAGTGGAGTCTTTTCCCATTTAACATTTAGAAAAAAATTCGAATGGAAATTTCTTGCCGAACATTTAACCGGAGACCCT

>linker\_sequence\_7

GTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCGCGCGACTACTCAGCCATCTTGCATTTTTAAAGAAAAAGATAATCATTAATGCCTTCACGGGAATACGTATAGAACATTATTAAAAGTATATGAATGGCATATATATATAGAACACCACCCTTGGAAA

>linker\_sequence\_8

CTATACCAATCACTTTTTCATTTTTTTTCAAAAGCTCATCGGAAAATTTTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTTTATTACCCTACTGCATTTTGATAATCTGAACATAATGAGCTAATGAAAGCAATTCTCATTTAAAAACAAG

>linker\_sequence\_9

ACCTTTTATGTAATGATTTAAGTCTTGTCACATGACATAATAATAAATAATTTTAAAAATATAAAATATTTTTAATAGTTTTTAAATATTTTACAGTTTATTTTTTAAATTTATTTATATGTTTTTGTTTTCCGAAGCAGTCAAAGTATT

>linker\_sequence\_10

TTTTTAAGAATGTCGGGTAATAAACAGATTGTTTTTCTGGGAGGATAATCTTTTCTTTTTTCCTGTTGGTATTCTAAAATTAACCTTGCTGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCGCGCGACTACTCAGCCATCTTGCATTTTTAAAGAAAAA

>linker\_sequence\_11

ACATTGCTTTTTATTCAAGATTATTGGTTTTCCTAACCGCCGCGCCGCGCAGGTACCCCGCGCATCTCTTCTTCTCGAAGAAAGCGGAAAAAACAAAAAAAAAAGTATAAATAGTGGAGTCTTTTCCCATTTAACATTTAGAAAAAAATT

>linker\_sequence\_12

TGATCTTTTGCATATTTTTTTTTTTTTTGGGCTATAAAGTATATATAGATACAAATATATGATGAATCATTAAAGAGGAGGTTATTACTAAGTGAAAGAAAAAGAAAAAAAAAAAGATCAAAACCAAACTTCGTATTCGAGCCTAAAAAA

>linker\_sequence\_13

TTTTCTTTTTTCCTGTTGGTATTCTAAAATTAACCTTGCTGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCGCGCGACTACTCAGCCATCTTGCATTTTTAAAGAAAAAGATAATCATTAATGCCTTCACGGGAATACGTATAGAACATTATTAAAAGT

>linker\_sequence\_14

ATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAAATAAATAAATAAAATAAATACAATGATATCGATAACGGTGAAATTCTTTTCATGGATTTTTGTTGCCCAAGAAAATAACAATAACGTTTTCTTTATGATACATATATCTACTTTTTCAA

>linker\_sequence\_15

CATGAAACTCAAAAATCATCAAAAAAAGAAAAGCTAAATGTATACTTTTTTGTCTACATTAGTTACCTTTTATTACATGAGAAAGTTATTTTTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAACTTTTTCCTCTCGGAAAATAAAAGATATAT

>linker\_sequence\_16

CACTGTCAAAAGAAAGAACTAAGCAATGCAATATCTGCCTCTATACCAATCACTTTTTCATTTTTTTTCAAAAGCTCATCGGAAAATTTTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTTTATTACCCTACTGCATTTTGATAATCTGAA

>linker\_sequence\_17

TCATACTTCTGTTTCTATAAGTGTTAGTTGTAACTTATGAAATATCGATTTAAATTCGAAGTGTTGTTTGCAGGATATAAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAAATAAATAAATAAAATAAATACAATGATATCGATAACGGT

>linker\_sequence\_18

ACACATTTCTGCTGATGTGTTTTTTTTTTTCAACTTATTACGCGATTCGTTTTTTTTTTACGGTAACAGAATACAGAATAAATTCACGTACAAAAATAGAGAATATATAAAATAATAGGTTGACGATTATATTGGATCTTCCCCTGGGGT

>linker\_sequence\_19

CGCGCGCAAGCCAGCGGTAAAGGGAAAAGAACGGAGGACGATTACATACAAGATGAACGAATAAATAAATTAATAATAAATAATAATAAAAAGTACAGTAGCATTAAATATTATTAAGTTTAATGATTAAAAATTGGTTAATTGTCAAGA

>linker\_sequence\_20

ATAGTGGCTCATGATCTGTAAATGATCGGTTGACCGCAGTATTATATAATAACATCCGTATAAGTACATATACTACCATGTCTGTTCTCTACATTGCTTTTTATTCAAGATTATTGGTTTTCCTAACCGCCGCGCCGCGCAGGTACCCCG

>linker\_sequence\_21

TCCGTAAAGGATGGTTTAATAATAAGAAATTTATAATATTAATAATACATATATACAAAAATTTATATTTATATACATGCGCCTAACTATTCATACTATTAATTTCATATTATTAAGCTTTTTTTTTTTCATTTATCATTTTTTTTCGTA

>linker\_sequence\_22

TATACTTTTTTGTCTACATTAGTTACCTTTTATTACATGAGAAAGTTATTTTTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAACTTTTTCCTCTCGGAAAATAAAAGATATATTTACAAGTGAAAGCTTATTGTAATGTGTCATTTTAAACAT

>linker\_sequence\_23

AGCCTTGCGTTTCGAGAAAGTGAAAACCAATTGAATACAAAATAAAAAAAAAGAAGAAAGAAATAGCAGGTCTAAGATATATAAGAAAGTTAATATCATTTTTGAACATTTTATTTTAGACGCCTTCAGCCGCGCGACGCCCGGAGTAAT

>linker\_sequence\_24

CTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGATTCTTCATATTCTGTTATTAAATTTTTAGACTTTAATTTTTACTTTCTATGTAACGTTCACTCTTACCCTAAATATTAAACTATTTGATAAAATATTACACTGAAAGGTGTTACAACTTTTCCT

>linker\_sequence\_25

GGAAAATTTTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTTTATTACCCTACTGCATTTTGATAATCTGAACATAATGAGCTAATGAAAGCAATTCTCATTTAAAAACAAGTATTCTCTCTTATTGAAGTATGCATTATCTATCATTATAA

>linker\_sequence\_26

TAATAAATAATTTTAAAAATATAAAATATTTTTAATAGTTTTTAAATATTTTACAGTTTATTTTTTAAATTTATTTATATGTTTTTGTTTTCCGAAGCAGTCAAAGTATTTTAATTTTCGGAGCTTTCATTTCAAGCGCCTTTTTTTTAC

>linker\_sequence\_27

TGTGTCAATGCTACTATTTTGGAGATTAATCTCAGTACAAAACAATATTAAAAAGAGGTGAATTATTTTTCCCCCCTTATTTTTTTTTTGTTAAAATTGATCCAAATGTAAATAAACAATCACAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAT

>linker\_sequence\_28

TGTGACTAGAGGAAGTAAGGAGAAAAAACGATAGTAATCGTATTTTAGGTTGTGCGTTTTTATAATTTTTTTTTTTTTGTAATTCTATGCAAATGTAATATAAGTATATTTAAAGAAATAATGAGTCCTGTGAAAACAAAAAGAAAAAAA

>linker\_sequence\_29

AGCGAAAAGAAAAAGAAAAAATAGAAAATTTGGGTGGGGGGGGCGGAAGATCCCACGCCGCGCAAGAGATATTTCAATATTACTACTACATAGTATATGCGGCGCTACCATACGTACAACTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTGCCTTC

>linker\_sequence\_30

CGGTGGAAGAAAAACAGCGAAAAAAAATAACCGATACCCCCTTTTCGAATACAAATGCTTGTATATTCAATTATGAATTATTTTTTTTTTTTTTCATTTCTTATATTATTTTTTGTTCGAGAATCACTTTTTCAAGATGGTAACAACATC

>linker\_sequence\_31

CGAACACCGTCATTGATCAAATAGGTCTATAATATTAATATACATTTATATAATCTACGGTATTTATATCATCAAAAAAAAGTAGTTTTTTTATTTTATTTTGTTCGTTAATTTTCAATTTCTATGGAAACCCGTTCGTAAAATTGGCGT

>linker\_sequence\_32

AGCGGTCTTTTCCTCAGAATTGCCATAGATGAGTATTTACTGATCTTTTGCATATTTTTTTTTTTTTTGGGCTATAAAGTATATATAGATACAAATATATGATGAATCATTAAAGAGGAGGTTATTACTAAGTGAAAGAAAAAGAAAAAA

>linker\_sequence\_33

AACAATATTAAAAAGAGGTGAATTATTTTTCCCCCCTTATTTTTTTTTTGTTAAAATTGATCCAAATGTAAATAAACAATCACAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAGCCGCCATGACCCCGGATCGTCGGTTGTGATACGGTCAG

>linker\_sequence\_34

CCTTATGTTGTTTGCTTAGTTTTTTGATATTAGTGTTGCTTATGTGAAATTTCGCGATTTCAATTAAAATAATAAATACATATATAAAGAATATACACAGAGGGAAGCAAAAGTAAACTAAAAGTGATACTTACACGAGCTTTTTTGGTT

>linker\_sequence\_35

AACATCCGTATAAGTACATATACTACCATGTCTGTTCTCTACATTGCTTTTTATTCAAGATTATTGGTTTTCCTAACCGCCGCGCCGCGCAGGTACCCCGCGCATCTCTTCTTCTCGAAGAAAGCGGAAAAAACAAAAAAAAAAGTATAA

>linker\_sequence\_36

AGTAATTAACGCCCATTAAAAAGAAGGCATAGGAGGCATATACATATATATATATATATATATATATGGCTGCTGACAGATATTCTGCACTTAAAAACTAAAAATATTATACCAACTTTTCTTTTTCTTCCCGTTCAGTTTGCTTGATTG

>linker\_sequence\_37

TGGGTGGGGGGGGCGGAAGATCCCACGCCGCGCAAGAGATATTTCAATATTACTACTACATAGTATATGCGGCGCTACCATACGTACAACTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTGCCTTCTAAATTTGTAATTCGGTCACACTTTTGTCG

>linker\_sequence\_38

CTTTTACTCGCCGAGCGAACGTGCACCAAAAAGGGAAAGGAAAAAAAGAAAAAAAAAGGAAAAAGGAAACTCAAAACTTGGATAAATAGAAGCACTCAAACTAAATTAAACTGCCAAAAAAAAAAAAAATAAAAAGGGAAAAGTTTAAAC

>linker\_sequence\_39

CATGAAGTTTGATCACTTTAGCTGGTCCCATTCGAAGAACCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGATTCTTCATATTCTGTTATTAAATTTTTAGACTTTAATTTTTACTTTCTATGTAACGTTCACTCTTACCCTAAATATTAAACTAT

>linker\_sequence\_40

ACCACAAAGCGAGGTCGCTTTTGAAGAGCCCTCGGTAGCATAACATTTTTAATTATTACGACTGTTTTTTTTATTCATTATGTAGAGATAATTAAATGTTATAGATGCTCTATACTCAAACGGTGGAAGAAAAACAGCGAAAAAAAATAA

>linker\_sequence\_41

TTTCTCTATTTTTTTTTTAATTGAAAAATTTCCTTTCTCTATAGCGTATAGAATATATGTTACATGTATATATATATATAAAGTAAAAACGTTCGGAAAATTCCTCATTATACCCAGATCATTAAAAGACATTTTCGTTATTATCAATTG

>linker\_sequence\_42

AGGTATTATTTTTTTTTTTTTTGATAAGAAATTTAAGTGTTACAGAATGGGCCATCTTACAAAAATAATAGTCTTTATGTATTTTTATATATGTAAAAGAATTGAAATATTTTATAACTGGTTGTTATTATGGTACAGTGCGCTGCCCAA

>linker\_sequence\_43

TTGAATACAAAATAAAAAAAAAGAAGAAAGAAATAGCAGGTCTAAGATATATAAGAAAGTTAATATCATTTTTGAACATTTTATTTTAGACGCCTTCAGCCGCGCGACGCCCGGAGTAATCATATGCCCATGACTTTACCAAAAGGCAAC

>linker\_sequence\_44

TTTTTCTGGGACTGGAATACCAAGCACTACAACGACACTTTATTAAAACAGTAAATAGATAATATGATTATGTAATTTTAGAAACTAATTATGAATACCGATTTATTTTTTTTTTTTTTTTTCACTTTTGCTGGCAAGAAATACGAAATT

>linker\_sequence\_45

AAAAAAAGAAAAAAAAAGGAAAAAGGAAACTCAAAACTTGGATAAATAGAAGCACTCAAACTAAATTAAACTGCCAAAAAAAAAAAAAATAAAAAGGGAAAAGTTTAAACATCAAAGTACACCTTTCACCCCTCCACACACCATGGAACA

>linker\_sequence\_46

GTAGAGGAAGAGACTGTCATAGGGAAGAGCCCTTTCTACATACTACTACATAATATATATATATAGTATAGAAATTGGTATATCACTACTTGTACAAATATCATATTGTACGATAATCGCGAAGAACGACGCACTGGTGGGAAGAAGTGG

>linker\_sequence\_47

ACTTTCAAAAAAAGAAAAAGTAAAGTATGATAAAACGGAGCACTTGCCAAAGTAATTAACGCCCATTAAAAAGAAGGCATAGGAGGCATATACATATATATATATATATATATATATGGCTGCTGACAGATATTCTGCACTTAAAAACTA

>linker\_sequence\_48

AAAAAAAAAAAAAAAAAAATAGCCGCCATGACCCCGGATCGTCGGTTGTGATACGGTCAGGGTAGCGCCCTGGTCAAACTTCAGAACTAAAAAAATAATAAGGAAGAAAAAAATAGCTAATTTTTCCGGCAGAAAGATTTTCGCTACCCG

>linker\_sequence\_49

TATTACATGAGAAAGTTATTTTTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAACTTTTTCCTCTCGGAAAATAAAAGATATATTTACAAGTGAAAGCTTATTGTAATGTGTCATTTTAAACATCAAATAACAGACCTTTACATCAAATAAGCA

>linker\_sequence\_50

CACGAGCTACAACAAAATACTAAGGGAATAGGCCGTTATTTCCGTAAAGGATGGTTTAATAATAAGAAATTTATAATATTAATAATACATATATACAAAAATTTATATTTATATACATGCGCCTAACTATTCATACTATTAATTTCATAT

>linker\_sequence\_51

TCATCGTCATATGCTATACCTTCAAGCATCTAGTATCGCATAAATAAAAAATAGTATTTGTATATCAAAAAATGATCCTGTGATTTTTTCATATGTAACGTATAAATGTAAAAATGTGCTTCTTCTGGTATTTTTAATCAAGTGGAAAGA

>linker\_sequence\_52

AAAGATTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTCATAGACTTTTATTTAAATAAATCACGTCTATATATGTATCAGTATATAACGTAAAAAAAAAAACACCGTCAGTTAAACAAAACATAAATAAAAAAAAAAAGAAG

>linker\_sequence\_53

AACGAAAAAAAAAAAAAAAAACACAGAAAAGAATGCAGAAAGATGTCAACTGAAAAAAAAAAAGGTGAACACAGGAAAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAGGACGAAACAAAAAAGTGAAAAAAAATGAAAATTTTTTTGGAAA

>linker\_sequence\_54

CAATAGGGCGAAAAAACAGGCAACGAACGAACAATGGAAAAACGAAAAAAAAAAAAAAAAACACAGAAAAGAATGCAGAAAGATGTCAACTGAAAAAAAAAAAGGTGAACACAGGAAAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAGGAC

>linker\_sequence\_55

AATGTTAACGAATACGCTTAAGCGCAATCATTGAATAGTCAAAGATTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTCATAGACTTTTATTTAAATAAATCACGTCTATATATGTATCAGTATATAACGTAAAAAAAAAAAC

>linker\_sequence\_56

ACTTTTTTTTATATTGAATCTAATATATTATCAAACGGAAACTTCGGCTGAATTTCATACGTATATTGATTAAAGTGGAAAGGGCATCGGAAAAGTAAGAAAAGCTTAAAAAAATTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAATAAAAAA

>linker\_sequence\_57

TCAAACGGAAACTTCGGCTGAATTTCATACGTATATTGATTAAAGTGGAAAGGGCATCGGAAAAGTAAGAAAAGCTTAAAAAAATTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAATAAAAAATAAAAAAACCTATACAATACATACATATGT

>linker\_sequence\_58

GTTGACGTCGAAAATACATCCGCGCAAATTTTGACAGGCTATTTTGGCAGCGCAATCAAAGAATAAACTTGGTATAGTAAGGAAGCCAGTTACTGTACGCATGAATTACGGTAGCTTTTTTTATTTTATTTATTTTTTTTTTTTTTGGAC

>linker\_sequence\_59

GTACATTTTTATTTTTCCCATTAAGTGAAATTTCCTTCAAATTATTCTCGAAGCTTTCATGCCATTGGTGACACGAAAAAAAAATCTTGTTGTATTTTATCTAACGCGTCGCGACGCGTTAGATAAATATAACAGTAAATGATGGTATAA

>linker\_sequence\_60

TTTTACTTCTCTGCATTTTTTTCGCGTCGCGTCGCAAATTGTGATGGTTAAAAGAAAAATGAAAAAATATTTTTCGCGTCGTTATCACCCGGAGGAATAAAAAAAAGAAACATACACATCACGTGACCACAAGAATGTTAGAAAGGCTTA

>linker\_sequence\_61

GCTTAGTGACGCGTTTTCGCGCGTCAGTTTCAAGTTTTTCTTGGCTTTTTTTTTTTCATTTTCGTAAAGGGTCTTAAAAGGATTAAAAAATGCAGTATTGAAATAAAGAACAATTACGAACGGTGAAGCTGCTATTTTGGTTATTATACC

>linker\_sequence\_62

CTTTTTTTTTTACAGTTCCACTTGCATCCCTCATTTTTCACATTCCTTTTTTTATAGAAAAGCATATCACTATATAAAAATTCTATTATAGTTGTAACAGCATAGCATATTATAGACTTTTTTTTTCTGGAAACGGTTAAACCGTTTGGC

>linker\_sequence\_63

ATGTCCCAGGTCATTTATCTGCCATTGCCTTTGTTTACGAGTATATCGTTAATGTTAACGAATACGCTTAAGCGCAATCATTGAATAGTCAAAGATTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTCATAGACTTTTATTT

>linker\_sequence\_64

AGATGTCAACTGAAAAAAAAAAAGGTGAACACAGGAAAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAGGACGAAACAAAAAAGTGAAAAAAAATGAAAATTTTTTTGGAAAACCAAGAAATGAATTATATTTCCGTGTGAGACGACATCGT

>linker\_sequence\_65

TGTTAAAAATGGTGACTGTATCTACGTATCTATAAAAAAAGGTTAACTACCGGAAAATCATTTCTTCTCGTAAAGTGTATATTTAGGTTCGGAAATCATAAACATTGTTTTTTTGTGTTTTTTATTTTTAAATAAAAAGAATAAATATTT

>linker\_sequence\_66

AAAATTCATGATCGACCGCGCAAAATAAATAGATTTGCAAATAAGTTTTGTATGTACATTTATTAATATATATAATATATCAAAAGAAAAAAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTGCACTCTTATTCAGTCATCAATTACAAAACCT

>linker\_sequence\_67

CAGAAAATGATGACAGTCTAGCTCCTATAGACGAAAAGAAGGTCCCAATGCTAAAGGACACCAAGAATAAAATCGAAAATGAGCATGTAATATGGGAAAAAGTGTACGAATCAAAGACAAAATAATATAGTTGCAATAATAGTAATAATA

>linker\_sequence\_68

CCAATGTTCAACTGTGTTGTTGATTTCTTATCCAGCATTCTTTTACTTCTCTGCATTTTTTTCGCGTCGCGTCGCAAATTGTGATGGTTAAAAGAAAAATGAAAAAATATTTTTCGCGTCGTTATCACCCGGAGGAATAAAAAAAAGAAA

>linker\_sequence\_69

TATAAAAAAAGGTTAACTACCGGAAAATCATTTCTTCTCGTAAAGTGTATATTTAGGTTCGGAAATCATAAACATTGTTTTTTTGTGTTTTTTATTTTTAAATAAAAAGAATAAATATTTTATATTAAAAAATAAATTTTAAAGTAAATT

>linker\_sequence\_70

GCCATTGGTGACACGAAAAAAAAATCTTGTTGTATTTTATCTAACGCGTCGCGACGCGTTAGATAAATATAACAGTAAATGATGGTATAAATGCCACCGTCGATATTTAAATGAGATTGCTTATATATCGCATTATTACCTGCGAAAATC

>linker\_sequence\_71

TGAATAAATACAGCACTTTCTCGCATCTACCTCAACTGAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAACGCCCCTTTAAGACGAAGTGACAAAGAGGCAATAGTTCAAAAGAAAAAAAAAAAATATAAAGACTGTTGATAGTTGAATTTTTATAAA

>linker\_sequence\_72

AGCATCCACAACAACTAAACTGGTATTTTGTTATACACAACGCGTCTTGGTTAGGCATCTGTTTTGTTTTAGCTATTGTTCATCGCGTTTTTTTTTTTCTTATCTCTTTTACCGAGGGGCGAAAATAGCGATAGATCGAGAATATAAATA

>linker\_sequence\_73

ATATACTAGTGAGACCTTTTCCCCCGTTCCCAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAACGAGCCTTCATCACGTGCATTAAAGAAATAGTAATCCCAACGCACTCATCCGCTATATACATAGCGAAAAACTATATGCCCACTTCACA

>linker\_sequence\_74

CAATTCGCGAAAATGAGCGAAAATTTTTCAAGCCCACCGCTAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGGGACATAAATACGTATATCTCCAGAAAATGCCCAGTGGAGTGGATGAATACCTGATGGGCTATATTACTACATTATTGAAAAC

>linker\_sequence\_75

TATGTACATTTATTAATATATATAATATATCAAAAGAAAAAAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTGCACTCTTATTCAGTCATCAATTACAAAACCTAGAGATAGCGATGGTGCATATTCAATAAAAAACTCCTTATACTGTCGAGA

>linker\_sequence\_76

AGATATAATTTTTAAAAAAAAATTAGAAAAAGCAAATATAATTCAGGTCCCACTTGGAATAATGGCACTGTATTGATGCATTTTCCTTATGCTTAGTGACGCGTTTTCGCGCGTCAGTTTCAAGTTTTTCTTGGCTTTTTTTTTTTCATT

>linker\_sequence\_77

CAAGTCTTTAAGAGCTACATTAAATTGAAATTGTCGAGTGTCGCCAACAACAATTCGCGAAAATGAGCGAAAATTTTTCAAGCCCACCGCTAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGGGACATAAATACGTATATCTCCAGAAAATGCCC

>linker\_sequence\_78

ATCGCGCGTCCTCAATATTTGAGTTTTTCAAATAGTGAGGTGTGGATGTATAGAGGAATTACACACTTTTAAGTATGTGATGTATGGGCGCACAGTACCAATTTAACTTTTTTTTTTTTTCATTTTTTAGCTTGATTTTCAAAAAACTTA

>linker\_sequence\_79

TATTGACATAATCTACGATGTGAGAGCTGTATGATATTGTGGAACTTTGTATATATTGAAAAAATTTTCCAGTGGAATTTTACTCGCGATGACTCAAGAGCGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTGCTAAAAAATCAAATATAT

>linker\_sequence\_80

ATTCAGGTCCCACTTGGAATAATGGCACTGTATTGATGCATTTTCCTTATGCTTAGTGACGCGTTTTCGCGCGTCAGTTTCAAGTTTTTCTTGGCTTTTTTTTTTTCATTTTCGTAAAGGGTCTTAAAAGGATTAAAAAATGCAGTATTG

>linker\_sequence\_81

GGAACTTTGTATATATTGAAAAAATTTTCCAGTGGAATTTTACTCGCGATGACTCAAGAGCGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTGCTAAAAAATCAAATATATGCTTCCAATCGGATTTGAACCGATGATCTCCACATTACTA

>linker\_sequence\_82

GCTTCAAACTTTTTGTCATTTGTCTTCCATCCTTCCCTTATTCTCAATATATATGTAATACGTCGTATTTGATATATATATATATATATATATAATATAATTTAACGGTTGTTATCTGCTACATCTGTAAAATAAAAATAAAAATGCTTG

>linker\_sequence\_83

TAATTTTTTTTTTTTCATAGACTTTTATTTAAATAAATCACGTCTATATATGTATCAGTATATAACGTAAAAAAAAAAACACCGTCAGTTAAACAAAACATAAATAAAAAAAAAAAGAAGTGTTCAAATCAAAGTGTCAAATCAAAATTT

>linker\_sequence\_84

CAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAACGAGCCTTCATCACGTGCATTAAAGAAATAGTAATCCCAACGCACTCATCCGCTATATACATAGCGAAAAACTATATGCCCACTTCACAAATACGAGTTTGCATGTATAATATATAAGA

>linker\_sequence\_85

AAAAAATAGCCAAATGTCAAACTCAAATAGTGTTTGTTGTACGCTTATGTAATGATAGTAATAGAATCCAAAAAAAAAAAAAATATACATGCTTTTTCATATCCTCTCTCACCCTATCTTTTTTTTTCTTCTAATTTTGGCTCCGTTCAT

>linker\_sequence\_86

GTCAAACAGGAAATATTGCCTATTTTCGTACAAGGTTACTTCCTAGATGCTATATGTCCCTTTACATAATAAATTAAAAAATTTTTTTTATAAATTATAATAATTTCTTTTTATTTCTAATAGTATCTTGGGATTAAATAAATCACTTAC

>linker\_sequence\_87

ATGCAAAATTCGTGGCTCAGTGCTCTCAAGACAATGTTGCAACCCTTTGCGTCAATTATATATATATATATATATATATATATATCCCGTCCGCTTTCTTTTTTTTGTCAGTTGGGTCGCAACGCAGGGTCTCGAGACCTGAAAAAAGCT

>linker\_sequence\_88

TATTTTTTTTTTATTTTTTTGTAGGTTCTTTGGCCATCCTAAATAGAATAAGCATCCACAACAACTAAACTGGTATTTTGTTATACACAACGCGTCTTGGTTAGGCATCTGTTTTGTTTTAGCTATTGTTCATCGCGTTTTTTTTTTTCT

>linker\_sequence\_89

CTGGGCGCGACATTCCAAAAAAAAAATAAAAAAGAAGAGAAAATACTGGCTTATGAATACAAAAATTACATAAACGAAGCAAAATGATTATTTCGAATAAAACAGTCTATATATAAGTCAAATACAAGATAGGAAGAAAAACAGAAAAAA

>linker\_sequence\_90

TCGAGGGGTTTTTTATTCGAGATAGTAACTTCTGACTTTTCGCTTTTATACAGCACAGCAGAAAAAAAAAGCCGCCGAGGCGCGCGCGTTCATGCAATGGCTCAGTAACCTCGTGATAGAAAAAGGGCAACAATATTGGGCTATTTTAGG

>linker\_sequence\_91

ACGAAAAGAAGGTCCCAATGCTAAAGGACACCAAGAATAAAATCGAAAATGAGCATGTAATATGGGAAAAAGTGTACGAATCAAAGACAAAATAATATAGTTGCAATAATAGTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA

>linker\_sequence\_92

TCTTTTGCTGTTACTATGTGTTTAAGAGAGAGCTGTTCTACAAAGAACTTTTCATTTACGCGTTTTTTCCTTTTTTTTTTTTTCTCATCCTAAACGCGTAAATCTGTTCCCTTTTTCATGTAATGGGCGTACAACCGACGATGGAAAAAT

>linker\_sequence\_93

AAAGGAAAGCAGGAAAGGAAAAAATTTTTAGGCTCGAGAACAATAGGGCGAAAAAACAGGCAACGAACGAACAATGGAAAAACGAAAAAAAAAAAAAAAAACACAGAAAAGAATGCAGAAAGATGTCAACTGAAAAAAAAAAAGGTGAAC

>linker\_sequence\_94

AGGATGATGGGAAAAAAAAGATAATTTTTTTTTTTTGTTTTTCCCTGCTTCCTTCTTGTTTATTGGTATTATTATGTTACGATATTCATTCATTATCCTATTGATATTTTCTTTATATTCACTAAAAAAAAATTTATTCTATAAGACTGA

>linker\_sequence\_95

CCTTCCCTTATTCTCAATATATATGTAATACGTCGTATTTGATATATATATATATATATATATAATATAATTTAACGGTTGTTATCTGCTACATCTGTAAAATAAAAATAAAAATGCTTGAAGCGGCTGTACTTAAAATAAACTCATCTA

>linker\_sequence\_96

TATTCATATGTATCAAAGATACCTATGGGAACTGCTAAAAGCAACTATTTTGATCCCGTAGAACACGATTTATTTCATTAAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCACTTTCTTGCGATGAGATGCACATAGTAAAAGAAAAGTATACCA

>linker\_sequence\_97

ACAGGAAAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAGGACGAAACAAAAAAGTGAAAAAAAATGAAAATTTTTTTGGAAAACCAAGAAATGAATTATATTTCCGTGTGAGACGACATCGTCGAATATGATTCAGGGTAACAGTATTGATG

>linker\_sequence\_98

ACTGCTAAAAGCAACTATTTTGATCCCGTAGAACACGATTTATTTCATTAAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCACTTTCTTGCGATGAGATGCACATAGTAAAAGAAAAGTATACCAGTGTAGTGCGTAAATTAATACCTATATAAT

>linker\_sequence\_99

AAATGTAAAAACTATAAATTAGTAAATATACTATCCGTTGCAAGTCTTTAAGAGCTACATTAAATTGAAATTGTCGAGTGTCGCCAACAACAATTCGCGAAAATGAGCGAAAATTTTTCAAGCCCACCGCTAAAAAAAAAAAAAAAAAGA

>linker\_sequence\_100

CCGCATATGCATTGTGTAGATCCAAAAGTAAGGACAAGATATCATGGGATGAAGAAGAACAGGCGCGATTAATGGGCGTTGTAAAATTTAATTCAGAGCATTACAGGGACTAGGAAATAATACTAATTAAATAATTCTAATAATTCTAAT

>linker\_sequence\_101

GATTTTAACCAAGAGCAATCCTATGGAACGTTCTGTCCCACTTCACTCAAGTTTTTGAAAGGGTAAAAATTAAAAAAATTATAGAATTAACAGTAAAATGTGCTACGTTCCAAAAAAAAAAAATATGCACTATAGTATATTACTACATGT

>linker\_sequence\_102

TATATGTCCCTTTACATAATAAATTAAAAAATTTTTTTTATAAATTATAATAATTTCTTTTTATTTCTAATAGTATCTTGGGATTAAATAAATCACTTACAATATTTATTTTATTATATTGCTTTGTTCAATTAAATTTTAATACGAAAT

>linker\_sequence\_103

CTCAACTGAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAACGCCCCTTTAAGACGAAGTGACAAAGAGGCAATAGTTCAAAAGAAAAAAAAAAAATATAAAGACTGTTGATAGTTGAATTTTTATAAACGTTATGTTAAGTATATGTATTGATGGAAG

>linker\_sequence\_104

GTATATTGATTAAAGTGGAAAGGGCATCGGAAAAGTAAGAAAAGCTTAAAAAAATTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAATAAAAAATAAAAAAACCTATACAATACATACATATGTATATGAATATAAACCTGGAACGATGTGTCT

>linker\_sequence\_105

AGTGCTATAGCAAGTGGGCTTTTGCGTGCTTATCTTTCTCACTCCAACCGCTGCATCGTTTTCAGTAAGAAGGAGCCCTTTCCCCATAGCAAATGATAGAAAAATAGTCAATAATTGAACGAAGAAAAAAAAAAGAAAGTTTGTTCATAA

>linker\_sequence\_106

AAGCTTAAACCAAGGGAAGCAAAATTTGAAATACCGAAGGTAGAACAATAAGGATGATGGGAAAAAAAAGATAATTTTTTTTTTTTGTTTTTCCCTGCTTCCTTCTTGTTTATTGGTATTATTATGTTACGATATTCATTCATTATCCTA

>linker\_sequence\_107

ACGCTTTATAGATCACTTTTTTTTTTTTTTGAGGAACCGATTAATTAATACATCGTAGCCTCTGCTTATTGCATAACACAACAAAAAAATACAATAATACGCAACTTTTGTTTATAGAAAAATAAAAATGGAACATATGATATTCTCTGT

>linker\_sequence\_108

GAAAAAAAAAGCCGCCGAGGCGCGCGCGTTCATGCAATGGCTCAGTAACCTCGTGATAGAAAAAGGGCAACAATATTGGGCTATTTTAGGCAAAGAAACTCAGCTATTCGAAAAGGGCATCCATTTCATTTCCGGTTTTCTATCTAGCCA

>linker\_sequence\_109

TAAATGTTATGTTCCATGTTGTGTTTTCCACCAAAAAACCGTGAAGGACAATTCAATGAGCAAAGGGTTTAACGGAGCTATAACCTGCTTTTGTAGATGAAAAAATAGAAAATTCAAATATATATATATATATATATTTATAATAGCATG

>linker\_sequence\_110

TAGATTTGTGAGCGCATTGGCGCGACCCATTTTTTTAACACAGAAAAAAAGTAAAAAATAGAAATTACCCAATTAAGTGTTTTTATAGTAAACAATCCTTGATATCTTAGTTGAAAATAAACTCGAATTATGTACAAGTTTCCTTCCACT

>linker\_sequence\_111

TTAAAAGAAAGCGGCAATAGCCTTTCCTTTCTTAGCCGGAAAACTTACTACGGGAACAAGTTTTTTTTATTAGTATAATGTAGATATAAAAGCTTAGAGTTTATATAAATATAATAAAAGGTTAGCACTGCTGTTGCAAAAATATCGAAT

>linker\_sequence\_112

AGCCCACCGCTAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGGGACATAAATACGTATATCTCCAGAAAATGCCCAGTGGAGTGGATGAATACCTGATGGGCTATATTACTACATTATTGAAAACGTTTACCAAAAGTTTCGTTACTGTATAAAA

>linker\_sequence\_113

GGAAATCATAAACATTGTTTTTTTGTGTTTTTTATTTTTAAATAAAAAGAATAAATATTTTATATTAAAAAATAAATTTTAAAGTAAATTAATTATTTAACACGTGATTAAGTTACTCTAATATAATCCTATTTAATAATTAGTAGAGTT

>linker\_sequence\_114

TGTATTTTATCTAACGCGTCGCGACGCGTTAGATAAATATAACAGTAAATGATGGTATAAATGCCACCGTCGATATTTAAATGAGATTGCTTATATATCGCATTATTACCTGCGAAAATCTAATTTACGACTCCTTGAAAAAATTCCATC

>linker\_sequence\_115

AACGGCCCTTTTCGTGACTGCAAATGATACTAATTCCTGTATTTAAATATACTCATATTTAACGAACAATTATGATGAATGAAAAAACCTGATATAATAGACTTAACTAAGCGATCATAAAAAAATTCAAAAAGTTATTTTATAAAACAA

>linker\_sequence\_116

AGTGGAATTTTACTCGCGATGACTCAAGAGCGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTGCTAAAAAATCAAATATATGCTTCCAATCGGATTTGAACCGATGATCTCCACATTACTAGTGTGGCGCCTTACCAACTTGGCCATAGAA

>linker\_sequence\_117

GAACTTTTTTTTGATTTGTTATATAATAACAGAAAATCCAGATTTGTACAGAAAGAAAATCCGTGATAGTTTAATGGTCAGAATGGGCGCTTGTCGCGTGCCAGATCGGGGTTCAATTCCCCGTCGCGGAGATTTTTTTGGCTACTGTTG

>linker\_sequence\_118

TATCTTTCTCACTCCAACCGCTGCATCGTTTTCAGTAAGAAGGAGCCCTTTCCCCATAGCAAATGATAGAAAAATAGTCAATAATTGAACGAAGAAAAAAAAAAGAAAGTTTGTTCATAAAAGAATATCATATTATATATATATATAGGG

>linker\_sequence\_119

GAATTGAGGAAATTCCTTTTCTCCTTTGTTTTCTCTTTATCCCCGCGTAAATACGCGGAATGCCAATAATCAAGTACACATTCTTTCTCCAAGTTGGCCAAAAAATAGTTCAAATTCTTTAAACTAAGCGCTATTAATTATTATTAATTA

>linker\_sequence\_120

TTGACAGGCTATTTTGGCAGCGCAATCAAAGAATAAACTTGGTATAGTAAGGAAGCCAGTTACTGTACGCATGAATTACGGTAGCTTTTTTTATTTTATTTATTTTTTTTTTTTTTGGACAAATAGAAAAATTTTTATTATTATGTAAGA

>linker\_sequence\_121

GGGTGCGCGCGCTAGTATCTTTCCACATTAAGAAATATACCATAAAGGTTACTTAGACATCACTATGGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATGTAACTTAGCACCATCGCGCGTGCATCACTGCATGTGTTAACCGAA

>linker\_sequence\_122

AATAGGGTGAACGAAAAAAATTGGGAGATCTTGCCGACGGCTACGTATATATATATATATATATAAATATATATATATATATTCATGTATACTGTATATGTACAATCATATATAAAGTTACTCTTCCCTTTTCTTTTTTTTTTTACATTA

>linker\_sequence\_123

GCGCGCTCCCTTAGCATGGGAGAGGTCTCCGGTTCGATTCCGGACTCGTCCATTTTAAAATTTCTTTTTTTTTTTTTCTCTTTCCGTATGTAAGCTTTTTTCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTCACTACTTTTCAATGA

>linker\_sequence\_124

TGTATTATTATTATATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTACGGTATGTCAAGTATTATTTTTTTTTTAAAAATAAAGAAAAAAATTGTACAAATATATATATTTATATATTACTCTATATGGTTTTTTTTTTTTAAGTGCAG

>linker\_sequence\_125

TCCTACTAGCTTTTTTTTCTTCAATTCGATAGTTTAGATGGGTTTATATCTAAATATATATATATAGTATTTTATTTCATATTCAATCTCCTAGTATACATGAAATATTTAACGCTTTTTTTTGCCCTTGTTTTTATTTTTTTTCTTTTT

>linker\_sequence\_126

AATTCCAAAAAAAAAAAGTAAAAAAACAAAACTTTGATTGTTTTTTAATGATGTTAATGATTTTTTTTTTCTTTCTTTATCATAAAAAAAAAGTTAAAATGAAAAACAAATATGGGTCTGGAAGGCCATTATTTTTTTTTTATTTATATA

>linker\_sequence\_127

TGATGCGATGCGATGTTAGCGCAAACAATAACGCGTACGATAATAAAACTTCAAATGCGCCAATTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTCTTTTCATATATCCGATTTAAACCGCCTAGGGAAGAGTAAAAACCCGAATTGTTC

>linker\_sequence\_128

ACGCGTACGATAATAAAACTTCAAATGCGCCAATTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTCTTTTCATATATCCGATTTAAACCGCCTAGGGAAGAGTAAAAACCCGAATTGTTCCGTCTATACTTGGTTGTATGGGTGTTTTTT

>linker\_sequence\_129

TGCAAGGACCATCATTGTTTGAAAAAAGAGAGGATATTACTAGTAGGTAATAACAGCTATGTCGCGTTATATATATTATATATAAAAATTAAAAAATAGAAAATAAAATTTCAAATGCCCTCTGTGGGAATTGAACCCACGATCCCCGCA

>linker\_sequence\_130

TGCGAAGAAAGAAAAAGAAAATATTCACCTCTAGGAGCCAAAAACATAAAAAAAAAAATAATTAAAAAAAACTTTTATTGAATGCTTAATTATTTAGTGACGCGATTACCTATATACCAGGTTATTTATTTTTTCTTTTTTCAAAGGAAA

>linker\_sequence\_131

GTTGAAATACCCTATACTAATTGTTTGCTTTGTCTTTTTGTATATATCCGAACGTATCTATCTGAAATTTTTCAAATTTATAAAAAATAATATATATAAAAGGAAAAAAAAAAAAATCGATGCCCTACTAATAGAGATTGGAGCTGAAAA

>linker\_sequence\_132

CTATCAAATTCGTTGGTTTTTTTTCTGGGAAAACTCTATCAAAGTATAAGGTGCGCTTTTAACGTAATTTATAATGATTTTTTAGAAATAATAATGTATATAGTATAAAAAAATAAACAAACTTTAAAAAAAAGAGTGAAGAACTGTAAA

>linker\_sequence\_133

AGAAATATACCATAAAGGTTACTTAGACATCACTATGGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATGTAACTTAGCACCATCGCGCGTGCATCACTGCATGTGTTAACCGAAAAGTTTGGCGAACACTTCACCGACACGGTC

>linker\_sequence\_134

AATACATCAAAACCTTCATTTGCGCGATGTTACGCGTCGCGTTTCCTATAAAAAATACATAAGCTAGTGAATAAAAGCTTTAAACGCGTTAGGGGGATCTGCAATTAAAGTAAATAAATGAAATAAATGAAATAGATGAAAAACTGGTTA

>linker\_sequence\_135

CCAAAATAAAATTTTTTTTTAAGTCCCAATTGAAATACTTCTCCTTATAAATATCATGAAAGGAAGAAAAAAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAACCAATAAAAAAATAAAAAAATATCAATTCTACGAGAAATGCGTGCGAAATCGATGAG

>linker\_sequence\_136

CGGACTCGTCCATTTTAAAATTTCTTTTTTTTTTTTTCTCTTTCCGTATGTAAGCTTTTTTCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTCACTACTTTTCAATGAAACTCTCTTCAAAAGACAGCATGCAGTAAAAGCGCCGATA

>linker\_sequence\_137

GTAATTTATTATTAATAATTATATTTTATCAATATTTATACGATATAAAAATTTAAAAAAATTATAATATAGAAATAATAAATAATAATAATATGATAATAAAATAATATATAAATAAAAATGATAAGATTATATTAATTTATTTAATTT

>linker\_sequence\_138

GTAATATTTATAAAATATAAAAAGAAGAAATTTTTATTCTTTTTATATTTTATTATAAAATAGTTCAATTATTTATATTATTTAAATGTTGTAATTTATTATTAATAATTATATTTTATCAATATTTATACGATATAAAAATTTAAAAAA

>linker\_sequence\_139

AGGAAGAAAAAAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAACCAATAAAAAAATAAAAAAATATCAATTCTACGAGAAATGCGTGCGAAATCGATGAGTTTTGTTTTGCCTCTGAAAAATTCTGGAAAATTTTTCTTAGCGGAAAAAAGAAAAAAAAG

>linker\_sequence\_140

CGCTTTTCATCGATGTATATAAGGAAGAATACCTCATTATAATACATCAAAACCTTCATTTGCGCGATGTTACGCGTCGCGTTTCCTATAAAAAATACATAAGCTAGTGAATAAAAGCTTTAAACGCGTTAGGGGGATCTGCAATTAAAG

>linker\_sequence\_141

TTATTATTATTATTATTACGGTATGTCAAGTATTATTTTTTTTTTAAAAATAAAGAAAAAAATTGTACAAATATATATATTTATATATTACTCTATATGGTTTTTTTTTTTTAAGTGCAGGCGTTGGTTATGCTTCGTCTACAATTGGTT

>linker\_sequence\_142

TTCCCCTCTGGTTAACAAAAACCAGTATATTAACAGAAATAAATAATAATAACAAAAAAATATGAATATAAGAATAAATTGCAATAAATAGTAATATTTATAAAATATAAAAAGAAGAAATTTTTATTCTTTTTATATTTTATTATAAAA

>linker\_sequence\_143

CTAGGAGCCAAAAACATAAAAAAAAAAATAATTAAAAAAAACTTTTATTGAATGCTTAATTATTTAGTGACGCGATTACCTATATACCAGGTTATTTATTTTTTCTTTTTTCAAAGGAAAACAATACAAAATATTACTGTTACCATTTTT

>linker\_sequence\_144

TGTATAGACACCACATTGAAGGGGCGTCACAGCAATTTTTTTTATTTTTTTTTGATACTCAATAATTACGAGCATATAATTTTAGTACTTCCAAAAAAAAGTTAAAAAAAAAATAGTGACAAAATGTGTCAGTAAAATATATATGAGAAC

>linker\_sequence\_145

TTTTTATTCTTTTTATATTTTATTATAAAATAGTTCAATTATTTATATTATTTAAATGTTGTAATTTATTATTAATAATTATATTTTATCAATATTTATACGATATAAAAATTTAAAAAAATTATAATATAGAAATAATAAATAATAATA

>linker\_sequence\_146

GCTTGGGTTAATGTTCTTGTGCTATTGTTGCTGTTGTTATTGTTTTTATTATTGTATTATTGTATTATTATTATATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTACGGTATGTCAAGTATTATTTTTTTTTTAAAAATAAAGAAAAA

>linker\_sequence\_147

TTCCCTTGGCACCATGTATATTCACTTTTATTGTCTCTTGATCGAGCTATAACCAAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCGTTTTTATAATTTTTTCTTTGGTATTCAATTGTATATAGTGCTCAAACAGCAACGTACATAATAGCTAG

>linker\_sequence\_148

CGATATAAAAATTTAAAAAAATTATAATATAGAAATAATAAATAATAATAATATGATAATAAAATAATATATAAATAAAAATGATAAGATTATATTAATTTATTTAATTTTCAAATTATTAAATAAATAATAACCTAATACTTACTTTTC

>linker\_sequence\_149

CATCTTTTCGCGCGAAAAAACAATATGATGCCTTTTTGAAACATGTTATTATTTGATTTTTTAATGGCTTCTATTACGCGTCGTGGTTGGTGAACCTGGTACAAAATAAATAAAAAAATACCTGCTAAAAAATATCAAATAAAGTAAGGA

>linker\_sequence\_150

GCATTTTTCCTGTCCACCACTGTACGCCATTGTACACAAAAGTATTTTTTTATATTTTTTTTACAATTTTTTATAATTTTTTTTTATGTTTAGTGTATATTTGCTAGAAAGAAACAAGATCTTTTTTGGTAGTGTAAATGCTTAAACTTT

>linker\_sequence\_151

TCGTTTTTCCACAATACAAAAAAACACAGTCCTTTGTACTATCCCTTTTATTTCATTATTTTTTCTTTTTTAAGATACCACTAGATATTATCATATATAGCATATTATATAACATAAAAAGTCAAGAAAAAAAATGTTTTTATCACTTTC

>linker\_sequence\_152

GCTAAAATGAAAGTAGTAAACCATTGAATGAAAACATTAACCAAAATAAAATTTTTTTTTAAGTCCCAATTGAAATACTTCTCCTTATAAATATCATGAAAGGAAGAAAAAAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAACCAATAAAAAAATAAAA

>linker\_sequence\_153

ATAGGCGCGCGCGGTGTGATGGTGATGATAATGATGATGATGATGATAATGATGAATAAACGTTTCGGTTTACGAGTTTCTTTAAATATACATATATGATATAAAAAAAAAAATACGTACCACTTACAATTTGCAAATATAGATGATCGA

>linker\_sequence\_154

TTGTCTCTTGATCGAGCTATAACCAAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCGTTTTTATAATTTTTTCTTTGGTATTCAATTGTATATAGTGCTCAAACAGCAACGTACATAATAGCTAGCAAACAATAGATGAAATAATAGAATAATAA

>linker\_sequence\_155

GCAGCTCTTCTTTTTTTCATGCTCGAGGTTTTTAAGGGCGAACTTTAACTAGATGGATTATTCAGTTTTTTTTAAAAGGATCAAAATCCTACATTATATATATATATATATATATATGTTTGTGTGTGTATATAAAAAAAAAATCATTTC

>linker\_sequence\_156

TATTATTTTTTTTTTAAAAATAAAGAAAAAAATTGTACAAATATATATATTTATATATTACTCTATATGGTTTTTTTTTTTTAAGTGCAGGCGTTGGTTATGCTTCGTCTACAATTGGTTGGTGTGCACCGATGGGTCATGTTGGACCTT

>linker\_sequence\_157

TTAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATGAACGCCGGCCCCAGAGGGAAGAACAAGCTATTTATTTTCTTTTTTACTTTATCTTTCATGGTCATATATATATATATATATATATATATATATCTTCTATAGGCTACTATACATGAAGGCGTTC

>linker\_sequence\_158

TGTCTTTTTGTATATATCCGAACGTATCTATCTGAAATTTTTCAAATTTATAAAAAATAATATATATAAAAGGAAAAAAAAAAAAATCGATGCCCTACTAATAGAGATTGGAGCTGAAAAGAAAAAGTGTACATCAAACGCTATATCTCG

>linker\_sequence\_159

CAAGAAAAAATTGAGGGATGGGTCAACCTTCCATAGATTCTATATGGAATAATAAAATTTACTTCTTACTAACATTATATCAGGGTGAATATTACTGACAAAAATAATAACTTAAGTCTTCTTTATAATATGATGATCGACGCGCGGGGT

>linker\_sequence\_160

CACTAAAAAGAAAGTGGTTCACCAGTATGCGTCGGAAACGTCATATAAATCTATATATGTATATGTACATATATATATATATATATATATATTAGTGAGTATTTTAATGTATATCAAGTTTTGATAAAGATTGCAACTTGGCTTGAAATA

>linker\_sequence\_161

TAAGCTCTGCTGTGCTCTTCTCGTTAAGGAAAAAATGCGATGGTATATATATAGATATATATATATATATATGTATCTGTATATATATGTTCATACATATATATATATCTATTATTGTTGTTATTATTATCGTGATTATTATTTAGGTCC

>linker\_sequence\_162

ATCCCTTTTATTTCATTATTTTTTCTTTTTTAAGATACCACTAGATATTATCATATATAGCATATTATATAACATAAAAAGTCAAGAAAAAAAATGTTTTTATCACTTTCTATAACTGCATATCTTTTTTTGCATTTCGAATGATTGCTT

>linker\_sequence\_163

TAATGCATTAGAACGTTACCTGGTCATTTGGATGGAGATCTAAGTAACACTTACTATCTCCTATGGTACTATCCTTTACCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAGCAAAGTGAAGTACCCTCTTGATGTATAAATACATT

>linker\_sequence\_164

CACTCCGGAAAAACTTTATAATAGATGTGGGGAAATCACCTTTGACGATGTGCAACGGAGAAACTATTTTTTTTTTTCTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTCCGAACAATGCGATGAGCCAGACGAAGAAAAAAATAAAAAATGA

>linker\_sequence\_165

AATGATAGTATTCTTCGCCTGCTTAGGCGTCCTTTTCCTTCAACAACAAAAATTCCAAAAAAAAAAAGTAAAAAAACAAAACTTTGATTGTTTTTTAATGATGTTAATGATTTTTTTTTTCTTTCTTTATCATAAAAAAAAAGTTAAAAT

>linker\_sequence\_166

TTGCCGACGGCTACGTATATATATATATATATATAAATATATATATATATATTCATGTATACTGTATATGTACAATCATATATAAAGTTACTCTTCCCTTTTCTTTTTTTTTTTACATTATTACGTATATACTGCTTTATTATCGGAAAG

>linker\_sequence\_167

TGATGAGTCGAAGCCAAGGGGACTCAGTCACTCAGTCAGCTGATGCGATGCGATGTTAGCGCAAACAATAACGCGTACGATAATAAAACTTCAAATGCGCCAATTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTCTTTTCATATATCCG

>linker\_sequence\_168

AAAAAGAAAAAAACCCTGAAGTCTACTTCATGATTACCCCATACTTACGCGTGGTTTAATTCTATGTAACGATTAACGTCCATGTAATCATTATATATATATATATTGTAATAATCTCTCTAATTGAGTATCACAATCTGCTGCGGTTAC

>linker\_sequence\_169

TACTTTGGCGAATCAACAAATTGAAGTTGCGCAATGTGCGATTCGCTTATGTATCAAAAAAAACTAAAAAATGAATAGAGAAAATCATATATATAAAAGAAAAAAATATCGTACACCTCTTAGGTAACTTGGAATATATTAAACATGTAA

>linker\_sequence\_170

AAAGGTCTGATATGTAGGGGAGGGCATATAATCATTTTAATATATATGTATATATTCTTACATATATATATAATATCGCCGTAACTTATAGCGTAAACTATATAAAATACGTCTTAGTCTATAAGCTATCACGGATAGCGTCTTGGACGT

>linker\_sequence\_171

GAACAAAATGTGCTTATCTGAGCTAATATTTTTTCATTTTTGTCCTATAAATAATAATGGAAAAAAAAAACTCATCGCGTGGTTGAACAGAAAAAAAACAATAAGAGTGAGTAAGCAGTGAAAAATGTAAGATTTACGCTTTATATAAGC

>linker\_sequence\_172

TTGGAAAAGTAGTAATGGTTATTCAAAAAGTTAGCAGCGAGATCTTTTTTCTATCGCGCGTTAAAACGTTTGAACAGATATATATTATTCAGCCACAACTATCTATATATAATATTTCTTCGATTTTTCGTTTTCTCAAGTTTCGTCTTA

>linker\_sequence\_173

GATTAGACATTTTTCAATTTTGTCGTTGAGTTCCAATCCTTCCTTATTTATGGTTAACAAGGAAAGAGGTGGAAGTTAAAAAAATGGAAATTAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAAAAGAAAAATAAAAATAGAAAAATTGGCACGGAAATC

>linker\_sequence\_174

AACTTTAACTAGATGGATTATTCAGTTTTTTTTAAAAGGATCAAAATCCTACATTATATATATATATATATATATATGTTTGTGTGTGTATATAAAAAAAAAATCATTTCTTGATCAAGATCAGCCTCTTATATATGTCGCATCAATCTT

>linker\_sequence\_175

AACATTCTTATTTTATACGTTCGGAAATCATGAACATTTATTTTTATGATTATGTAATTAAAAAAATATAATAAATTTATTTTGAAAATTAATTTTTTTAAAATTTTAAATATGTTTTTATCATGTGACTTATGAAAATGATATTTACGG

>linker\_sequence\_176

TAAAAAAAAAAAGTGATCTATAATGGGAAAGAAAAATCCAAACTTCTTCAAAGAGTATATATATGTACAGGATATTAAAATGTAATGATAGTAGTAATAATAGTATTAACATAAGCTAAGCGGATCTTGCTGTTTCCAAAGCTTTTCTTG

>linker\_sequence\_177

TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCGTTTTTATAATTTTTTCTTTGGTATTCAATTGTATATAGTGCTCAAACAGCAACGTACATAATAGCTAGCAAACAATAGATGAAATAATAGAATAATAACAAATAACTATATAAGAGTGGCAGGAAAAA

>linker\_sequence\_178

AAAAAAAAAACTCATCGCGTGGTTGAACAGAAAAAAAACAATAAGAGTGAGTAAGCAGTGAAAAATGTAAGATTTACGCTTTATATAAGCAGATTTTGGTTTCCTTTATATATTTTTGCATTTGTCTATCCTTAACATTGGATAGCAATT

>linker\_sequence\_179

TTCCAATCCTTCCTTATTTATGGTTAACAAGGAAAGAGGTGGAAGTTAAAAAAATGGAAATTAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAAAAGAAAAATAAAAATAGAAAAATTGGCACGGAAATCTACAGGATTTAGCACTAGTAGGGGGTTTAT

>linker\_sequence\_180

AAAAAAATGAAAAATCAATGAATAAGAGGGCTTGAGTTCCAGGTTCTAGAAATTTCCCTCACTTATATATATATATATATCTATATACATATAGTTTTGAGTATATCATAACAGGATTCTCTTTCAATGAAACCTATGTTTTCCGCGGCA

>linker\_sequence\_181

ATATGATAATAAAATAATATATAAATAAAAATGATAAGATTATATTAATTTATTTAATTTTCAAATTATTAAATAAATAATAACCTAATACTTACTTTTCCTAATATTATTAAAAATGGTTATTGTCAAACCCATTAACTGATTATATTA

>linker\_sequence\_182

GGAAATCACCTTTGACGATGTGCAACGGAGAAACTATTTTTTTTTTTCTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTCCGAACAATGCGATGAGCCAGACGAAGAAAAAAATAAAAAATGAGAATGAGTAATTATGTTAAGACCTTTAGAA

>linker\_sequence\_183

AAGATGTTTTAACTGATCTTAATTTATATGTAGAGGATATATGTAGTATATCTATTTTTTGCTGATTGACTTATCAATTAGCTTCATAATACAACATTGTTTTTGTTTTTCGTTACTCGCGACTTTCTTCGCGGCAGAGCCGCGCTACAG

>linker\_sequence\_184

TGTACACAAAAGTATTTTTTTATATTTTTTTTACAATTTTTTATAATTTTTTTTTATGTTTAGTGTATATTTGCTAGAAAGAAACAAGATCTTTTTTGGTAGTGTAAATGCTTAAACTTTGTCTCTTTTTCCTTTTTACTTTGGAAAAAT

>linker\_sequence\_185

CCGGATTATAAAGCCGATGTAGCAGAAAAACGGGTTCACGGAATACAATAGCCAAATAACAATAAATAAATAAATAAATAAATAAGAAAAAAAAAAAGCAAGTAAATAAAACAAAACGGGATGCAACAAGCCAAGGAGGGAAACAATAGA

>linker\_sequence\_186

GCATTGTTGCTTGCAATTAAGTGTAGGTGTTTCCCTATCCACTTAGCTATGAACAAAATGTGCTTATCTGAGCTAATATTTTTTCATTTTTGTCCTATAAATAATAATGGAAAAAAAAAACTCATCGCGTGGTTGAACAGAAAAAAAACA

>linker\_sequence\_187

GCTTGCAATCCCTTTTTTACTTTCAATTCTCCGTTAGGTTATTTATTCTACTACACGCAGTTTTTTTTTTTCAATGGGTTATATATCTCTAATATATACACATTTATATGTTTAGACTTATACAGAAGCAAAAAAAAATGCAAAAGAAGC

>linker\_sequence\_188

AACAAAAAAATATGAATATAAGAATAAATTGCAATAAATAGTAATATTTATAAAATATAAAAAGAAGAAATTTTTATTCTTTTTATATTTTATTATAAAATAGTTCAATTATTTATATTATTTAAATGTTGTAATTTATTATTAATAATT

>linker\_sequence\_189

TCATACCTGTCTTTTTATGCTGCTATTGTGGAGGAACCGTCATCTTTTCGCGCGAAAAAACAATATGATGCCTTTTTGAAACATGTTATTATTTGATTTTTTAATGGCTTCTATTACGCGTCGTGGTTGGTGAACCTGGTACAAAATAAA

>linker\_sequence\_190

ATTCGTACAATCATTTTTACGGTCGAACTTCTGTAGTTACTCGATATATAAATATAAATAACGGACATAAAAAAAAAAATTGTAACATTATAAATCATAAAATCATAATCATATCTATTTCTAACTTCTGACTATTGCGCAATTCGTTAG

>linker\_sequence\_191

CCATAGATTCTATATGGAATAATAAAATTTACTTCTTACTAACATTATATCAGGGTGAATATTACTGACAAAAATAATAACTTAAGTCTTCTTTATAATATGATGATCGACGCGCGGGGTAACGCGCTCTTCCCATCTTTGTTTCCTTTC

>linker\_sequence\_192

TACGCGTCGCGTTTCCTATAAAAAATACATAAGCTAGTGAATAAAAGCTTTAAACGCGTTAGGGGGATCTGCAATTAAAGTAAATAAATGAAATAAATGAAATAGATGAAAAACTGGTTACACTAATTATAACGTTAATAAAACTAGTTG

>linker\_sequence\_193

GATGGAGATCTAAGTAACACTTACTATCTCCTATGGTACTATCCTTTACCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAGCAAAGTGAAGTACCCTCTTGATGTATAAATACATTGCACATCATTGTTGAGAAATAGTTTTGGAA

>linker\_sequence\_194

AGCAATTTTTTTTATTTTTTTTTGATACTCAATAATTACGAGCATATAATTTTAGTACTTCCAAAAAAAAGTTAAAAAAAAAATAGTGACAAAATGTGTCAGTAAAATATATATGAGAACATGGAATGTATTAAAGTAATTCCATTTCTA

>linker\_sequence\_195

TTTTCGCCGCGCGGTAGGCGAAAAGCAAAGAAAACTACAGTAATATCCAGAAATAGATGCATTTTATGTGCGAAATAAAACTCATGCTGAAAAAAATAGTAATAATTAATAGGGTAACGAATAGAATGCAAACCTTATCACGTGAAAGAG

>linker\_sequence\_196

GTAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGCTGTAAAAGACGACAACGTTGGCGTCGCGAAAATATTAATAGAACCATATGTTGGATAATGTAGCCTCTATTATACACTTATCCCGATTACATTGTTTTAGCGACGGTAATCATCTTTTTATCCGGCA

>linker\_sequence\_197

AAACGCTGCTATTTAAAAGGAAAAATTTTCCCAATTACGCGGGTAATACAAAAAAGATATAGCCCATTGTTATAAAAATATGTATGTGTTCAATATAGTGGTATATAGGTGTTATTTGCGCTGAATGATGTACTTGTCAATGTCTGCGGG

>linker\_sequence\_198

AAAAATGCGATGGTATATATATAGATATATATATATATATATGTATCTGTATATATATGTTCATACATATATATATATCTATTATTGTTGTTATTATTATCGTGATTATTATTTAGGTCCTCCCTTCTTTTTACCTGTTTTTAATCTACC

>linker\_sequence\_199

CTTTCATATTTTTATTTTCGCGTTACACTAAATTCAAATATTAAAAAAGGATCGCTATTAATGTGTAGAAATTGAAAAAATTACATACAGAAGCGTATAAAATTCTTATCATCTATTTTCACCCTTCTACTGAGTTATTTCGGATATTTT

>linker\_sequence\_200

AAGGAAGGAGAGGATGTTGAAGTTCCTTTCATTACCATTCATCTATGAGTAACTAATTAACCAAAATAAAAAAATAAATTAAATATATACATTAAATATGTATATATATATGTATGACTTTTGACAACTTTTTCTTTGGTAAAAACTTAT

>linker\_sequence\_201

AGCATTTTTTTATATACTATATTATGAGAAATCTTTCTGAAAAATTATGAATTACTTTTTTCTGCTGATAGTACAACCCGCTATATACTGTTACAAGTAGTGAATAAAGAAGTAAAAAAAAAAAAACTTTCAAAGGAAAGAATATGAAGT

>linker\_sequence\_202

AAACTCTATCAAAGTATAAGGTGCGCTTTTAACGTAATTTATAATGATTTTTTAGAAATAATAATGTATATAGTATAAAAAAATAAACAAACTTTAAAAAAAAGAGTGAAGAACTGTAAAGCTCATTTCATAGGTTTCAAAAGAAAGCTT

>linker\_sequence\_203

TGCTTTTTCCTGCTCATTTATAGTTAACTTGATTTGAAATTACGCGTCGCGGGGAATCGCGTAAAACTCGATATTAAATCCTGTGATTTTGCAAAAGTAAATTTTTTACTATCTACATCTCTCCAATTTGCACAACTTTGACAGGACTGA

>linker\_sequence\_204

AAATATCATAATAAACAAACCCCTCCCGCGAAAACAAAAAAAGAGAGCTAAAAAAAGTACTTCTTCGCGTTATAGATGGTGCCGCACCGTACGTCATAACTAAAAATAGCGTTAGCCACAGCTCCCTGAACGAAAAGGGCCCTTCGGCCC

>linker\_sequence\_205

TTTTTTTCTTCCGTAGACGAGGAAAAACAAAAATGATTAAATAGGCGCGCGCGGTGTGATGGTGATGATAATGATGATGATGATGATAATGATGAATAAACGTTTCGGTTTACGAGTTTCTTTAAATATACATATATGATATAAAAAAAA

>linker\_sequence\_206

ATTACTTTTTTCTGCTGATAGTACAACCCGCTATATACTGTTACAAGTAGTGAATAAAGAAGTAAAAAAAAAAAAACTTTCAAAGGAAAGAATATGAAGTGAACATTTTTTTCTACGATTAAGATCCCCCTGTTTCTTTTTTCTTTTTGA

>linker\_sequence\_207

AACCTTTTCAACCATAAAAATAGAAAGGGCACAGGGTTGGGGTATTTGAATTTTTTTTTTGGGTTTTTTCGTATTACTTATTACTTACCTTCTTTTCTATATAATTTTGTTTTTCCCTGGTAGAGCGGAATCTTCCCACTAAATTTTTAG

>linker\_sequence\_208

TCTATATGTGATAAAATGATGATTATTGTAAATCCAAAACGTAAAACCGAAAATATGATAAAAACGAGAAAAAAAGTAAGTTAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATGAACGCCGGCCCCAGAGGGAAGAACAAGCTATTTATTTTCTTTTT

>linker\_sequence\_209

GGAAGTTAAAAAAATGGAAATTAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAAAAGAAAAATAAAAATAGAAAAATTGGCACGGAAATCTACAGGATTTAGCACTAGTAGGGGGTTTATTAAGCACTACAGGTCGACTTTAAACCAGAAAAAATTATCA

>linker\_sequence\_210

AAACGCGAAGGAACGAAAGAAGATGAAAAAAATGCAGCGATAAAATGATATTGTGGTTAATCTAAATTTATATATATATATATATATACATATATATATAGAAATCTATTGTTATACACAAAAATACTTATTTTTTAATATAGATGGCTG

>linker\_sequence\_211

GGAAGCCAAGAATTGAGAAAAAAGAAAAACCCGCGAGTAAGGAAATTAAATACAGGTGTACACATACACGCACACATATATATATATATATATATGTATATGTGTATATAGGAAGCGCGCGCATGTTAGTATATACGATTCGTTGGAAAG

>linker\_sequence\_212

TGACCTTTTTTGATTATGTTACCACCCCATTTTTGCATTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGTCTGAAAATTTTTTTGCTTCTACTTAATTATAATTTTATATAATCATATATGGATCTGATTCTTAAAAAAAAATGAAAAAAAGACAA

>linker\_sequence\_213

CTGGAAATGTAAGATGAATTCAAGTATCAAGTGCCGTTGGTATTATAGTTTATCAATTAATACGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATGACTATAGTGGCATACTTCTCAATGGACTGTTGCTTCTATCATTTTATACA

>linker\_sequence\_214

TAATCACTTTCAACCGCGGTTTATCCGGCCCCACCCATGCATAACCCTAAATTATTAGATCACTTAGCACGTGAAAAAGAAACGTTTTTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTCTTTTTTTGCGTTGGTGAAAATTTTTTCGCTTCCT

>linker\_sequence\_215

TTTATTGATTTTAAAAACAATATAAATGAAAGAAAAAAATGTGTTTTAGATTAGGCTTATAAGATATGACCCATATCATAATTAAAAAAAGCGATTTAGTTGTTCTTTTAAAAAAAAAGAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGAATGA

>linker\_sequence\_216

CCATTTTTTTCTATTTACCCTTCTTCTTTTTATTTTACGCGTCTCGCGTTTTATATATTAATAGTAATAATATTTAATAGTGTATGTTTGAAATTTTTATATGTCTTTATTTCGCTAACGTAAAAATCCCTTCTTCTTTGTAGGGACGGG

>linker\_sequence\_217

TTTTGCATTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGTCTGAAAATTTTTTTGCTTCTACTTAATTATAATTTTATATAATCATATATGGATCTGATTCTTAAAAAAAAATGAAAAAAAGACAAAACAAACCATATAGGTAACAATTTCTCTTA

>linker\_sequence\_218

TATCACTCGGCTCTCTAAAAGAAGTCATGTTCCCTTCGTTGGGTTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTTTATATGTTTTTTTTTTTTTTGCCAGGTATTGTTAGCGCCAGATAGCAAAAAATTTTATTCAGGGATACTGAACACCGGGG

>linker\_sequence\_219

ATTCAATATCAAAAAAAGAAATCCATTGGGCCCTTAGTGCATTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTTTCTGAATTAGAGTACATCTCATCGCAGGGTCTCTTTTTGCACGTTTTTGATGTTGCTTATGAGACGCTTTGC

>linker\_sequence\_220

TTTTCCTAAGAATTTTCATTATTAGAAGGAGTAATGCTTACGGTACACATACATACACATATATATATATAAATATATATATATATAAGGACATATACAGATTTTTTTTTTTCGCGTACTAAAGTACAGAACAAAGAAAATAAGAAAAGA

>linker\_sequence\_221

GTTGAATTTACAAAAGGTAATTTATAGTACGTGAACATGTGTGCGTATATACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATACTTTAGCATCGAAACAGCTAGTCCTTTTTAGAGTTCAATTTTTCCACAAAGGCTTTTTT

>linker\_sequence\_222

TGCGGCAATTACTTTTCCCCAAAAGCTCATAATCGATCAATTAACGCGTAAACGAAAAACAAAAAAAAAAAAAATACGTAAATTAGGTCTTCATACGAGCGTTTTTTTTTTTTTGAGGATCGTTTGCATGTCTAGCGCGGCAAGCGTGTT

>linker\_sequence\_223

AAATGTTTTTATTGTTCGGATAACAAATACAATAGTGTTATTAAAAAATAAAACTTATTTAAAAATAGTAATTTAAATTATTATTTTATTTTAATAAACTTTTTAATAATATTTATTACACGTGATTTAATATATCCTGTTTTTTTTTCA

>linker\_sequence\_224

AGTCACTATTATTTTTTTTTTTATTCATAAGTACAATTGAATAATATTATTGATTTTTTTATTATTGTTCTTATTCTTTTTTTATCATTTCTATATAAAATATTATATGATTTAGTTTATCGTAAAAAAATTAAAAAATACAGAGGAAAG

>linker\_sequence\_225

AACAATCTTGCGGCACACCGCTTGAACGAAACGTTCGTAAAAATATTTATAATTCTTATTATTATTATTTATTATTATTATAATATATATAATTTAATAATCTTAATATTTATTATCATTGTTTCATATTTTTTTTTATAAATATTTATT

>linker\_sequence\_226

CGACAGTGAAAAATGCACAGAACATTCAAAATTATACTTATAATATGACTCTTTTCTTTTATTGCAGTTGGTATTATATACATATATATATATATATATATATGTATATGTTCCCCGAGACAATGGTTTTATTTCCAAAAAAAGTGTAAG

>linker\_sequence\_227

AATGCAGCGATAAAATGATATTGTGGTTAATCTAAATTTATATATATATATATATATACATATATATATAGAAATCTATTGTTATACACAAAAATACTTATTTTTTAATATAGATGGCTGCAGATAAAGTAATAGTTTTATATATAGGTA

>linker\_sequence\_228

CCGCGAGTAAGGAAATTAAATACAGGTGTACACATACACGCACACATATATATATATATATATATGTATATGTGTATATAGGAAGCGCGCGCATGTTAGTATATACGATTCGTTGGAAAGGGGCCGTCCACCAAACGTGACTTGACGAGT

>linker\_sequence\_229

AATTCTTATTATTATTATTTATTATTATTATAATATATATAATTTAATAATCTTAATATTTATTATCATTGTTTCATATTTTTTTTTATAAATATTTATTTAAATAAAAAATATTAAAGAGTATTCAAAAAAGTCTTACTGTGGGTAATG

>linker\_sequence\_230

GAGTAGTGTAGTGGGTGACCATACGCGAAACTCAGGTGCTGCAATCTTTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTAGTTTCTTGGCTTCCTATGCTAAATCCCATAACTAACCTACCATTCGATTCAGAAAAATTCGCAC

>linker\_sequence\_231

GTTGTCAGAATTAGGTGCCTCCTGCTTTTTTTTTTTTCCTGCTCTTATATCCGTTATATCCGAATGATTTTTATCGCTTGTTTAAAAAATACTTTCCCGATATATATATATAGTCTCCCTTTAAATTTGTTTCCGGTAAGTTTTTAACAC

>linker\_sequence\_232

GTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAATTTCCCTTATCAATGATATCCTTACGATTATATAAATTCCTTACCTAAACCTATTATTTGTGTACATATATCAGAGTATTATTACATATATAACCTTTTTCTCTAAAACAGGAAAAAAAAAAGAAAAC

>linker\_sequence\_233

TAACAGATATTTAGTTGAATAACTCTGTTTTTCTTCATTTCCATTTTTTTCTATTTACCCTTCTTCTTTTTATTTTACGCGTCTCGCGTTTTATATATTAATAGTAATAATATTTAATAGTGTATGTTTGAAATTTTTATATGTCTTTAT

>linker\_sequence\_234

TCCCTGGATTTTGAGATGGGAAAAGTTTCAATGCGTTCTATCGTATAGTATGATGTATTCAAAAAAAATGCGATAATTCTTTAGTTGTCGGCACTTCGGAAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAGGGTGTCTA

>linker\_sequence\_235

AGAAAAAAATGTGTTTTAGATTAGGCTTATAAGATATGACCCATATCATAATTAAAAAAAGCGATTTAGTTGTTCTTTTAAAAAAAAAGAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGAATGAGTTTGTACATACTATTATATTAATGTAGTA

>linker\_sequence\_236

GGAGTGAATCTTAAAAGCCCGAAAAGGAAATTCAAAATCTGTCTATTTATAGGCCGTCGCGCTCTACGAAAACGCGAAATTATTCAAACGGAAAACGGAAAAAAATCTAAAAAAAGAAATTAATTGAGAGATCTCACGGAAATGCCGCGA

>linker\_sequence\_237

TAAAAAAATTTTCCGCAGGATATAGAAAAAAAAGAAATGAAATTATAGTAGCGGTTATTTCCGTGGGGTGCTTTTTTACACCTGTACATCTTTTCCCTCCGTACATTTTTTTTATTTTTTTTTTTGGTTTTTTTTTTTCGATATTTTTCC

>linker\_sequence\_238

CGGACCCTGAATTACTGACACAAAATGAAGGGATCAGTGGCCCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAACGGCGCGCGGAGTAATTATGATTATGATTATGGTTATGATTATTATTACAACTCACTATTCTAAGTCTATATCGTAAATAAGG

>linker\_sequence\_239

GTAATGCTTACGGTACACATACATACACATATATATATATAAATATATATATATATAAGGACATATACAGATTTTTTTTTTTCGCGTACTAAAGTACAGAACAAAGAAAATAAGAAAAGAAGGCGATCATTGAACTACTGTGACTTGCCA

>linker\_sequence\_240

AAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAATAAAAAGACCAAATAGTAAATAGTAACTTACATACATTAGTAAATGGTACACTCTTACACACTATCATCCTCATCGTATATTATAATAGATATATACAATACATGTTTTTACCCGGATCATAGAATT

>linker\_sequence\_241

AACCATAGAGATGAACTTAAGAAAAAAGGGCCACGGGATTTTTTTTTCGCGTTTTGGCGTTTTCATATCAAAAAAAAAAAACCATATTAACATCTGTACATTATTATTAACTAAACATCCGTACACAAAAGGTTTTCCAAGACAAAACGT

>linker\_sequence\_242

GAACATAAATGTTATGGACAAGAGTAGATATCAAAATAAAACAAAATAAAATAGAGTAAGTGAAAGACAAATGGAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAGTAAAAAGTGAAAGGAGAACGATGATAACACTAATCACACC

>linker\_sequence\_243

ATTAAAAAAAGCGATTTAGTTGTTCTTTTAAAAAAAAAGAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGAATGAGTTTGTACATACTATTATATTAATGTAGTATCACGTTAAAAAGCCGTAGTCATCATTAATCGTCCAAAAGTCTTCTACCG

>linker\_sequence\_244

CGGGAAGCTTTGTGAAAGCCCTTCTCTTTCAACCCATCTTTGCAACGAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAATAAAAAGACCAAATAGTAAATAGTAACTTACATACATTAGTAAATGGTACACTCTTACACACTATCATCCTCATCGTATA

>linker\_sequence\_245

GGATCAGTGGCCCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAACGGCGCGCGGAGTAATTATGATTATGATTATGGTTATGATTATTATTACAACTCACTATTCTAAGTCTATATCGTAAATAAGGGTCGTGTCCGTAGAATTCCCCTGCCAGCCT

>linker\_sequence\_246

ATTATACTTATAATATGACTCTTTTCTTTTATTGCAGTTGGTATTATATACATATATATATATATATATATATGTATATGTTCCCCGAGACAATGGTTTTATTTCCAAAAAAAGTGTAAGTAAGTTATTTTCTGTGTATAAAAAAATAAA

>linker\_sequence\_247

AAACATGTGCGCGTTTGTGACAAAAACATAAATAAAACAAAAATAATAAAAAGTCAAGTGAAAAGCACTGAAATCTAAAAAATAAATACATATACATATATATATATATATACCTATTTCGTTTCCGCATAGAAGAAATTGGAGGCAACT

>linker\_sequence\_248

TCAAAATAAAACAAAATAAAATAGAGTAAGTGAAAGACAAATGGAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAGTAAAAAGTGAAAGGAGAACGATGATAACACTAATCACACCTCCGCATTTTCAACCAATGCTGCAAGTTTC

>linker\_sequence\_249

TTTTTTGATTTTATTTATTTACTTTTACGACAACTGGCCTTATCACTCGGCTCTCTAAAAGAAGTCATGTTCCCTTCGTTGGGTTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTTTATATGTTTTTTTTTTTTTTGCCAGGTATTGTTAGCGCCA

>linker\_sequence\_250

ACTATAAATGTTTGAATATGAAGATATATATGTAGGAAGAATTTTTATTGAATATAGAAATTTAAAGAAATATTATTAAAAACCGGAAAATGAAAAAGAAGAGTTAAAAAAAAAAAAAACGGAACTAGTAAAAGATGTGAAAAAAAGAAG

>linker\_sequence\_251

CATTATACAATTTTTTTGCTTATTTTTTTCTTGCTAGGAATATACACAATAGCGTTCTTGGGATGAATAATAATAATATCAGTTTTTCTTCTTTATATGAAAAATGAAAAAAAAAAAAAATAAGTAAAAAATTTTCGCTTTCTTTTCGGG

>linker\_sequence\_252

ACAAAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAACAATCAAAAAAGACACACAACTACAGAACAAAGGAAATCTTTTTCTATGCACAAGCACAAGAGTACTTAGAGAGTAGTGATATCCCCTTTTTTTTCTACTATTTTTTTTTTTCCCATTTT

>linker\_sequence\_253

GTACACAAATATGCATATATACCGTCATGAAGTAGCTTAACTTAAATAAAAGTTTTTTTTTTTTAGAGTTACCAATATCGCAAACATGAAAATGAGAATAAAAAAAAAAAAGCAGAAAAAAAAAAAGCATAACATGGAGAAAAAAATAAT

>linker\_sequence\_254

GAATTTTCGCGTTTTGATGAAGCACAGGAAGAATTTCTTTTTTTTTTGGCTTCTTCTGGTTCCGTTTTTTACGCGCACAAATCTAAAAAAAGAAATAATTATAACCTAGTCTCGAAAATTTTCATCGATCCATTCGTTCCTTTTTTTCGA

>linker\_sequence\_255

TCTGCCGCTTACGTAAAAACAGAACTCTGACCAGAAGAGATAAAAACAAAAAAAAAATAAAGGACAGTAAATATGAAAAATAAGATATTATTATATTAAATTAAATTAAATTAAATTAAACTACGATGGGAGCGTTATGCCAAAAAAGAT

>linker\_sequence\_256

TCCCTTCGTTGGGTTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTTTATATGTTTTTTTTTTTTTTGCCAGGTATTGTTAGCGCCAGATAGCAAAAAATTTTATTCAGGGATACTGAACACCGGGGAAGTTAACTGAGTATATCGGTTATCATTAT

>linker\_sequence\_257

TTATCGCGCAGGTGAGAGAGTCCTGGAATTTCCAGCGGATGGTGACGCGAGGCATCCGTAGTGCACAATAAAAAGTTAGTTTTTCATTAACCGAAAAAAAAAAAAAAATAAAATATATTAATGTTTGGGTTTCAACGTTTCCGTGGGTCT

>linker\_sequence\_258

ACATCCAATGGCGGGTAATAATTATAGTATTTTTCTTTTCTATTTTATTTATTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTTCTAGAATAATCAATCAATGGTAAATAAACAAAAGTTGCTTCTGTTGTAAAAAATACATCAAAGGGGCTAAAATATC

>linker\_sequence\_259

ATTTATATTTCATCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTACAATTCAGTAGTTTTATATAACTTCCCATAAATGTATTATTTTTTTAATACGACTATAATATACCTCTATACCCTTATTTATCTCTTTACCTTTGCTTTTAAGCTAAACAAATCTT

>linker\_sequence\_260

GAAAAGGAAGACAAAGACAATCAATAGAATGTATTATGTATGACATATAATAATAATAATTATAATAATAATAATAATAGTAGTAGCAGTAATAATAATATTATTATAGTATATTAAAACAACAAAAAATTAGTAAAAATACTATAAATG

>linker\_sequence\_261

CACCCGCGTAAAGAGTTTTTACCCCGAAAACAAATTTTTATGCTTGAAAAATAGCTAATAAAATGTTTTTATTGTTCGGATAACAAATACAATAGTGTTATTAAAAAATAAAACTTATTTAAAAATAGTAATTTAAATTATTATTTTATT

>linker\_sequence\_262

AGGAATGAAAAAAAGTAAAGCATGGCAATGAATGACACAAGTGAAATAGAAAAGTGAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGATTTATACTCATGAAAATCTTATTCGAGTTCATTCAAGACAAGCTTGACATTGATCTAC

>linker\_sequence\_263

AATAGTGTTATTAAAAAATAAAACTTATTTAAAAATAGTAATTTAAATTATTATTTTATTTTAATAAACTTTTTAATAATATTTATTACACGTGATTTAATATATCCTGTTTTTTTTTCATCATTCTCTTTCTTTCTTATGTTAACCTCG

>linker\_sequence\_264

AAATATTAGCCTTCAAAGCCGCACACGTTTCTTTTTCCGAAAAATGAAAAATTTTTCACTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGAAATAGAAAGGTATAAATAGTTGAATAATTTGCCCTTCCGAGATCCAACAAGATTTTTGAGTGTTG

>linker\_sequence\_265

AAAAAGAAACGAAGAAGCAAAAAAAAGAAAAGACTCCGTTTAATCACTTTCAACCGCGGTTTATCCGGCCCCACCCATGCATAACCCTAAATTATTAGATCACTTAGCACGTGAAAAAGAAACGTTTTTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTC

>linker\_sequence\_266

ATATATTAGGGCATCCATAAAAATAGATTAGGGCAGCTCTGCCATTTTTTTCATAGCCGAAAGAAGAAAAACTGAAAAAAAAAATGATACGAAAAAACCGCGAAACGACGCCTTTTGTTGCGATTGTCGGGCATCGCAAGTTACGACGCG

>linker\_sequence\_267

GTATTACGGGCCGTGCTCAAATTAGTTAGTTGGCTCTGCCTATACGCATATATGTATATATATATATATATATATGTATGTATGTGTATATGTATATGTACGTATACCTTACATCATCATCTTTCTTTATATTCTCTCTAATGCGCATTT

>linker\_sequence\_268

GTACAATTGAATAATATTATTGATTTTTTTATTATTGTTCTTATTCTTTTTTTATCATTTCTATATAAAATATTATATGATTTAGTTTATCGTAAAAAAATTAAAAAATACAGAGGAAAGCAAAAGTAAAACTTTTCGGATATTTTACAG

>linker\_sequence\_269

TAGAGCATAAGTTTTGTATAATTAAAATCTTCTAAACCTAATAAATATGTTTAATGAATGATTCAATATCAAAAAAAGAAATCCATTGGGCCCTTAGTGCATTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTTTCTGAATTAGAG

>linker\_sequence\_270

CCACCCATGCATAACCCTAAATTATTAGATCACTTAGCACGTGAAAAAGAAACGTTTTTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTCTTTTTTTGCGTTGGTGAAAATTTTTTCGCTTCCTCGAGTATAATTATCTCATCTCATCTTTCAT

>linker\_sequence\_271

ATTGACGTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGTTAATGGAACGACCGATCTAAAGAACCATATATAATGAATGACTAAAAAAAGCAAAATAGTTAAGAATCCAAGAAAGATACTAAGAAAAGGCGAAAAGAAAAAGAAAAAGTATGTCCGC

>linker\_sequence\_272

ATCCTTTGTAGAGGTTAATGCCGAAGTCTTCCTATAATGTAATGTTCTAACAAAAATTTTTACTGATTTATAAAACTTATATAGATAGATAGACACATATATATATCTATATATAGAAACACAACTAAAGTTTACCATGTTTTATATAAT

>linker\_sequence\_273

ATGTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTCTTTTTTTGCGTTGGTGAAAATTTTTTCGCTTCCTCGAGTATAATTATCTCATCTCATCTTTCATATAAGATAAGAAGTTTTATAAAAACCTTTTGCATCAAAATTTTGTAGAATATCTCTTTTT

>linker\_sequence\_274

AATAAAGGTATTTTGAAAATTATAAAAAAAAGTTTTAATAATATAGATTTGGTAAAATAAATAGGCGTATATACACATTGTATACTGTTGATATTATCAAGTTTTTATTATTAAAGAGCTCTTTTTATTTTTTATTTATAGGGGAAAATG

>linker\_sequence\_275

GATCTGTTATAATATTAATACGCATTTTTTTTATGTTTTCTCGTTTCTTTTCTTTTTTTTGTTTTATATCTTACACATTTTTAATATACTAAAAGTAAAATAAAAAAATACGTACTGTTTCCCTTTGTTTTCTCCTCCTCTTTGCTTATA

>linker\_sequence\_276

GAATTTCTTTTTTTTTTGGCTTCTTCTGGTTCCGTTTTTTACGCGCACAAATCTAAAAAAAGAAATAATTATAACCTAGTCTCGAAAATTTTCATCGATCCATTCGTTCCTTTTTTTCGATTTTTTCAGATCAAAATTCTTGTTTCTTTC

>linker\_sequence\_277

AGTTTTTTTTTTTTAGAGTTACCAATATCGCAAACATGAAAATGAGAATAAAAAAAAAAAAGCAGAAAAAAAAAAAGCATAACATGGAGAAAAAAATAATAAATAATTGAGTTTAGTTGAGACGCCGGTCTTCGCCAGGCCAGGAATTGT

>linker\_sequence\_278

AGTTTTGAATTCTTTCACCCATCATTCAAAATGCATATGCATACTATATTTGTCTAGTTTTTAATTATATAATAATAATAACAGAAACAAAAAATCGCATTCATCGTTTAATCTTATTTTTCTTTTTTCACCTTTTTCTTGTGAAATTGC

>linker\_sequence\_279

CCGTGGGGTGCTTTTTTACACCTGTACATCTTTTCCCTCCGTACATTTTTTTTATTTTTTTTTTTGGTTTTTTTTTTTCGATATTTTTCCCTCCGAAACTAGTTAGCACAATAATGCTGACTAAGGAAACTTTTCATCTCAGAATTGATG

>linker\_sequence\_280

ACATATGCTTACTCTATATTTTCTCCAGTGCCTTCAAGCTCCGTATATATTATGTACTAGTTTTATTACATTAAAGATACATAACTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTCACTGAAATAAGAAAAGGCGGGCGAGGTGAAAAACAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_281

TTTTTTTTGCTGGATTTTATATTTTTCACAGCGAAAAGGACGGGAAGCTAAAAGATTAAAAAATAAATATTGCAGATACCATATGTAATTTAGTAAAATATTTTTATAAAATATTATTATTTTCTTGTTCTTCAGTGATTTATTGTAACC

>linker\_sequence\_282

AAAAGTAGGTAATGGAAAAAAGCAAATAATGAATATAGGGGAACATAAATGTTATGGACAAGAGTAGATATCAAAATAAAACAAAATAAAATAGAGTAAGTGAAAGACAAATGGAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAG

>linker\_sequence\_283

CCTTTTTCGGGTAGTTGAAGAGAAAAGAGGAAGAGAATAGAAAAAAAAAAAAAGCGAAATTTTTACATCCTCTATTGTAATGTAATTTCTTTTTTTTTATTAGGTATATATGTGAGATACAATTCTCGAAGTCATCGGGAAGCTTTACCA

>linker\_sequence\_284

CATTGATGAACTAGTGCCGCGCTTAAAAGTATAATGTTGCTCTATTATTTTTCAAAAATTCATACAAAAGAAAACGGGAATTAAGTAAGTATACAAAATATAATTATATTACGATGTTCGAAATTCTATATATGAATTTAAGCGGAGTCG

>linker\_sequence\_285

GATATAAGAAACATAACTATTACATACGAAAATGTGCATGTTATCTATATCCTTCTTTATATAGATGCTGTTAACTTCTTTTTTTTTTTTTGGGAAAATCAACTGTTAAACGCGACAGTAAAAGCAGCAAAACATTAATTTTGCTTCCAA

>linker\_sequence\_286

AAGTTTGAGCCAAGCCACGCGACGCTCCATACTGTATAGACCTTTATTATAAAAACATCTATTTCTTTATATGTCCCTCTATCTTATTTTTCTTTTACTTTTATTTGTATAATACGCGAAAAATTATAGAATCATTTATTATCAAAAACA

>linker\_sequence\_287

ACACCTGTGAAGGTAAAGAAAGAGCATTTCTCTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTACTTTCTTTACATTAAAAAAAATATGAAGAGTGTAATAGGTAAGTATAAGTATTATTTAATCATTACAATTTAGCTTCAATAGTATAGAAGCGC

>linker\_sequence\_288

CTTTTTATTTTTTATTTATAGGGGAAAATGACCGATATTCCTAGTCTTCAAGTCACTATTATTTTTTTTTTTATTCATAAGTACAATTGAATAATATTATTGATTTTTTTATTATTGTTCTTATTCTTTTTTTATCATTTCTATATAAAA

>linker\_sequence\_289

ATACAAAATTTTTCAATTTTTTTTCCAAGATTCTTGTACGATTAATTATTTTTTTTTTGCGTCCTACAGCGTGATGAAAATTTCGCCTGCTGCAAGATGAGCGGGAACGGGCGAAATGTGCACGCGCACAACTTACGAAACGCGGATGAG

>linker\_sequence\_290

AACAGAAAATGCAAAGGACTAATAACTTGAATCATTTTTATATCAGGTTTATATAGGTATACGTTCAGTCTAATTAATAATTTATAGTTTACAGTAGTTTTTTACAGTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTCCATGATTTTTTTGTTCC

>linker\_sequence\_291

AATCGATCAATTAACGCGTAAACGAAAAACAAAAAAAAAAAAAATACGTAAATTAGGTCTTCATACGAGCGTTTTTTTTTTTTTGAGGATCGTTTGCATGTCTAGCGCGGCAAGCGTGTTTACAGGCATTCGTTGTGTGTTCATGTTTAG

>linker\_sequence\_292

TGATGTATTCAAAAAAAATGCGATAATTCTTTAGTTGTCGGCACTTCGGAAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAGGGTGTCTAAGATGTACGGATCTTCATTGGGATGGAAAACAGGCAAGTAAAAAGAATAG

>linker\_sequence\_293

AATCAATAAAAACATTATATGCGTTTCGAACAAAATTAAAGAAAAAGAATAAATATAGATTAAAAAAAAAAAGAAGAAATTAAAAGAATTTCTACTAAATCCCAATTGTTATATATTTGTTAAATGCCAAAAAAGTTTATAAAAAATTTA

>linker\_sequence\_294

AATAAACTTAAAAAAGAACGTATAGAACTCTCTTCTTCAATGAATAGTAATCCAATTTTTTTTATTAACTATACAACGTTATGACTTTAAAAATTAAAAAATATGTTTATGAGTAGTAAGAAAAACAAAAGGAAACAAAAACAAAAAAAG

>linker\_sequence\_295

GCTCAAAGGGCTCGATAACGACATAGCATTATAGACACTGTGCAGCGTAAAGCTGACATATAAAGAAATTACAAAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAACAATCAAAAAAGACACACAACTACAGAACAAAGGAAATCTTTTTCTATGC

>linker\_sequence\_296

TATTTTTTTTCCAAAGTGACAGGTGCCCCGGGTAACCCAGTTCCTCACTATTTTTTACTGCGGAAGCGGAAGCGGAAAATACGGAAACGCGCGGGAACATACAAAACATACAAAATATACCTTTCTCACACAAGAAATATATGCTACTTG

>linker\_sequence\_297

GTGCCGTTGGTATTATAGTTTATCAATTAATACGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATGACTATAGTGGCATACTTCTCAATGGACTGTTGCTTCTATCATTTTATACATGCGTTCAACTTTGAAGATTATCACAAAAA

>linker\_sequence\_298

ATTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTTTCTGAATTAGAGTACATCTCATCGCAGGGTCTCTTTTTGCACGTTTTTGATGTTGCTTATGAGACGCTTTGCCTTTTTAACTTCTTCAGTATATTTTAAATATATACCAATT

>linker\_sequence\_299

TCTACGAATGAAAATTCATAGACAGTAAAAAGTAATGAAAAATAAAATAAAAACTACTTTTTTTTGATGATATAAATACCGTAGATTATATAAATGTATATTAATATTATAAACCTATTTGATCAATGACAGTGTTCGTGAAGCATTTTA

>linker\_sequence\_300

TTCAAAATCTGTCTATTTATAGGCCGTCGCGCTCTACGAAAACGCGAAATTATTCAAACGGAAAACGGAAAAAAATCTAAAAAAAGAAATTAATTGAGAGATCTCACGGAAATGCCGCGAGGAATGTTTCTCGAGGCTGAGCGGCGTGGT

>linker\_sequence\_301

TCATCTCTCTTAATTTTTCATGACTGACGTTTTTTCTTCATTTTAATTATCATAGTATTTGTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAATTTCCCTTATCAATGATATCCTTACGATTATATAAATTCCTTACCTAAACCTATTATTTGTGTACATA

>linker\_sequence\_302

CTCGCCGAGAAAAACTTCAATTTAAGCTATTCTCCAAAAATCTTAGCGTATATTTTTTTTCCAAAGTGACAGGTGCCCCGGGTAACCCAGTTCCTCACTATTTTTTACTGCGGAAGCGGAAGCGGAAAATACGGAAACGCGCGGGAACAT

>linker\_sequence\_303

CGCGCGTTTCTTTTTTTTTCTTGCTAACATTTTTCAACTTTAAAATGAAACGATGCATGAGTGATAGAGGCATTGAACTTTAGTAAACAATAGAAATAACCATCGGAGTTATTATTTTTTTCTGCTTATTCTTTGGTCGCAAAAAAGTGT

>linker\_sequence\_304

AGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAGGGTGTCTAAGATGTACGGATCTTCATTGGGATGGAAAACAGGCAAGTAAAAAGAATAGTAATTATTACAATGGAGAAGATAAGATAAAGTTAGCGGCAACAAATAAAG

>linker\_sequence\_305

TAATATATACCTTTAGATGAGCTATTGGTGATTCGCATTTAGGAATGAAAAAAAGTAAAGCATGGCAATGAATGACACAAGTGAAATAGAAAAGTGAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGATTTATACTCATGAAAATC

>linker\_sequence\_306

TCTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTACTTTCTTTACATTAAAAAAAATATGAAGAGTGTAATAGGTAAGTATAAGTATTATTTAATCATTACAATTTAGCTTCAATAGTATAGAAGCGCACCACTTCATCAATGGCTTTAGCCACGTAT

>linker\_sequence\_307

AATAAAAGTACAGCTCTAGGTCTATAAAAAAAAAAATTGGTTAAAGAAAAAATATACAGGTTTGTATATAGAATCATTAATTAAAAAGATAATAGTATAAAACACATCAGATAAACAAAAGTTTGCCCAATAAAATTATATTTTCCATCA

>linker\_sequence\_308

CTACCTCCGTTAACAAGACATTAGATTAGTGATCACACCCAATTTTTAATTTAGTAACCCAAAACTAAATAAGTATTTACTCAACTTTTTTTTAAAAAAAAAAAACTTAATTGAATTTTGCTCGCGATCTTTAGGTCCGGAGTTTTCGTT

>linker\_sequence\_309

ACACTTGTCTTTATGAAAGAGTGGAAAAATGGTGGGGAGTAAGTTATACTATTGACGTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGTTAATGGAACGACCGATCTAAAGAACCATATATAATGAATGACTAAAAAAAGCAAAATAGTTAAGAATC

>linker\_sequence\_310

AGCAATCTCATCGCGAAATTTTTCTCAAAATTTTTCAGTTAAAAAAAAAAAAGCACGTGCTCAAAAATGTTTTTAGAAAATCATTTATTTAAGATAGGAAAAATGCAATTAATCATTGAATCAATATGTTCACCACTTAAATTACCCACT

>linker\_sequence\_311

ACCCGCAGGTGAAAATTTTAGCAAAGTTACACTTTTTTTTTCATTTTTTTTTTTCTTTTCTCCTCCATCTAATTTCACCTGCGGTTACCGGCGGAATAACTCGCGCACCATTTCTCTGTCTCGGGCCTCGCGTTCCTCTTTTTCGACTCG

>linker\_sequence\_312

TCGGGCATTTAAAATCTTGGATCGATAACTTAACTGGGTGTAATAAAATATATAAAGATATAAAATAGATATATATATATAAAACGAACTTTATCAAGAAGAACTGCAAATGAAGCGTACTCTCAAATCCTCGAAAACGAAAAACACTCC

>linker\_sequence\_313

TAAGAAGGTAACATGAGAAAACAGACAAGAAAAAGAAACAAATAATATAGACTGATAGAAAAAAATACTGCTTACTACCGCCGGTATAATATATATATATATATATATTTACATAGATGATTGCATAGTGTTTTAAAAAGCTTTCCTAGG

>linker\_sequence\_314

CATTTGCGGCATCTTATAACCCACACACCGCATTTAGGACCCGTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTGTTGAAAAAATTCAACAGTTCCTATTTTTTTCTTTTCATTCTTTTTTTTTGCCTTGCCTTCGTTTCGAGAATTCTTTTTCTTTTTCT

>linker\_sequence\_315

TCCCAATAGCACATCAACCAACCCATATTCCAGCTGATTCATTTATATTTCATCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTACAATTCAGTAGTTTTATATAACTTCCCATAAATGTATTATTTTTTTAATACGACTATAATATACCTCTATACCCTT

>linker\_sequence\_316

CTGAAGCGTCATCATCTATCTGTATTTTTAATGCAATCATAGTATAAAAATTTTTAACCAAATTCAAAAATTATAATATTTTAAAAGTTTATGCTTTTGTCCTTTTATATTCAAGTCATTTGGCCATTATTACGCTTTTTTTTTTATTAG

>linker\_sequence\_317

TAGGAAAAATCAACGAGCCAAAAAAAAAAAAAACGGAACCGTTCGGCATGTATATATTCACTATTTCATATACGCGTTTGCACAATATACTCTATCTTATCCGTATCTATACGAGCCGGTTGCTGCACCTTACATGTCATAGTTGAAATC

>linker\_sequence\_318

CCGTCCGATCAACTGTAGTTAAGCTGGTAAGAGCCTGACCGAGTAGTGTAGTGGGTGACCATACGCGAAACTCAGGTGCTGCAATCTTTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTAGTTTCTTGGCTTCCTATGCTAAAT

>linker\_sequence\_319

AATAAAACAAAAATAATAAAAAGTCAAGTGAAAAGCACTGAAATCTAAAAAATAAATACATATACATATATATATATATATACCTATTTCGTTTCCGCATAGAAGAAATTGGAGGCAACTAGTTGCAGGTTGTTTTCCTTAGCCCATTTG

>linker\_sequence\_320

GGTTTTTTTTTTTGTTTTGTCAAGAGCCGCGCACAAAATATGGTATTATTATAGAAAAGTTGGACTTAAAAGCTTGAAAAAGCTTAGATTTTATATTCATATGCTGGTATATATGTACGACTAAATAATATAAATTTGATTATAACAATC

>linker\_sequence\_321

CAGCTTTCTTTTTTTCAAAAAACTTTTTCTATTATTAGATTAGATTTTTTTTAGTGTGTATATTAATAACGTAAAATTTCTTTATCAACGACTTGTAGTATTCTTTTACTTTTATTTTTTTTACATATGCAACGTTATATTCTTTTTTAA

>linker\_sequence\_322

GATGTCAGACAACGTGCAGCATCTTTTTTTCCTACCATTGAATATATATATAGTAATTACGGCAACCGTTTATATAAAAATTCAAAAGATTAAATATTTTAATATATTAGTGTCTGGTTTAAAAGTCATACTTCTCTAATCACTACCGTG

>linker\_sequence\_323

TAATTTTTATTAAGTTTTGATCAACTTAGGATTTTCCTATTTTATTTTTGTTTATTATATTAAGTGTTCATTATTTTAAGTAGTTATATATTATATAATACAACCCCGATTAGACAAACTTCATAAGTTTTTCGGGTGGGACGGTATCAA

>linker\_sequence\_324

TTCAAAATTCTTAGAATATGCATCCACATTTATATACATATATATATATATATATATATTATAACTTCCAAAAAGGAGATTGGACAATTTATATCTATAAGGCATTAATATTTAACTATTTACAAGCACTAGTGGTAAATTCATGGCGTC

>linker\_sequence\_325

GCAACAATATTTTTGCTTATTTTGATATCCTGAAATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTCATTTCGTTTTTTTTTTTTGAACATTATATATTGTATTGTTTTCTCCCTGTAGCGAGAACTAATTGATTCTTT

>linker\_sequence\_326

AGAAATAGCAATAACACGCGTGCAGAAGATTGAGAAGACTACTACGTATTTTTTTTTATATGCATCCTTTTTTCCACATATGTATGCGCGGTGCGCGCGCGCCATTAAAAGATTTTTTTCTTAGCTCTTTTTCTTTTTTCTTTTTCTTTC

>linker\_sequence\_327

AAAAGCGTAAGCAATGGTGTAGATACTTCTTATATAGACGTTATTATTACTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATT

>linker\_sequence\_328

TTATTATTACTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATATGACATTAATTACTTGTAATTATGTTATAAC

>linker\_sequence\_329

TACCTATAATTGTTCATATTATATATACGTTTGTAACAAATCGATAAATAGCAACAATATTTTTGCTTATTTTGATATCCTGAAATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTCATTTCGTTTTTTTTTTTTGAAC

>linker\_sequence\_330

AGCGATGCTATATCATCTGAGATGAGATGAGATGAGATGTTTATTATGATCCATTTCTTTTCTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTTCAACGCGGGTAATAGAGAATACATCCACTGTCCGGGTAAATTATGTTACAG

>linker\_sequence\_331

GATCTCGGCGCGGAAAAATCAGCGCCCCACGCCAAAAGGTTCGTATTTTTTCTTTTTTTTTCTAATCTTCCATCTATTCGGTAGCGATGATTCATTTCTCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGAAAAAGAATATTTTTTTGATGAA

>linker\_sequence\_332

TGAAATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTCATTTCGTTTTTTTTTTTTGAACATTATATATTGTATTGTTTTCTCCCTGTAGCGAGAACTAATTGATTCTTTCTCCTTTCCCCCTAAATACTCAACAGTACT

>linker\_sequence\_333

TGAGAAGACTACTACGTATTTTTTTTTATATGCATCCTTTTTTCCACATATGTATGCGCGGTGCGCGCGCGCCATTAAAAGATTTTTTTCTTAGCTCTTTTTCTTTTTTCTTTTTCTTTCCACTGAGATGCGTTCTTCGGTATATAGTGA

>linker\_sequence\_334

GTTTTTTGTTTTCGCTTTTTTTATTTTTTGTTCCTAATTTTTTTTTTTTTTACATTTTATTAGCTATACACTTGGCGCAAGGATATTTTATATACCGGATATAATAGATAATTAAAAGACTACTAATTAAAAATGATGTAATATGGTAAT

>linker\_sequence\_335

CCATTTCTTTTCTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTTCAACGCGGGTAATAGAGAATACATCCACTGTCCGGGTAAATTATGTTACAGTTAGCGCTTAATGTTCACTTCACAGTATTATGAGCTGTTTTTGTAATAAA

>linker\_sequence\_336

AAATATAATTGGCAATGAAAATATAACTTTTTTAGATGTTAGCGATGCTATATCATCTGAGATGAGATGAGATGAGATGTTTATTATGATCCATTTCTTTTCTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTTCAACGCGGGTA

>linker\_sequence\_337

GAGATCTTTTGGTCAAACAATCTAGATTGTTCTGAAGATCAAAATAATATATATATATATATATATATATATATATATGTTTATACACTTAACTTACGTACAAAAATATAGATTTCGAAACGAATCAGTTGCTCTTAGCCTGCACATCTA

>linker\_sequence\_338

GATTGGACTAGGCATCACCCAGACTTTACTTTTTCGGCATACATATCTATTTATATATAGTTTAATACGTAAATACAAATATATATATACTGTAAATTTTAATCATTAAGCTTTTCTTTTTTTTTTGTTCACGCTTTCACCCTGTGAGGC

>linker\_sequence\_339

GAGACGAGTGTCACTTCTGAACATACCCATCTCAAAATTAAGAAATAGCAATAACACGCGTGCAGAAGATTGAGAAGACTACTACGTATTTTTTTTTATATGCATCCTTTTTTCCACATATGTATGCGCGGTGCGCGCGCGCCATTAAAA

>linker\_sequence\_340

ATTTTATTTTACGTTTGTTAATTCATTATACTGATAATATTTTTGAATTTTTTTTTTTTTTGATACATTTTTTTTAATCGCTGTTTTGTCTGTTTTTTTCGATTCAGTTATAGGGAAAAAAACGGGAAAGGAAAGAGAAAAAAAAATTAG

>linker\_sequence\_341

GTAATAAGTTTTCACCTTTTCCGGTGAATAATGAAAAAAAAAAAACGAATACAAAAAAAAAAGTAATTTCTTTCAAGTTTATATATATAACAATATAATATTAAGTAATTTTAATCGAAAATTTTTTCCTCTAAAGAACCCAAAAATAAG

>linker\_sequence\_342

TTTTTTCTTTCTTTTTTTTTTTACCTGGGACGACATTCTAACTAATGAAATTTACGATTAATTATTCTTTTTTTTTTTTTTCAAGAAATAAATATAACTGTAACATATATATATTAATTATGGGGGATCACAAAGAAAAATAGTAACTTT

>linker\_sequence\_343

TGCATCCTTTTTTCCACATATGTATGCGCGGTGCGCGCGCGCCATTAAAAGATTTTTTTCTTAGCTCTTTTTCTTTTTTCTTTTTCTTTCCACTGAGATGCGTTCTTCGGTATATAGTGAGAACACTTACAACTGTATACGAACATCGAA

>linker\_sequence\_344

ACGCGACATGGTGGGGGACGTGTAGTCGTGCCCTGCGATCCGCTTTATTACGTATATTGCCTTCACATGCCGTGAAAGCCGACAGGGACAACGCGCGATAAAAAAAAAATTAAAAGTAAAACTACGTACGCGGCGGCGCGACTCGAATCC

>linker\_sequence\_345

CACACGCGAAGGCAGTAGGCGATGAAAGGAAGTTTTTTAATGTCATTAAGAAAAAGATAGGGAACTTCTATTTCCTGTCTTTCATATATATATATATATATATATATATATATATGTGCATATGTACATCGTTGAGTTGTTCATGAAATA

>linker\_sequence\_346

TTTTGAATTTTTTTTTTTTTTGATACATTTTTTTTAATCGCTGTTTTGTCTGTTTTTTTCGATTCAGTTATAGGGAAAAAAACGGGAAAGGAAAGAGAAAAAAAAATTAGTGCAGAGCAATAAGAAGCGAAAATCAAAAAAAAGTTTTGG

>linker\_sequence\_347

TTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTTTGATCTCATTTCTTTTTTTATTGAATCTTTTTTTTTTGTAAGAAAATTAAGGTTTATTAGGCAGAGTATACCGAGTCGTTTGAAGTCATCTCCGGGTAGTGATTTTTATCACGTGACACTTTTTT

>linker\_sequence\_348

GCCAAAAGGTTCGTATTTTTTCTTTTTTTTTCTAATCTTCCATCTATTCGGTAGCGATGATTCATTTCTCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGAAAAAGAATATTTTTTTGATGAACTTGTATTTCTCTTATCTGGTTGATATATA

>linker\_sequence\_349

GTATATGTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAATGATATTAAGTTATACGAATGTTCGATAATATATATGTATGAATAAATAAAAAGTTTTTAAAGTAGCCTTAAAGCTAGGCTATAATCATGCATCCTCAAATTCTGTTAAAGTA

>linker\_sequence\_350

CAAAAGGTATATAATTCATTCAATAGATACAACTGCTCCATGAAAGGAAAAACCTTCATTTACGGTCGCGTTTTTTTTCGTGATATAAAAAAGGTAAAAAAAACGCGTCGCGTTAGAAAAAAGGTGTGTGTGAAGAGAAAGACCCATTGA

>linker\_sequence\_351

CAAAAATTCAAATTTTCTCTCTCTCTCTCTATAAACATAAATATATATGTGTATATGTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAATGATATTAAGTTATACGAATGTTCGATAATATATATGTATGAATAAATAAAAAGTTTTTAAAG

>linker\_sequence\_352

TTTTTTATTCATAATTTGGTAATAACGGTTGATAAACGAGCGGCTGATAAATTAGTTTCTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTTTGATCTCATTTCTTTTTTTATTGAATCTTTTTTTTTTGTAAGAAAATTAAGGTTTATTAGGCAGA

>linker\_sequence\_353

AAATATTATTTTTTTTTTTTTGAAAAAAATGTCGGACTTTATTCCTCCTAATTATTAATAAAATACGAATATATATCTAAATATAATTAATGCTTATTTACATGAAAAATCATCAATCGTAAACAGTTGATTAAAAAACAAAAACTTTAT

>linker\_sequence\_354

AGATTTTTAAGATCCTTATAACCTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGGTTTAAATAAAAATCGGACTTACTCAAAGGGTTGAAAAGCACTTTAATATAGGTTTTTAGTTTCGGGTAAGAAGATGTGTCAAAGGTCTCGAAAA

>linker\_sequence\_355

TAAATAGGTTAAATTTTCTTTTTTTTTTTTCCATTTCATTTTCATTTTCATTTCCTGCAGTTATTTTTTTTCTTATTAATCTATATCCATGTAATCGTTAGCGATATTGTTGTTAGTCAACGCGGCCATGGCAGTACCGGGTGCTTGTGA

>linker\_sequence\_356

TAATTCGATAATTAGAGGTATCTTTATTTGGATAGAATATGCATATATATATATAAGCGTATATATATATATATATATATATGTATATACATATGGACATTAAGTAAATATAAATCTATAAGTGGGTATCGGGATCAGAGCCACTTTCTT

>linker\_sequence\_357

TCACCACTTTTTTCTGGAAAAATACATAGCCTAACAAGCAATTTTATTTTACGTTTGTTAATTCATTATACTGATAATATTTTTGAATTTTTTTTTTTTTTGATACATTTTTTTTAATCGCTGTTTTGTCTGTTTTTTTCGATTCAGTTA

>linker\_sequence\_358

CAGTAATCGTTTTCTTTTTTTTTTTTTCATTAATTTATATGCTATCCTTTTAAAAATAGACATGTCATTTCAAACGACATGTTAAAAATTATATATATGTTTATATATAGATTGATATATGTTGGAGCCGTTGGACAATTATGGGCAGCT

>linker\_sequence\_359

AAATCGGTTGGGCTTAACTTTAAAGAAAAAAGTTGAGATTAGATTTATTGTGTTATAAATATAGATATACAATTCTTTATAAAAAAAATATATATATATATCATTGTTATTAAATAAAGAGTTTTCCTAGTATATAGATTAAAAAACTAC

>linker\_sequence\_360

ATGAAAAAAAAAAAACGAATACAAAAAAAAAAGTAATTTCTTTCAAGTTTATATATATAACAATATAATATTAAGTAATTTTAATCGAAAATTTTTTCCTCTAAAGAACCCAAAAATAAGCAACTATTGAATGAATATCTAAAATGATCG

>linker\_sequence\_361

TTCAGACATCTTCGAGAATTTTTTTCGCGCGCTTTCTATCAAAAAAAAATGAAAAATAAATAAATAAACAAAGGAAAATAAACAACAACATATACTGTTCTTATATAACATAGAACATCTATTGTTTCCGTGTTTTGCTCTTTCCTGCTT

>linker\_sequence\_362

TTTTGTACAAGTTGCGGATTACTTCTCTTTGTTTACCTTTTTGCTTTTATTTTTTTTTTTAATACGTGCATATATATATATATATTTAGTTTAGGTCAGAATACAAAGATAATTATGTATAAATGGGCGCATTTGGAAACTATTTTACAT

>linker\_sequence\_363

TTTTCTTTCCCATTTTGCTGGTAGTCAACAAAGTTGTCTTAAGGAAAAAAAAATAAAGAAAATATTGAAAACTAATAAGTTTTTTTCCTGTAAAAGTGTATAAAATATATAGGAGATCCCGTCAAATAATAGAAAAAAAATTTTTTGCCA

>linker\_sequence\_364

TGCTACAGGACCCTAGGGTCTCGCTAAAAAAATGACTACGCGCGCTTATATAATTACTCGAATAAGACAAAAGAAAAAAACCCTTGCGATATGTCGTAGACACGTAAAAATGGCCCATTTAGTGGTAGTCGCAAACTAGAGGGGTAAAAA

>linker\_sequence\_365

ACTTCTTATTATCACGAAAAACGTCGTCTTTTCATGCAAGGAAGGACTACAGTATATACATATAAATATATATTTATGTAATTATTTTTTTCTTTTTTTTTAAATTTTCTAGCGAGAATGAAGAAAAGCCGACCTCATCTCATCCTATTT

>linker\_sequence\_366

AATAATTTACTATTCAAAATATTTGCCTTTTCTTTTTTAATTTTTGTTTATTCTTTAATGTATAATTAAATAAAAAAATATTATTATATTTACTAATTAAGAGCGAAGCGTTTTATGTAGCTCCTTGGCCATACATACATTGCGCGCAAT

>linker\_sequence\_367

CTAAGCTGCCCGACCTCACGAAATCAGTCATGCGGTAGTCCATTATAATATAACTATTATTATTATTACTATTACTATTATTATTATTATTATTATTATCTATTGTTTATATTCTCTTTAGCTTTTTATCACCTACGACGACGGATATAT

>linker\_sequence\_368

AAATAATGTTATAAACGATTGAAGGGATCCGCTGAGGAATGAAAAAAAAAAATAAGAAAGTAAGAGAAGGGAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAGGGAATGATCGAAGATAAAAATTCTCAGAAATTTG

>linker\_sequence\_369

AGTCATGTACTGACCCATTAATTTTCTTTTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCTCTATTTCCTTTTTTTGTTCTAGTCGGTTACGCAGTTCTGAGTAATGTAATATAGCGTTCCTTTTCCTCTCAGATTTTTTTGACCTTATTT

>linker\_sequence\_370

GAAAATGTTTTATTCTATATTGGTAGAGTTAATAAATAATTATATAATAAATTATTGTATGATAATATAAATAATAGTTTATGTAATATTTTAAGTTATTATTTATAATAAAAAAGTAACTATTGAACCTGTTAAATTAAAATATATTCA

>linker\_sequence\_371

GAAAAAGCATCAGTTACGAGACTCCTGAAGGAGCGCCGGAAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTGTGTGGGGAAAGACCGACTACCAGTAATACTTTAAAGATATTATTAAAAGAAATCCCGAAAAAAGAAAGACCA

>linker\_sequence\_372

GCCTTGTAAGTACTTGGCTCACGAATACATATCAAGATACTTATGATATATATATATAGAAAAAGCTTACTTTTCTTGGAGTTATTGTTATTATCATCGCGAAGAACGATTGTATAACCCGGTTCAACGCGAAACGAATCGTTAAACTGG

>linker\_sequence\_373

AGAAGTACATTTTGATGATGGTTGTGATACTGTGGGTGTATTATTACTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTACTATTATTACTATTATTATTATTATTATTATTGTTGTTGTTGTTATTGTTATTGTTATTGTTAGG

>linker\_sequence\_374

TCCTCGACACCAAAAAAAATGAATAAATAATGTATAAAACATATAACTTTGCAAATGATTCAAAAATTCAAATTTTCTCTCTCTCTCTCTATAAACATAAATATATATGTGTATATGTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAATGA

>linker\_sequence\_375

GCTGAGGAATGAAAAAAAAAAATAAGAAAGTAAGAGAAGGGAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAGGGAATGATCGAAGATAAAAATTCTCAGAAATTTGAGAAGAAGGAAAAACTCTACTTAAATAAAG

>linker\_sequence\_376

TTTAACTTAATAAACTTTCGAGAAAAGTGTCAAGTTTCCCAGATTTTTAAGATCCTTATAACCTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGGTTTAAATAAAAATCGGACTTACTCAAAGGGTTGAAAAGCACTTTAATATAGGTT

>linker\_sequence\_377

GATAAATTTCCCCGTTTTCTTTTACTTTTACTTCATTTAATATAATTCATATTTATTTCCCATGTACCAATTAATTACTCCTAAAAGAACAGAAATAGAAAAAAGTTGTATATAACAAGCCAAAAAAAAAAAAGAAAAAAGGAAACACAG

>linker\_sequence\_378

AGCATATGTTAAATATTTTATTTATAGATTTTTCGTTGTGAAATATTATTTTTTTTTTTTTGAAAAAAATGTCGGACTTTATTCCTCCTAATTATTAATAAAATACGAATATATATCTAAATATAATTAATGCTTATTTACATGAAAAAT

>linker\_sequence\_379

TACTATCTAATACCTCTGTTCTTATACGGTTCCAAATTGAAAAAAAAATTAACTGCGAAAAGATGTCACACGTCAGTAAATCCGCGCAAAACCCCGTTATATTTCCGACGTCGTGCGGTAGTTTCTGCGCGGAACGGCCCCGCGGAATAG

>linker\_sequence\_380

GTTCCGAAGAAAAAAATAAAAAAAAAGGGCCGACGGAGGGTTAGGTCAAATTAAATATTGAGCTAGGTTTAGTTATCTCTTTTTTAGGTTTTTTATATACAAAAAAGATTATATTTAGGGTACATATGGCTGGAGCATAATGTCTGGAAT

>linker\_sequence\_381

AGATTTATTGTGTTATAAATATAGATATACAATTCTTTATAAAAAAAATATATATATATATCATTGTTATTAAATAAAGAGTTTTCCTAGTATATAGATTAAAAAACTACTCTATTAAATGAGAGCTAAAAAAAGCAGGCTGCCAAAAAA

>linker\_sequence\_382

CGCTTTATTACGTATATTGCCTTCACATGCCGTGAAAGCCGACAGGGACAACGCGCGATAAAAAAAAAATTAAAAGTAAAACTACGTACGCGGCGGCGCGACTCGAATCCTTGACTCCGACTGAGGAGACCCGAACAACGCTCCCTGCTC

>linker\_sequence\_383

CTACTTTTTTGAATAGGCATAGTTCACACTTTTATCTCCTTAGTTTGTACTACTCTTTTTTTATTTTTTTTTTTTCTTCCACTCAGCTATTAGATTATTTATTATTTTATTATCTGTGGTATCATTTTCTACAGCCATACCTTGATTTTA

>linker\_sequence\_384

TTTTTATATTTTCGGCATTTTTATGCTCGGCATTTCCCAACAGAAGCGGATATATTTTAAGGGCGCGGAGATGAGCCAAACGGCAAGCGATATCAAAATATCTGCATAATAACGGCAATCAACGCGCACGCGAATGGCCAAGAGGGTACA

>linker\_sequence\_385

TCATCTCCGGGTAGTGATTTTTATCACGTGACACTTTTTTATTCCTTTTCTCTTTTCTTTTTTAAATTTTTTTTTTTTTTTTTCATTGATTAACCGCCTCTTCTTTATCACTCTCGCATTCTGTCTACTAAACGGTAAAAAAACGAAGTG

>linker\_sequence\_386

CCCCTTCTCGCGCTGGCGAAGAAGTGAAAAAAAAAAATAAAAAAATGGAAATTTCGGACGATCGTCATTTTGAAAATACATAGTGAGCCAATATTATACTAGGAGTATATATATTTAGAGGCCAGTTCTGCTCTCTTGTCAATTGCCCGG

>linker\_sequence\_387

GATGCCGTATCTTTCCACACATTTTCCTCATTGGTCTTTGTACCTATAATTGTTCATATTATATATACGTTTGTAACAAATCGATAAATAGCAACAATATTTTTGCTTATTTTGATATCCTGAAATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_388

TGAAACCATGCAGATATAGTGTTGAATGATAATTCACCTTTTTTTTCTTTCTTTTTTTTTTTACCTGGGACGACATTCTAACTAATGAAATTTACGATTAATTATTCTTTTTTTTTTTTTTCAAGAAATAAATATAACTGTAACATATAT

>linker\_sequence\_389

TCCAAATTGAAAAAAAAATTAACTGCGAAAAGATGTCACACGTCAGTAAATCCGCGCAAAACCCCGTTATATTTCCGACGTCGTGCGGTAGTTTCTGCGCGGAACGGCCCCGCGGAATAGGCACATTTTCTTCCGGCCGCAGAAAGCTCT

>linker\_sequence\_390

TCACGTACATAGGTACACGCAGATGGGACAGGCGCATAAGTACGCGCTAATACATGTATTGATATAAGTTATGTTTTTATTTATCAAAATGATATTGTTGCATTTTTTTTTTTAAATCTCACGTTATTTTTCATTTATATACATACACTT

>linker\_sequence\_391

GTAGCGATGATTCATTTCTCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGAAAAAGAATATTTTTTTGATGAACTTGTATTTCTCTTATCTGGTTGATATATATGCTATCATTTATTTTCTTATCAAGTTTCCAAATTTCTAATCCTTTCTCC

>linker\_sequence\_392

AAAATGTTTAAGATTATTAAATCACACAGGAATGAAATTGTTATTAGAAAAATTATAATATACATTCTATATAGGGAAAAATTTCTTCTGACTTTGAAATTTAGATGCTAATAGTTTTTTTTATTATTTCTATTTTTTTTTTTTTTAAGA

>linker\_sequence\_393

GAGATGGAAGAAGTTGATTAATCTCTTTTTTCGCCTTCATGTTTTATATATTATATAAATTTGTTTACTTATTTTTACTATTTGTAATAATGATTCTGCTTTACGCGCCTTTAAAAAAGTTGGTCTTAATGTAAACATGAACCATAGCAC

>linker\_sequence\_394

TCAAAACCAACATACCAATTAATTAAAACTTGCTTTTAATCTGCATACATAAAACTTAGATCAAATAAATAAAAAAAAAAGTAAAACAACCATATATACTATTTCATAAGCAAAAGTAATCAAATTAAACAAAAAAAAGAAAATACAAAT

>linker\_sequence\_395

GACCTAGGTTTAACAAGATCATGAAATATTCATTAACGGAGTTTTTTGTTTTCGCTTTTTTTATTTTTTGTTCCTAATTTTTTTTTTTTTTACATTTTATTAGCTATACACTTGGCGCAAGGATATTTTATATACCGGATATAATAGATA

>linker\_sequence\_396

TAATACTAATAAAAGCAAGAAAAAAGCGACACCAGTAAATTTCAGACATCTTCGAGAATTTTTTTCGCGCGCTTTCTATCAAAAAAAAATGAAAAATAAATAAATAAACAAAGGAAAATAAACAACAACATATACTGTTCTTATATAACA

>linker\_sequence\_397

TATCCAATAGCTATGTACTCAAGTACCGTGTATACACTATAAAATCTCATCTCATCGCTAAAGCTAATATTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAAAGGCAAATAAAAAATTTTCAATTCGGGTAACGAAGAATCGACTCTCGCCGGG

>linker\_sequence\_398

GTTTACCTTTTTGCTTTTATTTTTTTTTTTAATACGTGCATATATATATATATATTTAGTTTAGGTCAGAATACAAAGATAATTATGTATAAATGGGCGCATTTGGAAACTATTTTACATACAACTGAACAAGTTCGGAACAATCTATCA

>linker\_sequence\_399

AAAAAGAGATGAAAAAATGCGATGAGCCAAGCATGATTTGAATCGGATGGATTCTCAACTGATATTTATATGGCTTTTTCAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGCATCTCGAAGAGCAAAAAAAAGGAACGAAAAAGTGCCACG

>linker\_sequence\_400

ACAAAATTGGGACTAATATTAAGGGCGACAGTTTTTCTTAAAAGTAAGATTTTTTACTTAAAAATTCTTGTTCTTAACGAAATTACATACGTATTAAAATTATTTATTAGATAGTCGGTATTGTCTTTTTGTGAAAAAAAAAAATTATAA

>linker\_sequence\_401

AAGGAAAAAAAAATAAAGAAAATATTGAAAACTAATAAGTTTTTTTCCTGTAAAAGTGTATAAAATATATAGGAGATCCCGTCAAATAATAGAAAAAAAATTTTTTGCCACATATACCTGTAGCCCCAGGAATACTGAAAAAATGGAGTA

>linker\_sequence\_402

TTTTTTTTTTTACATTTTATTAGCTATACACTTGGCGCAAGGATATTTTATATACCGGATATAATAGATAATTAAAAGACTACTAATTAAAAATGATGTAATATGGTAATAGGTATGGAAGAATCAGGGAGTTTTCAGAATGTTCTTTGC

>linker\_sequence\_403

GGCGCATAAGTACGCGCTAATACATGTATTGATATAAGTTATGTTTTTATTTATCAAAATGATATTGTTGCATTTTTTTTTTTAAATCTCACGTTATTTTTCATTTATATACATACACTTAAGAGAATGTCAGATTTTCTCTTTTCGGCC

>linker\_sequence\_404

TTACTAAGAAAAGGAGAGGAAAAGGACGTGCATATATTCTTTTAATACATTTAAAATATGATTCTAATCATTTCTTATATAATAGTGTATAGTCTAATCATTCATCGTGTATAGTAACCCTTTTTGTTTTTTTTTATGCAAAGTTTTTTT

>linker\_sequence\_405

GATCTCCCCTTCCGGTTGTGTCTTTTCATAATAATATGGTTTTTTTATTCATAATTTGGTAATAACGGTTGATAAACGAGCGGCTGATAAATTAGTTTCTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTTTTTTTGATCTCATTTCTTTTTTTATTGAA

>linker\_sequence\_406

ATCAAGATACTTATGATATATATATATAGAAAAAGCTTACTTTTCTTGGAGTTATTGTTATTATCATCGCGAAGAACGATTGTATAACCCGGTTCAACGCGAAACGAATCGTTAAACTGGTGAAATGTTAACGCGAGTGTCAGAGATATA

>linker\_sequence\_407

TCACTTGTTTATACAACTTTACGCGTCGCGTCGCGACATGTCTATAGATTAAGTCACTTTTAACGCCATCATTCCGGGTAGTGCATATTTTCCCTTGGCGGCTAAATAGATGAAAAGGTAAAAGTTTAATCTGAGAAAAAAACTGCATTG

>linker\_sequence\_408

GCATTTTCAGTAAAAAATGCAGACTTTATTATTATTTAATCGTGCTTCTTATATATGACATTCTACCAAATCGGTAGTCATGTATATTTTTTTCGTATATACTTTATATATTTTTTTCTAAAAAACTAATGACGGCTAAAATTAAGTCAT

>linker\_sequence\_409

TTTTCTTTTCAACTTCTTTTTTTTTTTTTCGTTTATGAAGCCGATGCTAATGCATCAATTTTTTTTTTTTGGTGATGAGTTTTGAAAGAAAATGAAAAAAAAAAAATTTCTATTATTGTCAGTGGAGTTTTTGAACAGATCACCTTGTGA

>linker\_sequence\_410

AGCGATTGTATCTGTATAGAGGTTGGTTTCTTTTTCTTACCTTTCTCTTTTTATTTTTTTCTCGCATTGGTTCAAAAAAAAAAAATGATGGTTTAAATTTCGTAAAATACGAAAAATGAAGGGAAGGTCCCACCCGGATTCGAACTGGGG

>linker\_sequence\_411

TAGAAATATGACAAAAGAAGGAAGATAGGCATAGTGAATTTTATTTCTAATTTCACTTTTTATGTTTTTTTTTTCGATATTTAATTTTTTCACGCATTACGAATATATTTCTATATACAAACATATGTAGTAGTACTAGTAGCTGTCATC

>linker\_sequence\_412

GTGCAGGACCCTATGGCTCGAGAAGTTGCTACCGGTGTTTAATTTTTTTTTTATCTTAATATTAGGAAGAGAAAAAGCATCAGTTACGAGACTCCTGAAGGAGCGCCGGAAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTGTG

>linker\_sequence\_413

GTTTCGTTTTTGCTTATACGACCAATCATTACCGCGTTCGGCTTTTCCAAAAAAAAAAAACTATAGTAAGGATAATGAAAAGAAAAAAGGGTCCCATGATTACTAAAAAGCTCTAATTCAAAAAAAAAGTCTTTGATAGGCAGCTAGGAA

>linker\_sequence\_414

TGTATGCTTGTTTTTTCTTTTCTGTTTGTTGTAGTCTCTATAAATTTAAATGCACTTATCTTTTTATGCAAAAAAAGCTGGGCGAGTTATTTGTTTCTATATTTGTATAATTTTTTTTTTTGTGAAGATGAATATAAACTGACAAAAAAT

>linker\_sequence\_415

AAGCGAGTTTTTCAACCCTTCCACAATCTTCTCTTTATTAATAAATATGTTGGAGATATCTCCTGTATGGGTAATATGTATATATGTAAAAAAAAAAAAAGAAAAACAAAAGAACCAAGATCGGGCTACGATGGATAAAAAAAAAAGAAA

>linker\_sequence\_416

AAAACTTAGATCAAATAAATAAAAAAAAAAGTAAAACAACCATATATACTATTTCATAAGCAAAAGTAATCAAATTAAACAAAAAAAAGAAAATACAAATATTAAATTTAAATTAAGGCAATAAACATATATTATACACATAAAAAGAAT

>linker\_sequence\_417

TCGAACAAAAGTGTAAGCAGACGTGAAATAGCAAACCTTTGAATGCATTTATATATTTTAATATACTTATAACAACGGATAAATGTTTAGATCCCTTTTGAAAAAAAAAAAAAATTAGGATGAACCGAAAAAAATCATACTCGTATTCCT

>linker\_sequence\_418

CATTGTGGGGTAGTTTTTACGAAAAAAATGAAAAGTTGTAAGTATAGTATATATTTTTTTTCTATGTAAGTTTTATAAGATTCTATTCGCTATTACCACCGGTAAATTAAAAAGAACACTATTGTTACATTATATGTTTTTAAATCATCA

>linker\_sequence\_419

ACCGGTGTTTAATTTTTTTTTTATCTTAATATTAGGAAGAGAAAAAGCATCAGTTACGAGACTCCTGAAGGAGCGCCGGAAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTTTTTTGTGTGGGGAAAGACCGACTACCAGTAATACTTT

>linker\_sequence\_420

ATATATAGATAGACAACTGGTCTTCTGCATCCGGTAATAGGCATTGGCTTTAATACTAATAAAAGCAAGAAAAAAGCGACACCAGTAAATTTCAGACATCTTCGAGAATTTTTTTCGCGCGCTTTCTATCAAAAAAAAATGAAAAATAAA

>linker\_sequence\_421

ACCATTTTTTCGTAAAAAAATTTAAGCCCAAGAGTTTGAGAAAAAGAGATGAAAAAATGCGATGAGCCAAGCATGATTTGAATCGGATGGATTCTCAACTGATATTTATATGGCTTTTTCAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAG

>linker\_sequence\_422

CCGCTTTTTAATTTTTAATCAATGTTACATACCTAGCGTAATTTTCCTATATATAAAATATCAGCTTTATATAAATATATTATTGAAACTGTACCTATAATAATAAATTTAAAATTAAGTAAATACAAATGCTTCAAAATTTGTTAGTAT

>linker\_sequence\_423

CTTCTTGAGGTATTTCATTTTTATTCTTTTTTTGATATCTATATATAAGTATTTCGATATAGTAAAAAGAAAACCCTTTCCTATGATGGACTAAAAAATATAATTATAAATAAATTATGAATAGTTGACGCATTAGAAGATATTGAGGAC

>linker\_sequence\_424

CAAAAAAAAAAAAGAAAAAAGGAAACACAGCTTATTTCAAATTGCAATCTGCGTATTTCGTAAGTAACGAATGATCTCACAGCATTGCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATATATATGTACATTACCTATGTCACATATGACCATGATGAGT

>linker\_sequence\_425

AGTTGAAATCAAGAAGATACAATGAAAGAAAAGAGAAGGAAAATAATGTTATAAACGATTGAAGGGATCCGCTGAGGAATGAAAAAAAAAAATAAGAAAGTAAGAGAAGGGAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAGAAAA

>linker\_sequence\_426

TAAACTGTACGGATATATATATGATATTACGGTGCCATATGATATTATACAATATTATACTGTACTGTACTATATTATATTATATTGTATTAATTATATTATACTATACCCTATCATACCAAATATTTTGGCTATATTAATTTTTATCTA

>linker\_sequence\_427

GATATACTTCCTTTTTGCCTTATCTTTCACTGTTTCCATCTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAATCTTAAAATTCTCGAAACTGCACTGAAATGGCGCAGGAAACTGACCTCATCGCATGCC

>linker\_sequence\_428

GGAGCTATTAAATCTTTATAGTAAATTTTTTTTTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTATTTACAAGCGTCTATATATTTTCTATTATAGAATATTGTCATTTATTACATTGGTTCATCTGTAAATCTCATCAAACGGTCTCG

>linker\_sequence\_429

TTCATCGCTTATAGAAGACATATTTTGATGTAAAAACCTTGATATACTTCCTTTTTGCCTTATCTTTCACTGTTTCCATCTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAATCTTAAAATTCTCGAAAC

>linker\_sequence\_430

TCGGGTAAGATATATGTGCTAGCGCCACGCGATGGCTGGTTTGTCTTTTTAAGTTCTTAATATTTATTTTTATATTTTGATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCATTAGTGAATGACAGCAATGTATTAAGCTGCTGCCGCGCATACAAA

>linker\_sequence\_431

CTATAAATAACAAACAATCGCGCGGAACGTCAAGCGTATATACTATATAAAAAGAAAACAAAAAAAATCAATAACCCATTAAAGATACATAATCAATAAAAAACGATATTAAAAAGCACGTAAAGTACTTAATATTTTTTTAATAATAGA

>linker\_sequence\_432

TTGGGTTTTTTTCCCTTTGCGAATACCCGGGCTGCCAAAATAGAAAAGGAACAAATGGTAGGTCTTTAAGATAAGAAAGATAAGATAAGACATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCGATAACAAAGAAGAATCCTTCG

>linker\_sequence\_433

ATGACTTTATGACAACCATGATAGTACAGAAGAGAGACCTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTGAGCCTTTTCGAATCTAGACTCTATGTGAGTCTATTCTCGATGGGGAG

>linker\_sequence\_434

TGAAAAAATGAAAGAGTAATGAACAAACATATTTTTTTTATAAAATGCATAAAAACATATAGATATATATATATTTACGTGGAAAAATGTTAAAACTATTGATAAGAAAAAACGCTCAAAACAAGTAGTAAGCAGGCTTTTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_435

TGTTTCCATCTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAATCTTAAAATTCTCGAAACTGCACTGAAATGGCGCAGGAAACTGACCTCATCGCATGCCAACGAAGATTGAAAAAAATTAACATATAAG

>linker\_sequence\_436

ATATAACGCGAGGTTCAATGGCCTCTTTACCATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTAAGGAAAAAGAGTATTTTCAATTCGTTTCTGAACATATAAATATAAATAACCGAAAAATTAGCCCTTGAACATAATTAACACTCTTCT

>linker\_sequence\_437

ATGAAAAGGGTGTTCTTGGCTTTACAAGCGCATTAAACATTTAATATTATATAATATTTATAATATACATGTTATTCCAATAGTGAAAAAAAAAAAAAAATGAAAATGAAAATGAAAAATTCGGCCCTTAAAAATGAACAACCTTTTACC

>linker\_sequence\_438

AGTCCAATCGGACTGATTCGTAAAAATTTTTGCAGACATTTTTGATATATATTCAATTCATATTTTATCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACGTGGAATGGTGGGAAAGCCAAAATGTCACTGACCGCGGCTAAAAGTTAAAAAATAC

>linker\_sequence\_439

TTATTTTAATGGTTACCCGACTTCTTTACCCGGCTCTCCGTCGGGTAAGATATATGTGCTAGCGCCACGCGATGGCTGGTTTGTCTTTTTAAGTTCTTAATATTTATTTTTATATTTTGATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCATTAGT

>linker\_sequence\_440

TTTTTTTTTGTTACCCCTAACGATATTACAGCTATTTCCTAATGGCTTTTAATGACATTAATGACTTTATGACAACCATGATAGTACAGAAGAGAGACCTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTTTCTT

>linker\_sequence\_441

GTTGTACTTGACATTCTAAGGCATCCTGCAACTGTTCTGTGGAGCTATTAAATCTTTATAGTAAATTTTTTTTTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTATTTACAAGCGTCTATATATTTTCTATTATAGAATATTGTCATTT

>linker\_sequence\_442

TGTGAAATGGTTCTAGTTAGTCACGTGCAGCTTTTTAAAAATATTTTAAAACATTTTAAAAAATATACATTTTTTTATTATTTTTTTATATATTAATGTTAAAATTTATTTATGTATTTGTCTTCCGAAAAGTAAAATAACGTTCAAATT

>linker\_sequence\_443

AGAGAGACCTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTGAGCCTTTTCGAATCTAGACTCTATGTGAGTCTATTCTCGATGGGGAGTATCGGAAATTGAATTTTAATTCGAATGAC

>linker\_sequence\_444

TTCAATTTTTTAGATTTTAATTAGCGGTTTTTTTTTGGTTTTTCTTAAGATTGGTTTTATGATTTTTTTTTTTCTTTTTCAAATTTTTTTATTATTTTTTCAATTTTTCTTTTTAAAAGGCTTGTGGTTGACTAGTCCTTTCTTTTTAGG

>linker\_sequence\_445

GTTGGTGGATCGGCCGTACGTGTTTAGTGAGGGTACTATTTAAACTTACTTTAAATAGCAAAATAGGAAAAGCTACGAGAAACTGAAAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAAGAAAAAAAAAGGAGAAACATGATTGCCAGT

>linker\_sequence\_446

CTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGTCTTAGAGGGAATATAAGAGAAAAGAAGAGATAGCATAACACATGATTTATTTTTATTTTTGCGTTTTTTTTTTTTCTTAATTGTTTATCAATGTATCTGTGAGAGTATCTACATAAAAAAAA

>linker\_sequence\_447

CCGCGCCAGTATATTAGTTACTAATCATACAGTTTCTTGTTTCAATTTTTTAGATTTTAATTAGCGGTTTTTTTTTGGTTTTTCTTAAGATTGGTTTTATGATTTTTTTTTTTCTTTTTCAAATTTTTTTATTATTTTTTCAATTTTTCT

>linker\_sequence\_448

TACTATATAAAAAGAAAACAAAAAAAATCAATAACCCATTAAAGATACATAATCAATAAAAAACGATATTAAAAAGCACGTAAAGTACTTAATATTTTTTTAATAATAGACATTTTCGCCCTTACTTTTTAAATAAAAAACATAAAAAAA

>linker\_sequence\_449

ATAAAAATACACCTTCGTACAAGGTGCTAATAATGTTGAGAATTCGAAATTCCTTTTTAAAGGCGTATTCCGTATTGAATGATTGAAAAATTTATTTCTTTTTTTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACGCCGATGCTCAT

>linker\_sequence\_450

ATTCGCCAGTAAATGCGTATCTTGGAGAAAATATCAATTTGTTATTTTGTATATATAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAATACTCAAATACTCAAATACGTATACATTATACTGAAATACTTCGCTTGTCTTCGAATCTAAATCCTC

>linker\_sequence\_451

TACACAATAACGCCGACGAAAAATCTAATTAAGAAGGACACTATAAATAACAAACAATCGCGCGGAACGTCAAGCGTATATACTATATAAAAAGAAAACAAAAAAAATCAATAACCCATTAAAGATACATAATCAATAAAAAACGATATT

>linker\_sequence\_452

AACAGTCCGTAAACAAACACATTCCCACAAAACACCGCACCGCGAAAAAAAAAAAAAACAGGAAAAAACGCGAAATGTCCGTAACTTTACCCGGTAATAGTCACGTGATAAAGGTGCATTGGTCTAGCTGGCTGTTCTGGCCAACGCGAC

>linker\_sequence\_453

TCCTTTTTAAAGGCGTATTCCGTATTGAATGATTGAAAAATTTATTTCTTTTTTTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACGCCGATGCTCATCGCAGAAAATTTTTCCTTCAGTTTATTTGTCTTATAAAAAGACTGTCCTA

>linker\_sequence\_454

CTTTCCCTCCGCAGGAAATGAAAGATGAACCACCCATTACATTCGATTTTTTTTTTAATTATATTTTTGACTATTATTTAATCATTAAAAACACATATATTTCATAAATTCGTAAGGTCGTTAGTTCTATCGTAAAAGTGAAAAAGTTTT

>linker\_sequence\_455

GTCTACTATAATAATTCACCAAAAAACAGCAGAGCACGTCCTATATATATATATATATATATATATATATATACATATATATATACGAATATATTTATGACAGTCTAAATCGTTGCTCCTGTTCAATTTTAACGCTCTTTTATAACTGCT

>linker\_sequence\_456

CTATACAAAAAGTGTGCTTTTTTCTTCTATTTTTTTTTCTTTAATGACTTTGTGTGTTTATTACCCTTTAATTAATTACCAAAAAAAAAATAAACTACGTTTTTAATTTCTAATTTATCAAAATTTCTTTTTTTCACATATAACTATATA

>linker\_sequence\_457

GCTGCCAAAATAGAAAAGGAACAAATGGTAGGTCTTTAAGATAAGAAAGATAAGATAAGACATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCGATAACAAAGAAGAATCCTTCGGTCTCTTCTTACTGCTGTTACTGCTTATCA

>linker\_sequence\_458

TATTTGGAATGGGCATCGATTTAAAATTTTCATTTAGTGGGATGTAAAAAAAAATTTTAGTTCGCGCGTACAGTTTTTCAACATTTGCCATATGATGTAGAATGGCGCTATCAAATCATCACTCTTATTACAGGTGAATCGCGCGCTAAC

>linker\_sequence\_459

CACCCATTACATTCGATTTTTTTTTTAATTATATTTTTGACTATTATTTAATCATTAAAAACACATATATTTCATAAATTCGTAAGGTCGTTAGTTCTATCGTAAAAGTGAAAAAGTTTTGAGCCAGTTTTCAAAAACCCGCAGGATCCC

>linker\_sequence\_460

CTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACGTGGAATGGTGGGAAAGCCAAAATGTCACTGACCGCGGCTAAAAGTTAAAAAATACATGAGACGACATTCTTTTATGTATATATATTTACACATGTATACAAACAAATACACACGCAAGTAGAGAG

>linker\_sequence\_461

TTTTTTTTTTTTTTTTCCGTGCGTTCTCCCCGTGCCTTGATAAGCAATAATGGAAAAAATAAAAATAGCAGCAATTGGTTATACAATGTATATATAAAACATGAATGATTGAATAATTTACAAGCGAAATAATCGCATTATATACGTGGC

>linker\_sequence\_462

TAAGTAAAAAGAACGGATTATGAAAGAAAACGCGCATAATATATATATGTATGTATTTTCTAATTTATATTAGCAACTAAATTAAATTACATCAATACTATTTTTTTTTTTTACTTTACAAGGTTTATTTCAAAGTCTTCAACAATTTTT

>linker\_sequence\_463

TTTTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTATTTACAAGCGTCTATATATTTTCTATTATAGAATATTGTCATTTATTACATTGGTTCATCTGTAAATCTCATCAAACGGTCTCGTATCGGCGAAGCAACTGTCCCAAACTTCAT

>linker\_sequence\_464

AGGTTAAAATAGAAGGCCGATGAGGCCTTATGTAAGTCTAATATGGTATTCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGTCTTAGAGGGAATATAAGAGAAAAGAAGAGATAGCATAACACATGATTTATTTTTATTTTTGCGTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_465

CTTTTTAAAAATATTTTAAAACATTTTAAAAAATATACATTTTTTTATTATTTTTTTATATATTAATGTTAAAATTTATTTATGTATTTGTCTTCCGAAAAGTAAAATAACGTTCAAATTTGGTATTTAAGGATATCTGCGTTTAGGCGC

>linker\_sequence\_466

ATAATTACCCATCTATGTTGTTTCCCCAAGAATGTTTGCTGCCATATAATAAGAACAAAAAAAAAAATAACAAAAAAAAAGAAAAAAAAAATCACTTGTAATCTTAAATTAATATTATACACCGGTTGTCCGTTTTTACCTCTATGCCGT

>linker\_sequence\_467

GATTGAAAAATTTATTTCTTTTTTTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACGCCGATGCTCATCGCAGAAAATTTTTCCTTCAGTTTATTTGTCTTATAAAAAGACTGTCCTACGCTCAAATAACTTATACTTTTCTGTATCT

>linker\_sequence\_468

ACGCGGTCGCGCGCCGTTTGACGTCCTATAGGAGAATGCCAAAAAGGGTGTTTTGCTGGAAAATATACATATATAAATATATATAAAGAATAGTGAAACAATAGAAATATTAGTAATACAGCCATAGCAGTAGTAGTGATAGTACTAGCA

>linker\_sequence\_469

TTGTTTTGTCCTTTTGCAGTTTGCTTTTATCCCTGTGATGAAAAAAAAAAAAACTAAAATTTTTTGCCGGCGCATCGAAAAAATCTGTTACCCGACCCGTTATTGGTGATAATACCCATTTTTAACGCGATCACATATCATAAACTGCAG

>linker\_sequence\_470

TTCAAAGAGCGAAAAGAAGGCGCGTCGCGTCGACGCGCCTTTTTAGGCTAGAAAATAAACAGAAAACAAAAACAAAAACAAAAAAAGGCGAAAAAACAAACGAAAAAACAAACGACAGTAGATAGAGGAGAAGGTTTTTGACAGGTTTGT

>linker\_sequence\_471

CATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTAAGGAAAAAGAGTATTTTCAATTCGTTTCTGAACATATAAATATAAATAACCGAAAAATTAGCCCTTGAACATAATTAACACTCTTCTTTGATATTTAAATCACAAGTACTTTTCTTT

>linker\_sequence\_472

GAAATCGCGTGGCTTGGTAACGCGATAATGACGCGACACAGCCATTAGTGTGAAATTTGATTTTCTTGGCCAAACTAGGTATAATATTTGTTACAAATTATTGATTTTAATATATATCTCGGGTTCATTTTTTACGTCGGTACTCCAAAG

>linker\_sequence\_473

TTAAATAGCAAAATAGGAAAAGCTACGAGAAACTGAAAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAAGAAAAAAAAAGGAGAAACATGATTGCCAGTACTCGCAAGAACTAAGATAGAGAGAAAAAGGACGATATATCAAGAAATAA

>linker\_sequence\_474

ATTGAGTTGTATTGCTGATTTGACCATATGAGTAAGCAGTATATAACGCGAGGTTCAATGGCCTCTTTACCATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTAAGGAAAAAGAGTATTTTCAATTCGTTTCTGAACATATAAATATAAAT

>linker\_sequence\_475

TCAAGTTTGTCATGGAATATGAAATAGAAAAGGAGTGATGGTTTTCTTTATTTTTAACCCTGTAAAATTTTTTTATTTTTTTATTTTTACTCTTATATATGTATATGTTTGTGTTTATTTCTGAATAAAAATTTATAAGAACCAAATTAA

>linker\_sequence\_476

TCATTTTTTTTTTGATTGTCTTGCAGAAGTTGAAGAGGTCTTTACTGTAGCATATACAAGTGCTTAATTCTTGATTTTTATTTTCTTTTTTTCATAATACACGTTATAGAAAAAGCCCCATTCTCAGTTTATGAAAAAACGCGATATCAC

>linker\_sequence\_477

ACACTTAATTCGTATCATTCGAAACGGAAAAAGAAATGTGGATTTTCTTTTTCAATTTTTTTTTTTTTCATGATTTTTTTGGGCGACGCAGAGATGAGATAAAAAAATTTTTCAACTGCTATTCTCAATCGAATTTTTTTTGTTATCCTC

>linker\_sequence\_478

ATTTTCAATTTTCATCTTTTTTTTCACGATGCGAAGTTTCTTAGATAATTATCGCCATATACGAAACGCGTTAGGAAACGCGTTCTTTCCTTTATAATAAGCAATATTATATCAACTTAAGGTGGAAGTAATGTGGCAAAATCGATAGCG

>linker\_sequence\_479

TTCAAAAGTACGTATATATGTATATACCATCTTTTTTTACGTTAAAATAGTGAAAAAGGAAAGGAGGAAAGAAAAAACTAATATAATTAATTGTATTATATATGTACTTTTCATTTTGGAATGTGAAAAAATTCCAGGCGGAAAAAATTG

>linker\_sequence\_480

TATATATATATATATATACGTGCATTTTTCTTAAAGAAATATAACTTTTTTCTTGTACTGCCTGCAATCTCTATTCTTCATTCATCACACATCTATTCAAACGCGTTAAAATTTTTTTGTTAGCCTATAAGTAAAACGCGTCGCGTGTAT

>linker\_sequence\_481

TTTTTTTTCTTTAATGACTTTGTGTGTTTATTACCCTTTAATTAATTACCAAAAAAAAAATAAACTACGTTTTTAATTTCTAATTTATCAAAATTTCTTTTTTTCACATATAACTATATATTTATATGTCACCCTATTCAAGTTCGTTAG

>linker\_sequence\_482

ATGAAGATTTTTAATTTGAAGTCGAGTACATCTCTTTCAGTGAGTAACTTATATATTTTTGAAGTTAACATCCTTATTCTTTTTTTATATTTTTATTTTTTTTATGTTTATTTTCTATTACTGATTTTCACAAAGAAAGGTAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_483

GGTATTTTTTTTTTTTTTATTGATTTTTTTTTCACTCTTATTTTTTCCCTCATTTATTCATCATACATTTAACGAACTCTATTTCTTTTCAAAATCCTTATCTACCTATTTTTTTTTCTTTATTTTCTTTCCTCTGTCAGTTAGTCAGTA

>linker\_sequence\_484

AAAAAAAGCTGAAAGCTTAAAGAAGCAAATTTTTGAGAAGGTTCAGAAAGAATAAAATAACAGACTATACAGTTTAATTATATATATATATATATATACGTGCATTTTTCTTAAAGAAATATAACTTTTTTCTTGTACTGCCTGCAATCT

>linker\_sequence\_485

GATGGCTGGTTTGTCTTTTTAAGTTCTTAATATTTATTTTTATATTTTGATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCATTAGTGAATGACAGCAATGTATTAAGCTGCTGCCGCGCATACAAAATGTACTGCGTTAAATTAGATTAGCTTAAA

>linker\_sequence\_486

CGCGAAAAAAAAAAAAAACAGGAAAAAACGCGAAATGTCCGTAACTTTACCCGGTAATAGTCACGTGATAAAGGTGCATTGGTCTAGCTGGCTGTTCTGGCCAACGCGACAGCAGGGTTCATACTTTCAGTAGAACAAAAATCGGGGGAA

>linker\_sequence\_487

ATCCATTGATACGGCCACGCCCGTTAAAACGCTAAGATATATATATATGTAGCTAAGATATATATATATGTATATATTCGGTATTTAGTAGATATTTCCTTAAGGCGATATTCGCCCGAGAGCTATTTCACAGTTTTTTTTTGCAGTCGT

>linker\_sequence\_488

TCTTGTACTGCCTGCAATCTCTATTCTTCATTCATCACACATCTATTCAAACGCGTTAAAATTTTTTTGTTAGCCTATAAGTAAAACGCGTCGCGTGTATCCAATTTTACTGAATTAAATTCTTTACTCATTGGATGATATATATCTTCT

>linker\_sequence\_489

AACTGAAAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAAGAAAAAAAAAGGAGAAACATGATTGCCAGTACTCGCAAGAACTAAGATAGAGAGAAAAAGGACGATATATCAAGAAATAAAAGGGAAGGTAATTCAAGTAAGCACTGCTT

>linker\_sequence\_490

ACCCAAAAAAAAAAAAAAGACATCAAATCTCTTTTTTTTTTTTTTGTAGTTCTGTTGCCGTATGCTATCTACTCCTAAGGCTTTTTTCTACTACGGCAATCTATTCACAATGTGCAATTAGGCTAAATGCTAAAAAAAGAAAAAAAAATC

>linker\_sequence\_491

AATCAATCTTAACGCATATGCCCTTGTCAGAGCCGTCCTTCGAATAAGCATATTTGGAATGGGCATCGATTTAAAATTTTCATTTAGTGGGATGTAAAAAAAAATTTTAGTTCGCGCGTACAGTTTTTCAACATTTGCCATATGATGTAG

>linker\_sequence\_492

CGAAATGTAACTAATCATGACATTTTTTAAAAGTTTTCAATGAAAAAATGAAAGAGTAATGAACAAACATATTTTTTTTATAAAATGCATAAAAACATATAGATATATATATATTTACGTGGAAAAATGTTAAAACTATTGATAAGAAAA

>linker\_sequence\_493

CTTTTTTTACGTTAAAATAGTGAAAAAGGAAAGGAGGAAAGAAAAAACTAATATAATTAATTGTATTATATATGTACTTTTCATTTTGGAATGTGAAAAAATTCCAGGCGGAAAAAATTGAAAAAATCAAACACTGCGCTTGTGAGAAAA

>linker\_sequence\_494

ACGCGTCCCTTTGGAGAAGATCGATCCTTCTTTGGGTCTTTCAATTTGATTGGAAAAAAAATATTTAAAAAAATAGAAGAAAAATATAGAATATATAGAATATATAGAATCAACTACTGCAGTAGATAAATAAAGAAGACTATTCATATT

>linker\_sequence\_495

ATTAGTGTTAATAGCGGTGACAGTAGTTTTATTGTATCTCACCTTTTTTTATGTATAATCATATAATGACTTAATTATTTTTGAAATGTTTCTTTTTTTTTTTTTAGTTATAACCCTTTTTACGGATTCTTACGTACTTATTTAATCTTT

>linker\_sequence\_496

TTATTGAAAATCCTTTGGAAATGCTATTGTGAGGTTAGAATGAAAATAAAATTCGCCAGTAAATGCGTATCTTGGAGAAAATATCAATTTGTTATTTTGTATATATAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAATACTCAAATACTCAAAT

>linker\_sequence\_497

ATGCAGACATTCTTCCGCTTTAAAAGTTGAAAATTCCTCAATGAAAAGGGTGTTCTTGGCTTTACAAGCGCATTAAACATTTAATATTATATAATATTTATAATATACATGTTATTCCAATAGTGAAAAAAAAAAAAAAATGAAAATGAA

>linker\_sequence\_498

TTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTTTAAAATTAGTCCTGATCAAAAAGCCATCACGTGGATCCCCGAAAAAAAACGGATCCGGGTAACCAGAAGTATTTTTTTCAAGGGAATAAAAGTTACCCTACCAAAATAAAAAAATTCAAGTAGGGTAA

>linker\_sequence\_499

TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACGCCGATGCTCATCGCAGAAAATTTTTCCTTCAGTTTATTTGTCTTATAAAAAGACTGTCCTACGCTCAAATAACTTATACTTTTCTGTATCTCATTCAAATTATTTTCTTGTCAACAACCTG

>linker\_sequence\_500

CAAAAGGTTGTACCCCTTCCCACAGATATATAATATATTCTAAGTAAAAAGAACGGATTATGAAAGAAAACGCGCATAATATATATATGTATGTATTTTCTAATTTATATTAGCAACTAAATTAAATTACATCAATACTATTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_501

AGGAGTGATGGTTTTCTTTATTTTTAACCCTGTAAAATTTTTTTATTTTTTTATTTTTACTCTTATATATGTATATGTTTGTGTTTATTTCTGAATAAAAATTTATAAGAACCAAATTAAAACCGTTAATAGCCCACCCAAAATTGAAGT

>linker\_sequence\_502

AGGAAGTCAATAAGCATGGTCTATTCTTTTCTTTTATGTAGTTTATAATAGGCAACTTTAATGTTCCCAGAAGACGCGTTTTCCATTACTTATTATACCCAAAAAAAAAAATTAAAAAAAAACAACTTCGAACATGCAAACGCAAAGCGA

>linker\_sequence\_503

CCCTGTGATGAAAAAAAAAAAAACTAAAATTTTTTGCCGGCGCATCGAAAAAATCTGTTACCCGACCCGTTATTGGTGATAATACCCATTTTTAACGCGATCACATATCATAAACTGCAGTGAGAGGGTCGTTTACAGTAGTTATAGTAC

>linker\_sequence\_504

GAAAATTCAGATCGCTTTATACGAGTAAGTATGCCAAATACACCAAATATACCAAAGCATTGATTGCGTATACTGAGAATACATATATATATATATATATATATATATGTATGGTCATTGCTATTTACAAAAGGTTGTATGGAGTGGGAA

>linker\_sequence\_505

AGTTTAATTTTGGGTGGTAATGGCTGTGTGACTAGCTATAGAAAGAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAGTAGTTCCTGCACTGCGACGTCCATTATAGCATTATGAATTGGTCCCTGATTTACGCATGCGATAAACTATTTTT

>linker\_sequence\_506

AAGATTCATAAGGACTGCCAATAAAAAAGACTATTTGTGAATTTTTTTATAGATTTGTAAAGGTTAAAATAGAAGGCCGATGAGGCCTTATGTAAGTCTAATATGGTATTCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGTCTTAGAGGGAAT

>linker\_sequence\_507

TGCAGACATTTTTGATATATATTCAATTCATATTTTATCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACGTGGAATGGTGGGAAAGCCAAAATGTCACTGACCGCGGCTAAAAGTTAAAAAATACATGAGACGACATTCTTTTATGTATATATAT

>linker\_sequence\_508

GATGTAAAAAAAAATTTTAGTTCGCGCGTACAGTTTTTCAACATTTGCCATATGATGTAGAATGGCGCTATCAAATCATCACTCTTATTACAGGTGAATCGCGCGCTAACACTTCAATTACAGACACATACTCCTGAATGGGTGCTTTCA

>linker\_sequence\_509

GTTCAGAAAGAATAAAATAACAGACTATACAGTTTAATTATATATATATATATATATACGTGCATTTTTCTTAAAGAAATATAACTTTTTTCTTGTACTGCCTGCAATCTCTATTCTTCATTCATCACACATCTATTCAAACGCGTTAAA

>linker\_sequence\_510

GTCATCGAACCTTTTTTAAGAGATAAAGGGGGCTTTGACGTATAAGTGTCGGTATTTTTTTTTTTTTTATTGATTTTTTTTTCACTCTTATTTTTTCCCTCATTTATTCATCATACATTTAACGAACTCTATTTCTTTTCAAAATCCTTA

>linker\_sequence\_511

ACACTTTTTTACTCGGAAATTTTCTCTCCCCGATTGTAAATTTATTTCTCGTCTACTATAATAATTCACCAAAAAACAGCAGAGCACGTCCTATATATATATATATATATATATATATATATACATATATATATACGAATATATTTATGA

>linker\_sequence\_512

ATTTTTTTTATAAAATGCATAAAAACATATAGATATATATATATTTACGTGGAAAAATGTTAAAACTATTGATAAGAAAAAACGCTCAAAACAAGTAGTAAGCAGGCTTTTTTTTTTTTTGCTGCTTGTTTTAGAGAACCTGTATATCAA

>linker\_sequence\_513

GAGGGCTATATCATTACCGAACTTAAGTTTTCTATTGGAATATTATACTTTATAAACTAAATAATTACCCATCTATGTTGTTTCCCCAAGAATGTTTGCTGCCATATAATAAGAACAAAAAAAAAAATAACAAAAAAAAAGAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_514

TTTTTTTTTTTGCACACCTTTAAAACCTATAGAAACTCCTTCATATAAAATGTACTAGTTATAAGATGACTTTTTATATTCAAAATTAGAAGAAAACTTAACTAAAATTAAAAAAATAGCGGCTATTAAAAGGTATTAAAAAGTGAGAAA

>linker\_sequence\_515

CTTTAATTAGTTTAGGTATACTTTCCTGCGAAGGTCTTGTTGGAATATGTAGTAATCTCTACCCGCGTTTTTAGTTAATGCTGAATGGTTTTTGATGGCTCCTTTTTTCTTAGAGTGACAGGCGCGGCAGCCCCTTAACGCGGGTACCTG

>linker\_sequence\_516

GTGCCGCGCGCCATCATGGTCCGGTAACGGTCGTAGTGAATGACTCATATTTTTCCATCTCTTTCGGCCTTGCCAAAAAATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAAAAACGATGTCCAGAATCACAACTACAACATAGTTTT

>linker\_sequence\_517

CAGAACCGTCTTCCTTGTGCTGTTTATGATGTCTTTTGTCTCCTATTGTTTTCGAATTTTATTTTTTTTTTTTTTTATTTTTTTATTTTTTTTTGTTTTATATAATTCCTCGCGCTGCCTTAATGATAATTCTTGATTTACTAATTGTTT

>linker\_sequence\_518

CTGTTCTCGCGCGTTTTTTTTTTTTTTTTGCTTTTTTTGGTTCCTTTCGCGGATATCGTATTATCGATATTACAACAAAAATGTTTGGAGATCTCCTTCGCTGTCTTTAAGTAAAAGGCTTTAACCGCTTATTTTTCTCTCTTTTTTTCC

>linker\_sequence\_519

GTCTTTTGTCTCCTATTGTTTTCGAATTTTATTTTTTTTTTTTTTTATTTTTTTATTTTTTTTTGTTTTATATAATTCCTCGCGCTGCCTTAATGATAATTCTTGATTTACTAATTGTTTCATGACTTCTGGTGCTAAAGGGAAGGGGGA

>linker\_sequence\_520

GTGAGATGCCCAAGTGAGAATTTTTTTTAAATAATGATGTACTTTAATACAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAAGGAATGATAACTCTATTTAAGTAGATTATGACATTGTAGTAGAAGAGGGCGTGCTAC

>linker\_sequence\_521

CCAGAAAGTTAAAGGGCAAAAAAGCTCACATGACACGCTTGTTTTGGAAAACGTCATAGAAAAACCACGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAAAGGGCAGCTGCCAACTAGTACACACTACACAGATATTTAT

>linker\_sequence\_522

TTTTTTTCTTTATTCTTTTTTCTCCTCTTTATGAATACAGATATTCAATTTTTTGAATATCTGATTGTTTTTATTTTCATTTCAATTTTTTTTTTTTTTCAATTTTTTTTATCCGATCGTTGCGCCAAGCTTCTATCGCTTAAAACAATG

>linker\_sequence\_523

TTCCTTATAACTATCGTGTTTATTTTCTTAGTGGTGGTTCTTTTATTATTACCCGTTTTCTTCGGTAATATTTTATAGTGAAAAATTTTGGTAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAATTTTTTTTATTTCAAATCTCATCTCATCTCTTAAAA

>linker\_sequence\_524

AAAAAAAAAAAAAAAGGTGAAAGGAAGCGAGCATTAATTTTTTATTTTAATATGTAACTGTGATATGTATTAACAAAGTATCTTTCATAATTTTTGACGAATATTTTTACTTCTTTTTTACTATTGAAGGTTGGGCTGTGATTCATCGCG

>linker\_sequence\_525

GAGGCGAAATCGATCAATTAGTTGAACAATTAACTTAAAATCTAATATATATAAATATATATATATATATATATAGGAAATATACGGCACGTTATACTAGAGATATTAAACATCCCAACTCGGTTAATGGGTACAATAAAAAAAAGAGGG

>linker\_sequence\_526

CCGCGCGGGAATTCACATTGCAGTATGGACGGACATCCGGCCATCGCGCGCGGGCCCGGTATTTGATCTCCGTTTTAGAAGCACAGAAAAAAATAATATGATGTTATGATGTTTAATAGATGGATTCATATCGTCCGGGTAAAAACGCTT

>linker\_sequence\_527

AAAAAAAGAAATGACAAAAAAAGAGAAAAAAAAAAATGAAACTACATAGTTAATTAATAATAGAAGTATTTGTCAATAGTATGATAATGAAATCGATATTATGGAAGATATTAACCGCGCGCCGTATTAGTGTACACTATATTAAACTAC

>linker\_sequence\_528

CAATGAAATTTCAATATCGCATATAATAATTTTTGTTATCAAATATATATTTTTCGGAAGTCATATACATTAAATAATTAAAACATTATTTTTAAAAATTAAAAAAATATATTTTAGCAAATAGTTTTTACTTTTTTTTAAATGCAAAAT

>linker\_sequence\_529

TTTTACGATAAAATTTCTTCCAATTAACATCCCAGGCCTTGCTTCAATTTATCAATTGGTATATTAACTTTCAACACATTTTGTTTTTGTTTTTATTTTTGTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTCGCGTTTCGTGCTTTAATGAAACAT

>linker\_sequence\_530

TCCTTCATGTACTGAGATACTGCTGCAAGCGAAATATCACGAATAATAATATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATGTTTAAATGTTAACAACCTAACAGCAATAAAAAATAAAAATAAAGGTAGAAGATTGCAAGAAAGAAACTT

>linker\_sequence\_531

ATATTTGTCTTTCAAACGCGGTTTTAACATATCGCGAACAACGGTATTCGGGTAACAGCCTATCACTATTTTTACCGGCGGCTATTTTTCCTAAACCTAGTATATATACGCGAAAATTGGCTACCTGCAAAATTCCAATAGTGGCGAATG

>linker\_sequence\_532

AAAACGTTTTCTTACCTTTTCGGTCTTTTGGACTCTCCAACCAGAAAGTTAAAGGGCAAAAAAGCTCACATGACACGCTTGTTTTGGAAAACGTCATAGAAAAACCACGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAA

>linker\_sequence\_533

CAGGAGAACTTCCCTGTGCATACGGGACAGCAGAGATAGGCTGTTCTCGCGCGTTTTTTTTTTTTTTTTGCTTTTTTTGGTTCCTTTCGCGGATATCGTATTATCGATATTACAACAAAAATGTTTGGAGATCTCCTTCGCTGTCTTTAA

>linker\_sequence\_534

TTAACCGCGCGCCGTATTAGTGTACACTATATTAAACTACATTTTGCTTCTTACTGAATTTATAAATTATGATTATATTATTATTACTATTATGACTACTGTATATATTTTTTAGAATTAGCATCGGGAACCGATGAGCGTTAGCTGAAA

>linker\_sequence\_535

GTTTTGGAAAACGTCATAGAAAAACCACGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAAAGGGCAGCTGCCAACTAGTACACACTACACAGATATTTATGAAAAACACTAACTTCTCCTTTTGGAACTGTTGACGTACC

>linker\_sequence\_536

TGAACCTCAACAGCTACACATTCTTTTATAATCCTTAATATTCTATATATACATATATGAAAAAATAGAAAACGCGAAAACTTGTCATTTTTTTTTTAGGCGTTTTTATAATATACTGAAAATAAAAAGAGGCTCTTTAAATGTTGACAC

>linker\_sequence\_537

TTTTTCACTTTTTTGAGGTTTTATTTATCTTGTATTCTTTTTTTCTATTATTTTAAAGGTTCAATTTCTATCGACGGTTTTTTTAATTATATATATATATATATATATATATGTATATAATGAATGTGTAATATTCCAAGTATACGTACC

>linker\_sequence\_538

AAATATATATTTTTCGGAAGTCATATACATTAAATAATTAAAACATTATTTTTAAAAATTAAAAAAATATATTTTAGCAAATAGTTTTTACTTTTTTTTAAATGCAAAATAAGTTCACGTGATATTATTAATAATATTTTACCCAAAAAT

>linker\_sequence\_539

TCTGCATGGCGCTTGTTATATACTTCATTCGTCTATTTTGGTGCCGCGCGCCATCATGGTCCGGTAACGGTCGTAGTGAATGACTCATATTTTTCCATCTCTTTCGGCCTTGCCAAAAAATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_540

AAAAAAAGATCGGGGTGTAAAAATTCTATGCCAAGAAAAAAATTAAAAACAAAATAAAAAAAAAAAGAAACTTGCGGCTCTTCACTCTTAAAAGACAAAAAGTATTAGGATGATAAAAAAAATTCATAAAAAAAAAAAATTCTATGGCCT

>linker\_sequence\_541

AAATATTGGGAGGTTTTAACTAATTTTTCCAGGATATTTCAACTTTTCATAAATCAAATTTTTTTTACTTTTTTTTTTGCTTTGCTATAGTATTTTAGAAAAGGACAAAAAAATACGAAAAAAGACAAAAAACCATATAAAAAAATTGAT

>linker\_sequence\_542

TGCCCCATTGATTCAAATGTCCATGCGCGTTGATTGATGTGTGATATATATATATATATATATGTATATAGATGTATATTATTATGTTCAGAGGTGATTTTATCTTTGTACGCGTACCATTTTTGTAAAGTGACCTTGTTTTGACTTTTT

>linker\_sequence\_543

CGATTAATCTATTGTTCAGCAGCTCTTCTCTACCCTGTCATTCTAGTATTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTTTACTTTTTTTTCTTCTTGCCTTTTTTTCTTGTTACTTTTTTTCTAGTTTTTTTTCCTTCCACTAAGCTTTTTCCTTGAT

>linker\_sequence\_544

GGCTTCTTGTATATGATTCTAAAATAATGTGTGAAAAAAAAAATAAAATAAAAAAAAGAGGAAAATAATATAGAATAACTATTAAGTTTCATTAAAAAAAAACCATTTGAATATACGACCAAAAACGTTACGCTTTCATAAAGTGTGAAT

>linker\_sequence\_545

TAACTCTTTTTCTAATAGGGGCAACTTACTTTTGTTTTCTCATTTGGCGAAAAAAAGTAAGTAGAAATAAATAAAAAAATAATATTATAATGTGCTGTATATATAAATACAAATGCGAAAGCTAATGCAGATTTTGCCTAGTACTCTCTA

>linker\_sequence\_546

ATAGAACCTTTTTTTATCTTCTTCACTTGTTCTGTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAAGTTCCACGAAAAAATTTTCTCGTTTTCCTTTAGTCACTCTTGTCACATAAGGATTATCCGAACCCCGCCCCGCGGAATTAATTAG

>linker\_sequence\_547

TGTATTCTTTTTTTCTATTATTTTAAAGGTTCAATTTCTATCGACGGTTTTTTTAATTATATATATATATATATATATATATGTATATAATGAATGTGTAATATTCCAAGTATACGTACCTTGGGTTTATATTTTTTAACTTGTATATTC

>linker\_sequence\_548

AACTATTTACTTAACTTTTAACTCGGGAAATATGTATCACTATACTAAAAAACATTAATTTAATCAAAGAAAAATAAATTTAATGTATGTATCTATATATATATATATATATCACTTAAAACAGACAATAGCCATAATCAACTGGGTTAT

>linker\_sequence\_549

GGGGTCTAGTCGACATGTTTGCTTGGTGTCTTAGCAGCTCTTATAGTTCTAATGCTATAACTAAGAAAGTAATAATAATAATAATAAAAAGCTTTATATAATGTTTTATTATGGAAGTTTCGTTTTTGTGGCGCGACGCGATCAGCCAAA

>linker\_sequence\_550

AGGTTTCATGATGGAAACAAACTATAAAGGATTGTCTTGTTTCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTTTTTTTATGACTAAATAAAGTAAATCATATGAGGTTTTATTTTTTATTTCGTTGATTTGGGTTACAGTATGGAAATGGGGCATT

>linker\_sequence\_551

TTTTTTTTTTTTTTTTGGTTTTACTTTTTTTTCTTCTTGCCTTTTTTTCTTGTTACTTTTTTTCTAGTTTTTTTTCCTTCCACTAAGCTTTTTCCTTGATTTATCCTTGGGTTCTTCTTTCTACTCCTTTAGATTTTTTTTTTATATATT

>linker\_sequence\_552

TTTTATTATTACCCGTTTTCTTCGGTAATATTTTATAGTGAAAAATTTTGGTAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAATTTTTTTTATTTCAAATCTCATCTCATCTCTTAAAAAGGTTTATTCTGTTTACTCAAACTCTTCATCAAAAACAAA

>linker\_sequence\_553

CCCAAATTTTTTATGCATATACAAATGTTGAAAAGAAACGAATATTATTAGCAAGTAATATATAGTATATAGTATATATATATATTTATATATGTAAACATATAATGAATATATAAATTGGTATGTAAAAGAGTTGCGAGCTTCATGGCG

>linker\_sequence\_554

CTTTTTTTTATTTAGGAGAAACAATATATATATATATGTATATACGTATGTATGATTCATATTTTAATCGCATTTTTATTTCATCTAAAACAATTACTCTTTTTGATTATTTATAGAAAAAAAACAACAATGATACGTTTGCTTCGCGTT

>linker\_sequence\_555

TGGAATGAATGGCAATATTCTTTTTTAGGTTAACCGGCCGGACAGTAATATAGTAATCGTTTTGTACGTTTTTCAAGAAGCGACGCACAACTGTTTTCCATTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTGATCATCGTCCATGAAAAAAATTTTTCA

>linker\_sequence\_556

AATGACGGGAAAAGAACACGGGAAACGCTACTATTGTTGTATAGTGCGATATAGAACCTTTTTTTATCTTCTTCACTTGTTCTGTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAAGTTCCACGAAAAAATTTTCTCGTTTTCCTTTAGTC

>linker\_sequence\_557

AAACATTATTTTTAAAAATTAAAAAAATATATTTTAGCAAATAGTTTTTACTTTTTTTTAAATGCAAAATAAGTTCACGTGATATTATTAATAATATTTTACCCAAAAATATGAGGGCATCGGAAAATTTTTCAGTAATGAATATTAATG

>linker\_sequence\_558

AAAAAAATACAGTTGTTCTTTACGTGCATCGATCATATAAGAAAAGGGAAAAAAGCCGTAAAGTAAAAAAATAAAGAGCTTTCCATGGCTGGTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAGACTACAGCAGGTATTACCCGGAGTGAA

>linker\_sequence\_559

ATTATACGCGGGGATCCGGCGTCACAAGCCACGGCCCGTCCCGTCCGCGTGGTTTTTAATTCTGGCTCCGCGTAGTACATTTTGTAGCTTGCCTTTTTTCCGGCTTCTAGAAAACTGGAAAAACCATAAGAAAAAAATGGGAAGGGGAAA

>linker\_sequence\_560

TTTAATTCGGAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAACATAAGGAAATTTTAATTAAATAGTCTATCTACACATTTCCTAAAAGAAAATATTATTGCATTACTTTTTTGAAGATCTATAAAGGGCACTGTCTTACTTTTTAAAATCTGACCCAC

>linker\_sequence\_561

CATCTACAAGCCCTATACCGAGGAAAGCGAATAGTCGCCATGCTAAACGCGCGGAACAAGGCCATATTTATATATTTAATGCTTTTAACTATTATTAGTTTTTCTCACCCAGGGCTGGTTTCTTTACCCTGTGTGATGAAAGTGCGCGCC

>linker\_sequence\_562

AAATCTGTAACTTTTAAAACTTCTGTTTCCGAACTCCTCATTTTTCATGCATAAATATATAAATATATATATATATATATATAAAGCATACATTTCAGTACCATGGGGTATATGATCCTCCCATTACGTATTCTAAAGTTCGCGTTTTCT

>linker\_sequence\_563

TTTATTTTTTTTTCTAGGAATAAAAATGAAGAACGGGAAGAAAAGGAAAAATGAAAATGAAGAATATGAAGAGTAAACCTACTTAAAAAAAAAAACCATACTTTAGTATTTAATGTAGCTACCACGCGTATTCGATACACTATTATTTTT

>linker\_sequence\_564

AAGATGACAAGGTAATGCATCATTCTATACGTGTCATTCTGAACGAGGCGCGCTTTCCTTTTTTCTTTTTGCTTTTTCTTTTTTTTTCTCTTGAACTCGAGAAAAAAAATATAAAAGAGATGGAGGAACGGGAAAAAGTTAGTTGTGGTG

>linker\_sequence\_565

CCCAGGCCTTGCTTCAATTTATCAATTGGTATATTAACTTTCAACACATTTTGTTTTTGTTTTTATTTTTGTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTCGCGTTTCGTGCTTTAATGAAACATGTGAAGTGTTTCGCAATGACTAAGTAGCCT

>linker\_sequence\_566

AAAATAAAAAATAAAATTTTTTTCTCCCGATAATCAATTTTCTTAATTAATTAATTGCGTTACGATTCCGTTTTTTTACTTCTTTTATCTCATTATCTATCTAAGTTATTTAAAAAAAAGAAAGAACTTTTTATGAACTTTCCTCTTTTC

>linker\_sequence\_567

CACCAAAACCAAGAAAGTAGTTGACAAAAAAATGAAAACCACTATTATTTAAATTACGGAAAAAAAAAAACCAATAAACAAAAAACATAATAAAAGAAATGAAAAAAAAGAATATTAGTAGAGCATACTGAATTGTTTTCAGAAAGAGAG

>linker\_sequence\_568

GAAATACTTTTTGTTACCCGACTTGTAGCTTCATTTTTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTTATTTTGTATTGTTCTTTGAAAGAATCATGCATGGAAGCAATAACTATTATACGGAAGTTATATACAAGAAATCATTATATAGTTA

>linker\_sequence\_569

TACCACCTATGGGAAAGGCAGTAACTCACAAGCATTCACGTACATAATTCTGTTTTTTTTTTTTTTATTCATTTCTAGCACGCTATCGGGGTTATTTTTTTTTTTGTAATATATAGTGATGGTATAATGTTGTATAGATACTGGTATCGC

>linker\_sequence\_570

CAAATAAGTCAGTTTTTTTTTTTGTTTTCACCATAACAAAGAGATGGAAAGTTATACTAGATAAAGATTTTTAAAAAATATAAAAGAAAATAAAACGAAATTTATATTTTACACAGTGCATCTTGTCCCTCTCTTTCTCGCTAAAACTTA

>linker\_sequence\_571

CCAAGAAAAAAATTAAAAACAAAATAAAAAAAAAAAGAAACTTGCGGCTCTTCACTCTTAAAAGACAAAAAGTATTAGGATGATAAAAAAAATTCATAAAAAAAAAAAATTCTATGGCCTCAGTTCTCGAAGAGCCCATTTATAATTGTT

>linker\_sequence\_572

CCATACTCTTTTTTTCCTAATCCTTTTCAAGTTTAAATCCATGATTTAATATCTATTTATACATATAAATAATATAAGTAATGGTTTAATGCATTGTTTCAAAAAAAAAATAAAAAAAAAAGGGAAGAAATTATATATAAATATACTTCT

>linker\_sequence\_573

TTTTTAGTACGAGGTGTACGGACAAAAGATACTAACGGACAAAACGCGGTTGCAACTGAAATTTTTTTTTCACTATTTTCGTAGGGCACATTGGTGTAAATATATATATATATACTCAAGGTTCATCTCGTTTTTTTTAATATTCTTGTT

>linker\_sequence\_574

TTTCTAATTATTCCGTTAGCGCCGCTTACTTTTAATGTTCTTAAGATAAAAAAACATCATTAATATTATTATTAAAAAATTCATATATATACCTATATCTATATGCACTATTTATGCTTCCACTTTTCTTTTCTTTCTAAATACATCATT

>linker\_sequence\_575

GAATAATAATATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATGTTTAAATGTTAACAACCTAACAGCAATAAAAAATAAAAATAAAGGTAGAAGATTGCAAGAAAGAAACTTTACAATATTTTGTTTGGATGCCCAACACCGGCGTCTTGGT

>linker\_sequence\_576

GGACATCCGGCCATCGCGCGCGGGCCCGGTATTTGATCTCCGTTTTAGAAGCACAGAAAAAAATAATATGATGTTATGATGTTTAATAGATGGATTCATATCGTCCGGGTAAAAACGCTTTTGGAGAAATCAAGGAAAATCGCCGAGATC

>linker\_sequence\_577

TGGAAAATGAGCCAAAAGATTCTTTTGCTTGAGCACAGAGGTGAGATGCCCAAGTGAGAATTTTTTTTAAATAATGATGTACTTTAATACAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAAGGAATGATAACTCTATT

>linker\_sequence\_578

AACATTAATTTAATCAAAGAAAAATAAATTTAATGTATGTATCTATATATATATATATATATCACTTAAAACAGACAATAGCCATAATCAACTGGGTTATTATTATACAATATTAAAGGAAGAACGCATATTTGAAAAAAAAATAAAATG

>linker\_sequence\_579

GTAGTGAGGCGATTAGATGTCGTTTTCATGTACAATAATGATATTATTTTTTTTTTTTCAATTTTTAGTATTTTACATGGCATTCTTACACTTTTATAAAGTATTATTTATATTACTAGTAGCAGTAAGTGATCGCCCTTTTTTTTAGCA

>linker\_sequence\_580

ATTGTCTTGTTTCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTTTTTTTATGACTAAATAAAGTAAATCATATGAGGTTTTATTTTTTATTTCGTTGATTTGGGTTACAGTATGGAAATGGGGCATTTGACACAAGTTATTTTATTCATATGTTTTA

>linker\_sequence\_581

ATAGAGAGCTTTTAATTTTTATTTTTTTTCACTTGTATTTTTGACGGGCTATTAATTTTAAATGAAACTTTTCTACATGATGGAACATAAACATAAATATAGGTATAGATAAATTGTTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTCTTTAAGAGAAAG

>linker\_sequence\_582

TAAAAAGAAAAAAGCGAATATTTCAACACTGTGTTCTAAGAAAAGGCTCTATAGCTTTTTTTATTAGTTTTATTAATTTGAAAAATGCCTTGTTTGTTTTATATATATATATGTGTGTATTTAGGGCAGCCGCGGCCAACAGGGGGTATG

>linker\_sequence\_583

ATTTTTTTTTTTTTTTATTTTTTTATTTTTTTTTGTTTTATATAATTCCTCGCGCTGCCTTAATGATAATTCTTGATTTACTAATTGTTTCATGACTTCTGGTGCTAAAGGGAAGGGGGAAAAGGGAAGCGAAAACTTCAAGAGCAGAAC

>linker\_sequence\_584

TATACTTTTCCCTGCATAATCATCCCACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTCATTTTCAAGATTTTAGACGTTGTATAATACATTTTTACCCACTACTGCGGTTTATTGTAATATTTTGTGAGATTTTATGAATGCGTTCCATCATCTAT

>linker\_sequence\_585

GTGTCATTCTGAACGAGGCGCGCTTTCCTTTTTTCTTTTTGCTTTTTCTTTTTTTTTCTCTTGAACTCGAGAAAAAAAATATAAAAGAGATGGAGGAACGGGAAAAAGTTAGTTGTGGTGATAGGTGGCAAGTGGTATTCCGTAAGAACA

>linker\_sequence\_586

ATGAATACAGATATTCAATTTTTTGAATATCTGATTGTTTTTATTTTCATTTCAATTTTTTTTTTTTTTCAATTTTTTTTATCCGATCGTTGCGCCAAGCTTCTATCGCTTAAAACAATGACACTTCGCTGTGAAATGACACAATGGCTT

>linker\_sequence\_587

TTGAATATTTGGAATGAGAAAGAAATATAGTTACATAATGTACAAAAAAGAAGCAAGAAAGGAATATATATATATATATATATATATATATATATGTATATTGTTATTTAGAATATCTCTCTCTCTTCGAGAATCTCTATATCCTCGAAA

>linker\_sequence\_588

GAAAAGAAATTCTTTATTTCACAAAAATTTCTCCCCACTTTTAATGTAATTTTTCTTTATATAATATATATATATATATACATGAGTATCAATACAATATAACCTAATCTAGCTTTTTATCCAATGGACTTGACTATCATCAGTACTAGA

>linker\_sequence\_589

TCGTAGTGAATGACTCATATTTTTCCATCTCTTTCGGCCTTGCCAAAAAATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAAAAACGATGTCCAGAATCACAACTACAACATAGTTTTGCCTCTTACTGGCTTGATTGGAAGTTAGCT

>linker\_sequence\_590

TTAGCAGCTCTTATAGTTCTAATGCTATAACTAAGAAAGTAATAATAATAATAATAAAAAGCTTTATATAATGTTTTATTATGGAAGTTTCGTTTTTGTGGCGCGACGCGATCAGCCAAAATCAGCGGAAAAATTCGTCGGAACATTTTT

>linker\_sequence\_591

AAAAGCAAGAGCAGCAAGAGCAGGACAAAAAGAAAAAATCTAACCATTAAAAACGGCGATATATATTGGGCATAAAACCTATATAAAATAACAGCAATAATAAAAATGCAAAATATAACATAGCACGGTATAGTTAGCTCATATATGTTT

>linker\_sequence\_592

GAAAATCCTACTCTGTAATAAAATAATCCCGGGGTAATGGATTGGATTTTTCTATCAGGATCGTTTACGTATATATAATACACTGTCGGAGTTTAGCGCGCTTACAGCCGCTACTTGTGGAGTCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGGTT

>linker\_sequence\_593

AGTTTTTTTTTTAATGTTCTTCTCTCTCTTCTTCCTGTTTTTTCATGGCAATAATTTTGACTAGTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTCTTTTTCATTATTACTTAAGTTCTGTAAAGATATATGGAAGAGAAAATAAAAAGAATA

>linker\_sequence\_594

CCAGTCTTTTGTCTCTTTTTTTTTTTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGCAGCATTATGATAGAACAATAGGGCTCAAGATCGCACCAAGGCTAACAGTAACGGTATACGCAATCGTAGTGAAAGTGATTTTCAATCAAGCATC

>linker\_sequence\_595

ACCATTGACGACACTGCCTCCCAAATTTTAAAATTTGAGGGCAGAATATAAACTTTAAATGAAAATAGATAATATTTATATATATTAACGTTATTACAATTATTTTTTATCATCTAGTACATCTCTGCGCATTTTTCTCTTCTATATACA

>linker\_sequence\_596

CGGGCAAAGCGAGACGATGCAGTAATCAGCGGCAATGAACTACGTATGTAAAAAAAAGATCGGGGTGTAAAAATTCTATGCCAAGAAAAAAATTAAAAACAAAATAAAAAAAAAAAGAAACTTGCGGCTCTTCACTCTTAAAAGACAAAA

>linker\_sequence\_597

CTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCCTTCATTTTGACTTTTCCTTCTGTGTTAACATGATGAGTTTATACGTGCATCCTAACTAGTAGAATGTATATATATTATATTATGATTATATATATAATTTTGATTAAAATAACAATTAT

>linker\_sequence\_598

ATCTATAGGGCATATACAAAAAAAAAAGGTAGGTGTAAAAGATAATAAAATACAACCCTATTAGCTTTGATAAAAAATTAGTAGGGTTAGAATGTCATATGGTAGGGTGATATAAACGCGTGAACTTTACGCGTTTATATGTACTAAGTT

>linker\_sequence\_599

AAATTTGAGGGCAGAATATAAACTTTAAATGAAAATAGATAATATTTATATATATTAACGTTATTACAATTATTTTTTATCATCTAGTACATCTCTGCGCATTTTTCTCTTCTATATACAGCTTAATATGTCGAAAACGCGAAGCAAGAA

>linker\_sequence\_600

AAATTTTTGTTGTGCACAAAACTAGTTATTGTACTTCCCGCCTTTGCTAAAGACGCGTAAGAAAAAAAAGTACAAATAATGCCCTATAAAGAAAAAAATTTAAATAAAACGCGAACTTAGTTTGGACGTAATACTTCTCCTTCTCGGGCC

>linker\_sequence\_601

CTTCTAAAAATAACGGAGTTTGAATCTCTAAATCTGTTTTAACTTCTTTTTACTATTATTTTTAGTCTTAGTATCTCATCTCATCTCAATTTCTATATTCCACTATAAAATTTTTCACTCTTTCTGCGCGCGCCAATGTCCCCGCAACTA

>linker\_sequence\_602

TTCTGTCTCTGTTATATTTCCACATGTCATCATTTCAAATATATGTACTTTAAAGAAAATAAAATAAAAAATAAAATTTTTTTCTCCCGATAATCAATTTTCTTAATTAATTAATTGCGTTACGATTCCGTTTTTTTACTTCTTTTATCT

>linker\_sequence\_603

TTTTTTTTTCCCTAATGCATACATGATTTTTACGTCTTTATATAATACTGTTCTATTCATATTCTAGCCTAGTTTAATTATAATAATATCTATAATGTTTTTTTATATATCCGCATATCTGTGAGCTTGGGTATACAGAAAAAAATGGCA

>linker\_sequence\_604

TCAATTTCTATCGACGGTTTTTTTAATTATATATATATATATATATATATATGTATATAATGAATGTGTAATATTCCAAGTATACGTACCTTGGGTTTATATTTTTTAACTTGTATATTCTTTTACGATAAAATTTCTTCCAATTAACAT

>linker\_sequence\_605

AACTTTTCATAAATCAAATTTTTTTTACTTTTTTTTTTGCTTTGCTATAGTATTTTAGAAAAGGACAAAAAAATACGAAAAAAGACAAAAAACCATATAAAAAAATTGATTAGAAGAACTTATAATGGCATTGGCAAATTCCAGACCTTT

>linker\_sequence\_606

AACTAATTTATCACCGCTAACGTTACGCGTTTGGCGTCCTAAAAAAAAGAAGGAAAAAAAAACCTATTTATTCACTCTATTTCGCCATAAAACGACATATAAATATTATACAGATGATGAAAGCCCACAAATTATGTTTAGTAGCGTTCT

>linker\_sequence\_607

ATCCTTAATATTCTATATATACATATATGAAAAAATAGAAAACGCGAAAACTTGTCATTTTTTTTTTAGGCGTTTTTATAATATACTGAAAATAAAAAGAGGCTCTTTAAATGTTGACACTCTACTCCAATATCAACTGTAAAAAATCTC

>linker\_sequence\_608

AAAAAACACATTTCTTAACAGATGGCTGAAAAATTTTTTTTTTTTTTTTGGTTTTGCTTTGTATACACATGTATCTATTTTTATAAAGATGAAATATATACGTCTAAGAGCTAAAATGAAAAACTATACTAATCACTTATATCTATTCTG

>linker\_sequence\_609

TACAATATTTTGTTTGGATGCCCAACACCGGCGTCTTGGTGTTCTTCTATAATATTTATTTTATTTATTTTTTATTTATATATGTACATATATATTCCTATTATCTATTAAGAAAGTAAACTTAGTGTAAATCTACCACTGTTCCAAGGC

>linker\_sequence\_610

TGGCATTAACTTTATTTGCCCACTTATATTTAGAGATCTTGAAATACTTTTTGTTACCCGACTTGTAGCTTCATTTTTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTTATTTTGTATTGTTCTTTGAAAGAATCATGCATGGAAGCAATAACT

>linker\_sequence\_611

AAATTTTTTTTTTTTTTTTGGTTTTGCTTTGTATACACATGTATCTATTTTTATAAAGATGAAATATATACGTCTAAGAGCTAAAATGAAAAACTATACTAATCACTTATATCTATTCTGGTGATTCATCATCTTCAGCTTCTGTATCCG

>linker\_sequence\_612

GAAGTGAAACGCGGGGACAACCATGATCTTTTTTGAGTAGGATAATTTTTTATGTCGGTTTGATATATTATAAAGCAAGTCATATATAATATCATACTGATTTTAACCAAACGATAATCAATCAGAAAAAGAAAATAAATAAAAAATCTA

>linker\_sequence\_613

TTTGTTTTCTCATTTGGCGAAAAAAAGTAAGTAGAAATAAATAAAAAAATAATATTATAATGTGCTGTATATATAAATACAAATGCGAAAGCTAATGCAGATTTTGCCTAGTACTCTCTAGAAATAGTAATGTCCCTTTCCAGCTCAACC

>linker\_sequence\_614

GATCATATAAGAAAAGGGAAAAAAGCCGTAAAGTAAAAAAATAAAGAGCTTTCCATGGCTGGTTTTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAGACTACAGCAGGTATTACCCGGAGTGAAAAAGGTTTCTCACACTAAAATTTACGTGTT

>linker\_sequence\_615

AAAAATATTAAAATTGAGACCAAATAAAGATCCTGAATCATAATATATACGTGTGTACTTCACTTTCTATAGAGGAAAAAAAGCTAAAAAAAAAAAAAAATGATAAAATAAACGAAAAAAACCATAAAACGATCATGATAGAATAATGTA

>linker\_sequence\_616

GACATATCATGGTTGCCATGGGACACAAAAACGTAGCCACAAAAAAAAAAAAAAAGGTGAAAGGAAGCGAGCATTAATTTTTTATTTTAATATGTAACTGTGATATGTATTAACAAAGTATCTTTCATAATTTTTGACGAATATTTTTAC

>linker\_sequence\_617

TGATGTGTTCATTTTTTTATTGATAAAAATAGGGGAAAGTGTCTATATATTTTGCGTATAAAATTCTCTACATTTTTTTTTCTTTGTTTAGTATGTGTATTGAAACATTTTATTTATAGGTTAGAGAAACAAAAAAAAAAAAACTGCAAT

>linker\_sequence\_618

TCTGTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAAGTTCCACGAAAAAATTTTCTCGTTTTCCTTTAGTCACTCTTGTCACATAAGGATTATCCGAACCCCGCCCCGCGGAATTAATTAGTTGGCTAGATTCATGCTTGGTAGAATGAAT

>linker\_sequence\_619

TATTAAAGGAAGAACGCATATTTGAAAAAAAAATAAAATGGGTAATGAATTTTAGCACAAATACTTCACAAAAGGAAATATACTAGTAGTAAATGTATATATTTATATGTTTATACAATGAATGGTACAAGAAATTTTGATATTCTTGCT

>linker\_sequence\_620

CTGAAGTGTGTGGTCGGTAAAACAACAGCGTAGATGCTTTTAAAAAAATTGTAGTATCACAGTTATATGTATAGCAAAGAAAAAGAGTCGCCTCTAAAAAAAAAAAAAAACTCCATAAAAACAACAAAAAGAGACGGACGCGGTTAACGA

>linker\_sequence\_621

ATATTAACTTTCAACACATTTTGTTTTTGTTTTTATTTTTGTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTCGCGTTTCGTGCTTTAATGAAACATGTGAAGTGTTTCGCAATGACTAAGTAGCCTCCACAGATGATCAGCAGGTATTGTACTTTA

>linker\_sequence\_622

AGTTGGTATATGCTGCACGTGTAGTCTAATGTTCTTTTCTTTTTTTTCTTTATTCTTTTTTCTCCTCTTTATGAATACAGATATTCAATTTTTTGAATATCTGATTGTTTTTATTTTCATTTCAATTTTTTTTTTTTTTCAATTTTTTTT

>linker\_sequence\_623

TATAATTATATGAGTTTTGAAAAAAAGTACTGGGCATCATTTAAATAAGCGGGCTAAACTTTGTTTATGTTTAGGTTAACGATAGACATATTTATTTTTTTTTCTAGGAATAAAAATGAAGAACGGGAAGAAAAGGAAAAATGAAAATGA

>linker\_sequence\_624

CCAATACCCGCGGGCAGTAACCGCATCTTTGGAAATACCGGGTAATAATAAATGCCCGGGAAAAAAGAGCATAAAACAGAGAGGCGATATAGGAATGAATATGTGCTATTTACGGAAGGGAAAAACACTTATTGTTTTTCTGAAATGTGA

>linker\_sequence\_625

AGAAAAAATCTAACCATTAAAAACGGCGATATATATTGGGCATAAAACCTATATAAAATAACAGCAATAATAAAAATGCAAAATATAACATAGCACGGTATAGTTAGCTCATATATGTTTTAACGAGCCTTACATTATATCATTTAATAC

>linker\_sequence\_626

TAAGCAACTAGTTTAGCACAACATCCAACCAAGAGGTTTCTCGCGTATTTCTCTCATTTTTTTACCCATTTTACAAATTTTTTTTGCTATTTGAGCCATAGTACCCATTAATAGGTCTCGTCCATTCCCTTGTTTTTTTTTTATTGTTTC

>linker\_sequence\_627

ATCGCGAACAACGGTATTCGGGTAACAGCCTATCACTATTTTTACCGGCGGCTATTTTTCCTAAACCTAGTATATATACGCGAAAATTGGCTACCTGCAAAATTCCAATAGTGGCGAATGTATTGGAATTAATCTGCAAGGAAAATAAGC

>linker\_sequence\_628

GTATAAACAAAGCCAAAGACAAGTTCCGCACTCCATCAAGTGAACCTCAACAGCTACACATTCTTTTATAATCCTTAATATTCTATATATACATATATGAAAAAATAGAAAACGCGAAAACTTGTCATTTTTTTTTTAGGCGTTTTTATA

>linker\_sequence\_629

CCTCTAAAAAAAAAAAAAAACTCCATAAAAACAACAAAAAGAGACGGACGCGGTTAACGAAGTAGTAACTTGATGAAAATGAATAAAAAAGAATAAAATTAACAAATAGAAAAGTTGAATCTTTTAAAACTCAAAGTCGCCATCGATCAA

>linker\_sequence\_630

CAGTTTTTCGTTTCATCATCATCATCGTATTATTATTATTGTTATTATTATTATTATCATTACTTTTATTAATATTAACTATTTTTTTAGTATGATTTCGGGTATATTTATTTTAATTAGATACTTTTAACCGTTTCAAACAATTAAAGG

>linker\_sequence\_631

GGTGAAAGAAGATGCGCGTTTATGGGGAGAAAACCCGTAGAAAACGCGAAAAGCCGCTGAAAATACAAAGGGAAAAAGCCGCTCTCATTTCTTATTTAGGAAAAGAAATGAGCGGGGTAAACGGAGATCGCTGCGGACGGAAGGCGCGAA

>linker\_sequence\_632

ACGAAGTTAAAAAAAAAAACAAGAAAAAGAAACAAGATCAAAAGAAACGATAAAGGCTGGCTTATAAAATAATAGCATCGCGAACGATCAATAAGGGGCCCTGTTTATTTTTAACAAAGTTTACATATTTCGTTTTCCTCTTTAAGCTGA

>linker\_sequence\_633

AGGAATAAAATTAGAATTTTTTTTGAATAATACGAAATAGAAAAGAAAAAGGTATGAAAAGTGCGCATCACGATTTATCATCCTTCTTTAGTGGGGATTTTTTTTTTTTATCTTTTTGTATGTTTTTTCCAACTTCTTTTTTTTTTTTGT

>linker\_sequence\_634

GAATACATCATATAATACGAATGACACAGGGGCACCCACCCATCGCATATCAGGAGAACTTCCCTGTGCATACGGGACAGCAGAGATAGGCTGTTCTCGCGCGTTTTTTTTTTTTTTTTGCTTTTTTTGGTTCCTTTCGCGGATATCGTA

>linker\_sequence\_635

CTTCCTGTTTTTTCATGGCAATAATTTTGACTAGTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTCTTTTTCATTATTACTTAAGTTCTGTAAAGATATATGGAAGAGAAAATAAAAAGAATAAAACCAAAGATAGTGGTACAACTGACGTTA

>linker\_sequence\_636

CTATCATTTTTTCTCGCCGTTTCTAGTAGAAAAGGGCAACTTTTACTTAAAAATCATACAATTGACTTACTTTTTTTTTTTTACACAGATACCTTTTTATTTTGAACTACGCGCAGTTTGAAAGAGGAAGAGATAATCCTATGATTACTC

>linker\_sequence\_637

GTAAAAAAATTTTTTTTTTGAGGTTTTTGCTTCCATTTCTTTAGACTGAACTAATTTATTTTTTTTATTATTATTCAGTAATTTTTATATATTTATTTATGGACTTATTGAGGTGCTTTGGGGGTGATGACGTCCCCAGTGAGGCCCCCA

>linker\_sequence\_638

GTGTGTACTTCACTTTCTATAGAGGAAAAAAAGCTAAAAAAAAAAAAAAATGATAAAATAAACGAAAAAAACCATAAAACGATCATGATAGAATAATGTACATTATTAAGAATGCTTCATTGATGACATGCAGTGCGAAAAGAAAGGAAC

>linker\_sequence\_639

TTGGTTTTATGAGTTTTCACCCCCGTTCTTTACCACATTGTTTCTAATTATTCCGTTAGCGCCGCTTACTTTTAATGTTCTTAAGATAAAAAAACATCATTAATATTATTATTAAAAAATTCATATATATACCTATATCTATATGCACTA

>linker\_sequence\_640

AACAGAAATAGAAAAAAGTTGTATATAACAAGCCAAAAAAAAGAAAAAAAAAGGAAAAAAAAGAAAACACAGCTTATTTCAAATTGCAATCTGCGTATTTCGTAAGTAACGAATGATCTCACAGCATTGCTTTTTTTTTTTTTTATATAT

>linker\_sequence\_641

AAAATTTCTTATCATGGTAGTGATCACAAATAGATCACATGATATATTTTTTATTTTTAATTTTTTTTAATTATAAAAATAATTTTTTTCTTTAAATTAAACAAAAATAAAAAATTGTTTTTTGTTGGTTAAGATTTCCGAAAATAGAAA

>linker\_sequence\_642

TCACGTGTGCAGCATAGTGTGGTATATTGTTTTTTTATATTTTATTTTTTATTTTTTTTTTTTTGCAGAAAACAGTGTTTGTATTATATGCTTTAGATATGCTAAAAAAAATGAAAAAAAATGGAACAAAATATGTGTTTTTTTATTTAA

>linker\_sequence\_643

TTTTTTATATTTTATTTTTTATTTTTTTTTTTTTGCAGAAAACAGTGTTTGTATTATATGCTTTAGATATGCTAAAAAAAATGAAAAAAAATGGAACAAAATATGTGTTTTTTTATTTAACGTTAAAATTAAAGATTAAGTTATTTATTC

>linker\_sequence\_644

TTTTTATGTTACCCGTCCAACGTTCTCACCCGGCTCCGCGCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACCCACACAAAATCCGCGTAGCCGAGATTGCTTATGTATGTTATCATATTGCCTGTTTGAGATATGCAGGATCAGCAT

>linker\_sequence\_645

TTTTTTCAACGGCCGCTCCTTAAAGACCATCCGCATGCTAGAATTATATACTAATATGATTTTGTAAAGATAGGAATATTATAATTATAATTATATTTAATTTAATAAGAAAAGAAACGAAAAAAAAAAAAAAAATGGAATTAAAAAGTT

>linker\_sequence\_646

TGCACGTGGCTGCAGACACATTTTGTATGGAGGGAATGCTTGATTATATAAAGAGCTCTGTTTTTATGTTACCCGTCCAACGTTCTCACCCGGCTCCGCGCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACCCACACAAAATCCGCG

>linker\_sequence\_647

TAGATCACATGATATATTTTTTATTTTTAATTTTTTTTAATTATAAAAATAATTTTTTTCTTTAAATTAAACAAAAATAAAAAATTGTTTTTTGTTGGTTAAGATTTCCGAAAATAGAAATATTATTCAGTTGAAAGACAAAAAAACATA

>linker\_sequence\_648

TCTTAAAAGAATTTTTTTTTTTTTTTCTGTCCTCCTAATATCTTTTATCTTTAATACTGTAGGGGCGCAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTTGCGTTTAGTTTTTCTCTTGGCAAAAGTTTTTCGCACCCCGATCTTTTTTTGCA

>linker\_sequence\_649

ATTTCCAGAAGAAAGTGACATCGATGAATGCACTCAAGAGATTTTATGTGTTGTGAATATGTATATATTTATTTAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCAAAATCATATACCTTAGGCATCCCGTTTCCCTCTTCATCATTTTTGTCCCT

>linker\_sequence\_650

GTGTCTTGCCTAGACAATCTAAAAAAGGCTGCACACCCATGCATCATTCTAAAAAAATTATTTTTTTTCTTTTCATTTACTTTTCGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTCGATTTCTTGGTCGGACGCGATGGCAAATTTTTCATCGAG

>linker\_sequence\_651

CAATTTATATCTGAGAAAGATTCTACACACAGATATATATATATATATATATATTATTGTATATATACATACCTACATTATTTTTAAAGGCTTGCATGATGCTGTTATGTAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAGTGTAACATAATAGACGTA

>linker\_sequence\_652

CCGCATGCTAGAATTATATACTAATATGATTTTGTAAAGATAGGAATATTATAATTATAATTATATTTAATTTAATAAGAAAAGAAACGAAAAAAAAAAAAAAAATGGAATTAAAAAGTTTTGCCGTACATAAAATATTGAAAAGACTTT

>linker\_sequence\_653

ATTTTCAGCATTGGGGGCGGGTTGAGTATAGATACGAGAAGCGCCTATTTCGTATGAGGTTTTTTTTTTCTATTATTATGTATATTAGGCATATATATACATATATATATTTTGCATACATATTCATTTTTAAAAAAATGCAACTGCTAC

>linker\_sequence\_654

TCTATCTAAACAGTGGTCAATGGATTCTTCGAGAGCTAAGACCATAGATTTCTTAAAAGAATTTTTTTTTTTTTTTCTGTCCTCCTAATATCTTTTATCTTTAATACTGTAGGGGCGCAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTTGCG

>linker\_sequence\_655

GATACGAGAAGCGCCTATTTCGTATGAGGTTTTTTTTTTCTATTATTATGTATATTAGGCATATATATACATATATATATTTTGCATACATATTCATTTTTAAAAAAATGCAACTGCTACACGCTTTGAAAGATTCAATGAAAAGTTTTT

>linker\_sequence\_656

GCACACCCATGCATCATTCTAAAAAAATTATTTTTTTTCTTTTCATTTACTTTTCGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTCGATTTCTTGGTCGGACGCGATGGCAAATTTTTCATCGAGAGATTATCGTTATAAAGGCCTGTTGATTTT

>linker\_sequence\_657

CTTCTCATTTTTCATTTCTTTTAAAATTATTTCAGTATAGTTATTATAATTAACATTGGAATAACATTAATAATAATAATTTTTTAATAGTAATAATGATAATAATAATAATAAAAATAAAAGAATAAATTTAAAAACAAAAAAAATTCT

>linker\_sequence\_658

ACAGTGAAATTGATCTCAGGATCATTAGTAATTTTTCTCACTATAAGAAAAAAAAAAAAACATATATTTTGCTATGAATTATAATAAGTAAATATATACATATATATGTACAGAGAAACTGACGAAGAAAATAAATCACCCGTTAATGCT

>linker\_sequence\_659

ATACCTTGATGGCTGAACAGTAGTCAGAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAGCGCTTATTACGGCGTATACACGTAACTATATAGACGTAGATCATTGAATATTGATATGATATAATATTTTCCCCGGGATTGCAGAATACTGACACGCCTTT

>linker\_sequence\_660

TTTTTTTATAGTATTACTTTTTTGTGACATCAAAATGAAGCACTAAATAATTATAGAAAATATTCAGCAAAAAAAAAGAAAAACCTTCTTCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAATTCAAAAAAAGACACCTTTCTACCTTGGCAGTAAATTTC

>linker\_sequence\_661

TGAAAAAATAGAAAGAAAAATACCCATTTTTTCAAGGAAAATAAAATTTATATATTACATACATTTCTATAAAACAGTTTAAATTCAAAAATATAAACAAAAACATAAAAATAAGAAAAGTTCAAGTCTTCGTTATTTTCTGTTTGTGGA

>linker\_sequence\_662

AAGTGTATTGCTCAGTAAGTATTATCATCTATTAAAGAAGAATAAAAATTATCATGTATTTATTTACAAGTGCGTATCCTATATATATATATATATATACTTTCGCGATAAAATTTTTTACCAAATACCCTTCTTAACACCTGGCAAATT

>linker\_sequence\_663

TCTATCATTTGAATTGAATATATAATTATATACAGTGAGATATACCAATTGCAGTAACAAAATGGCAAATATGTATATCAGTAATATAATTAGCATATAAAATAAAAAAAAAAAATGCTTATTTGTCACCCGCTGACTGCGTTTCCTTTT

>linker\_sequence\_664

TCCCTTTTTGCCACCCGCTAATACTTTTATTTCTGTTCAACTATATATACATATATATATATTTACATATTTTTACCTCCCTATCTCTATTGATAATAAAACAAATAAAAATCGTATATTTTTGTATATGTATTATCGTTTTGAGGAGCG

>linker\_sequence\_665

GCAAGCACTACGTATCACGACAAACCAACAGCCGCGCCGTTTTTATATTCGGAAAGAGAATTCTTGTCGTTATTGAATAATAATAACAAAATTTCTCCACTTTTCACCATATTACCACTCCCTTTTTTTCAAGTAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_666

TTCTATTTGAATATATAAAATTATATTCTCAATTTTCACGTATATATTCACCTCACAAATAATATCATTCCTTTAAAAAAAAATATGTATTATTGTATAATGTTTCAGCATAGTCGTTTTTTAAGCCCTTTTTTTTAAACTTAAAAAACA

>linker\_sequence\_667

GAGAACCAAAAAAAAATTAAAAAACGTGAAAACGATGGTTTAACAACTTTTTTCGAATTTGGTATACGTGGAAAAACGAATGTATAGATGCATTTTTAAAGAATATATATAAAATTTAGTAATTGTATTCCGCGAGCGGCGCAATAGGTG

>linker\_sequence\_668

AAAAGATACTTTTTTCTTTCTTCTTCTACGTCTCCTTTTTTTTTTTTAAGAAAATTTAACTTATACCACTATTTTGTTCGCAATTGATCAAGAAAAAATACAATTGAAAAGGTTTTACATTTTTAATTTTTCTGCTCATCGCGCTTTTTT

>linker\_sequence\_669

AAAAAAACACGTCCCAAAACAGTCCTTCTTTAACAGTCGGTACCAGTAATAAATACTGTGTTGTTTGTTTGCCCACCGCTAAATAAACGAACGGCGAAAAAAATAGGCGGCAAAAGGCGGGTGATTCGAAAAGTATCGCGCGCGACGAGG

>linker\_sequence\_670

ATATATATAAAAAAAAAAAAAGCAATGCTGTGAGATCATTCGTTACTTACGAAATACGCAGATTGCAATTTGAAATAAGCTGTGTTTTCTTTTTTTTCCTTTTTTTTTCTTTTTTTTGGCTTGTTATATACAACTTTTTTCTATTTCTGT

>linker\_sequence\_671

TAACTTGTGTCAAATGCCCCATTTCCATACTGTAACCCAAATCAACGAAATAAAAAATAAAACCTCATATGATTTACTTTATTTAGTCATAAAAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAACAAGACAATCCTTTATAGTTTGTTTC

>linker\_sequence\_672

CCAGGAATGCTTTCACAAATTATCCATTCTACATAAAATCTTTTTTTATAGTATTACTTTTTTGTGACATCAAAATGAAGCACTAAATAATTATAGAAAATATTCAGCAAAAAAAAAGAAAAACCTTCTTCTGAAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_673

AAAAAAATGAAAAAAATACCAGAAAAAAAATAACAAATCATATGCACTTCTTCATTAACGATTATGAAGAAGTCTTATTTCTAACTAATATTATTATTATTATTATTATTATTATCATTCACCCCGCTTTCTTTTATTATAATTTGTTCT

>linker\_sequence\_674

CTAATGCATGGCCGGCTGGCCACATAAAAGGAAAAACACTCGATGATGATAAAATATATATTAATAATACAATTTTTTTATTTATTTATTTAATCATATGTATAGATATAGAAAAAGGGCAGTAGAGAAAAGAGGAATAGAAAGGAGAGA

>linker\_sequence\_675

ACTTTTGCCAATTTTTTGCGCACAAAGTGGTGACGTACAAGTTCATCATTTCACGTGTGCAGCATAGTGTGGTATATTGTTTTTTTATATTTTATTTTTTATTTTTTTTTTTTTGCAGAAAACAGTGTTTGTATTATATGCTTTAGATAT

>linker\_sequence\_676

AGCCAAAAAAAATAATAAAAAAAGCATAATTGGAGGCAGTAAAGCATTATAGTCATACACAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAGTAGTAGTAGTAATGGTAATAAAAAAGTTAGAAAAGAAATTAGATACAGA

>linker\_sequence\_677

TCAATGATTAAATGAAATGATGCATATAAGTAGCGCTTTTTTTAATATTATAAGTTTGGATAAAAGTTACCAATTTTTTCGTAGGATATATATTTTAAAGGCACTATATTGAAAATATCATGCATGCTTATATAAAAGCTTTTTTTTTTC

>linker\_sequence\_678

ATTTTTCTCACTATAAGAAAAAAAAAAAAACATATATTTTGCTATGAATTATAATAAGTAAATATATACATATATATGTACAGAGAAACTGACGAAGAAAATAAATCACCCGTTAATGCTTCTTAGGTGCTCTTGAAAGTTTTTATAAAC

>linker\_sequence\_679

GACAGCGATTTCAACAGTTACTACTGTGCTTAATGCCCTTATTTGATAGTTAGTTCTTCTTATAATAAATAATCATTGTATATTGATTATTCGTATAGTATGATATTTAATTGAAAAAAAAATTTTTTTTTTTTTAAGAATATCATTCAA

>linker\_sequence\_680

GCCGCGCCGTTTTTATATTCGGAAAGAGAATTCTTGTCGTTATTGAATAATAATAACAAAATTTCTCCACTTTTCACCATATTACCACTCCCTTTTTTTCAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATCTTATTGCTCCTTAAAAAAGGATTC

>linker\_sequence\_681

TAACACACCTATCAAAAAATTATTCAGCAATTCCAATCTCGTTAGTAAAATATATTCTTATTTTTTTTTTTTTTCTCTGATTGTATTATTTCTGGAGTTTTGACTTATTTTTTTACCACATCGCGCTTTTCGTCCCCAATCTCTCTGATA

>linker\_sequence\_682

CGAAAAATGACATTTTTAGTTTGTGTAAAATTAATTTGATAAATAAATGAATGAAAATGATCAATAATAAGCGAATAACTATATTTTTAATTACCTTATTTTTACAATATTTTTCACTTGCACTTTTATTTTATTTTCAGCGCGCAGCTC

>linker\_sequence\_683

ACTAATGCGTGAATACGCGCTGGCATGTCCCCATTCATGCATACATATATTCGTAAACATACACATATTCATAAAAATTTTCAGTTATATTATATTATAATCTTTTTTTAACTATACAGAGAAGATATTAAAAAAAATGTATCCAAAGTG

>linker\_sequence\_684

CTGCACTCAGGACGGGCCAAGAAAGCATGTAGCGTGAAGAGAAACTAATTATTAAGAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGGAAAAAGGAAAAAGATAAACCAATCATACAATCTTTACAGAAAGGGAGTACTGAGAAG

>linker\_sequence\_685

ATTTTGTTCGCAATTGATCAAGAAAAAATACAATTGAAAAGGTTTTACATTTTTAATTTTTCTGCTCATCGCGCTTTTTTAAAAGGATAAATAAACATTTCTTTAAAAAACATCTTCAATAAGAAAAATCGGTTAAAAAAACTTTTCTTC

>linker\_sequence\_686

AGCGATGACTAAAAGTGAAAAATTTCAAAGCCAAAAGAAAAAAAAAAAAAGAAAATATTATTTCAGCGGCTAATAGTTACCCGCATCAAAATAATATATCTCTGTACGGTAATGAAAATTTTTGAAATATGCGATGAGCTTAGAACTAAA

>linker\_sequence\_687

AGTACCCAGAGACAAAAAAGAAAGAAAAGAAAAAAGAAACAGTCTACAAATTCTATTTGAATATATAAAATTATATTCTCAATTTTCACGTATATATTCACCTCACAAATAATATCATTCCTTTAAAAAAAAATATGTATTATTGTATAA

>linker\_sequence\_688

ATTTTATGTGTTGTGAATATGTATATATTTATTTAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCAAAATCATATACCTTAGGCATCCCGTTTCCCTCTTCATCATTTTTGTCCCTTTATATCAATTTTTTTAGACTTCATATAATTTTGTATCAA

>linker\_sequence\_689

ATTACTTTTTTACATAAAAAATTTCCCATCTCACGATCAAAAACAGGCATGAGAAAAAATCAAAATTTATAAAATTAATTTCTAATAAATTAACTGTAATGACATAAAATAAGAGGCTGCGACAGTCGAATTTTTTCTTTTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_690

AAAAAAAAAAAAAAAAAATCAGTGTAACATAATAGACGTAACACGTTCAATGACATGATAATACTATATATAGTAACGATAAAATGTAAATGGTAATAGATATAATTATATGAATATTTAAGTAATGCATTGATAAGTGATCAATTCATA

>linker\_sequence\_691

TAAGAGGAAAGTATTTGTACAAAACGAAAAACTAAAGGCAAATATATATATAGATGTTGCCGCGCACCTTTTTTTTAATGAATATTCACACAAATATTGAAAATAAAAACAAACAAAATTCAAATAACAACATGTAAGACCAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_692

TGTGTTTTCTTTTTTTTCCTTTTTTTTTCTTTTTTTTGGCTTGTTATATACAACTTTTTTCTATTTCTGTTCTTTTTAGAAGTAATTAATTGGTACATAGGAAATAAATATGAATTATATTAAATGAAGTAAAAGTAAAAGAAAACGGGG

>linker\_sequence\_693

ACGGCAAAAAATACTGTAAGGAAGTTGTCTATATATGTACATATGGATATTGCGGTATAATAAAAAAGCTTTAAAATTATAAAGAAACCCGACTTTTATCACATATAATTATATTATAAAAAAATAATGGCATCTGTATGAACTCGCGAT

>linker\_sequence\_694

TTTCTTTTTCTATCTCTATTTTCTTTCTTTTCGTGTCTTATAATAATAATAATAATAATAATAATAAAAATAGTAATAATAAAAATAGTAATAAATAAAGATGGATTTCTTTAATTTGAATAATAATAATAATAATAATAATACTACTAC

>linker\_sequence\_695

AGTCTCTAAGATGCGCTTGAAAAATTTTTCATACGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACACTCGCAAGAGTAATCTCAATAATAATTTCCGTCATTAGCGATTATAGCATGAAGGGAGGCCGAGAGGCCGCTTCTGCGGTATGATA

>linker\_sequence\_696

TAGCGCTTTTTTTAATATTATAAGTTTGGATAAAAGTTACCAATTTTTTCGTAGGATATATATTTTAAAGGCACTATATTGAAAATATCATGCATGCTTATATAAAAGCTTTTTTTTTTCTATAGGGTGACATTTAGGAGCAATAATTTT

>linker\_sequence\_697

GAAGTTTGAAAAAAAGTTGATATTGAAAAAAAAAAAAAAAGAGAACCAAAAAAAAATTAAAAAACGTGAAAACGATGGTTTAACAACTTTTTTCGAATTTGGTATACGTGGAAAAACGAATGTATAGATGCATTTTTAAAGAATATATAT

>linker\_sequence\_698

CGGCTCCGCGCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACCCACACAAAATCCGCGTAGCCGAGATTGCTTATGTATGTTATCATATTGCCTGTTTGAGATATGCAGGATCAGCATAGCATGTCTCTAACCAAATTGTGGGTCAGT

>linker\_sequence\_699

ATACAAGAAATGATCTTAAAATCATGCTCTTACCCGTTCTGTAAATAGTGAAAAATTTTCATCGCGAAGTATGAACGAAAAAAAAAAAAGAAAATAGATGAACTTTTAGCATTTAATTAGTGGCAAACGCCTACCCCTCCTTCCCACTTT

>linker\_sequence\_700

CCTCCTAATATCTTTTATCTTTAATACTGTAGGGGCGCAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTTGCGTTTAGTTTTTCTCTTGGCAAAAGTTTTTCGCACCCCGATCTTTTTTTGCATACGTAGTTCACTGCCGCTGCTTACGGCAG

>linker\_sequence\_701

TTATAGTCATGCTTCTTCTTTTGAATATTACCGATATTAGTAGTTTATATTTGATATTTCTATCAGTATTATTTAGATTTTTTTTTTTTTTTTAATTGTTAATGCTTTTTCTTAGAACTTTCCAAAAACGAAAGGAAAATGGGACATTCA

>linker\_sequence\_702

GCAATATGGCTAATTACACACCTGGAGAAAAAATCAGATATGTATATATAAGAATATTATAATACTGTATATTAAAAATGATTAAAATAAAGAAAAAAATGAATCGGGCGTTTAATTGCTTATTATCTTGAAGAAGCGAAAGTACACTAT

>linker\_sequence\_703

TTTTTTTCAGAACTTCTTTTTCTGATTCAAAAATTCATTAAGCATAACTAAAACTGAAAATCAAAACTTATTAATATACAAAAATCTATATATTTCAAAATGTAAATCGTATCAAAACGTCACTCTATATGTAATAAAAACCCAAAAAGT

>linker\_sequence\_704

TTCAGTATAGTTATTATAATTAACATTGGAATAACATTAATAATAATAATTTTTTAATAGTAATAATGATAATAATAATAATAAAAATAAAAGAATAAATTTAAAAACAAAAAAAATTCTAATATTAATGATGATAATAGTAGTAATACT

>linker\_sequence\_705

GAAAAATACCGAGTAATAAAAGGTAAAAGGGCGTTAAATGCGCGCTTTTATGTTTGTATAAATAAAACACGTTGATATTTTGTCTTATATAAACTTTATTCCAATAACCGCGACACCTTACCAAACACATATTATTACAACACATTTTTA

>linker\_sequence\_706

TTTTGCAGAAAACAGTGTTTGTATTATATGCTTTAGATATGCTAAAAAAAATGAAAAAAAATGGAACAAAATATGTGTTTTTTTATTTAACGTTAAAATTAAAGATTAAGTTATTTATTCGACGTCAGCATCAAAAGTTTGACCTTCAAC

>linker\_sequence\_707

TCTCCTTTTTTTTTTTTAAGAAAATTTAACTTATACCACTATTTTGTTCGCAATTGATCAAGAAAAAATACAATTGAAAAGGTTTTACATTTTTAATTTTTCTGCTCATCGCGCTTTTTTAAAAGGATAAATAAACATTTCTTTAAAAAA

>linker\_sequence\_708

ATTTAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCAAAATCATATACCTTAGGCATCCCGTTTCCCTCTTCATCATTTTTGTCCCTTTATATCAATTTTTTTAGACTTCATATAATTTTGTATCAACTGTACCCTACATCCCTTGGTATTCAAAAT

>linker\_sequence\_709

TTCTTGAGGAAGACTTGCTTGAATATTACGAGACAGCTGAAGTAAGTTTGAATAATTAAGAGATGAGATGAGTCTCTAAGATGCGCTTGAAAAATTTTTCATACGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACACTCGCAAGAGTAATCT

>linker\_sequence\_710

GAAAATATAACCTCTTTGGGGAAAAGAGAAATAGATCCTTTCTCAAAAATTTAGAAAGGAAAAAAAATCAAAATATAATAAAATAGATTTTTTTTAGGTTAATTTTTTGCCAATTTAGCTAGACTTTTGAAAAGATCCAAAAATTTACTA

>linker\_sequence\_711

AGTGGGATAGAAATGAAATTCTTTTCTTTTAAATGGTATTAATAATTAATATATTAAATAATTATATTGATTCTATACATAAAACATTAGTGTGAAATTTTCGGAAAATAATAATAGAAAGTAAAATCAAATGTAAAATTAAAAAAATGA

>linker\_sequence\_712

GTATAAGTACTCTATTAAACATCGTTATTTTCTCTTTTATTACTATTAATATTATTATATTTTGAGAATAGAAAAGACTAATATATATATAGTATAATTTTTAAAATTAATTCCGTACAAAAGGCAAAAGAAATTGTCTTCTTACTTAAA

>linker\_sequence\_713

GATACATTTTTTGATCGTGTGATGAAAGTATTAACATAGCTTTAGGGTTCTTCCATTGGATATCCAAAATAGATATAAAGGTATATATATATATATATATATATATATGTTTATAAAGCAAACCGAAAGCAAAAATATCTGTATAACTTA

>linker\_sequence\_714

CAGAAGGAATCATTAGCTAAAAAGTTTATTATTAAAATCAGACATATATCTCATTATAATATTTTTTTTTTATAATACCACCATTTGTTCTCATATAATACTGATAAATATCGCATCGAATGGAAAAGACAAATAGGAGGCCGCTATTGT

>linker\_sequence\_715

ATGTCAAACGCGTAGGAAAGCCAAGCTCAATTACGCGTCTCTTTTATTTTTAAACTATCAAATTGCCGCGCATGCTAGATGAATAAGGAAAAAAAAAGGGGGACGGAAAACATTGCAACCAACACATTATTCTTTAGCGGCTTTTTGTGA

>linker\_sequence\_716

ATTAAAGAAGAATAAAAATTATCATGTATTTATTTACAAGTGCGTATCCTATATATATATATATATATACTTTCGCGATAAAATTTTTTACCAAATACCCTTCTTAACACCTGGCAAATTACCCTTCAGAGCGTTTTCTCTAAATTGATA

>linker\_sequence\_717

ATTTCAACGCTTGTTTAAACATGTGCTAGGTAAGCGAGTTTTTTACTTTTACTTCCAATAAATATATATATATATATACGTATACATGTATGGGCGGGCTACAACAAAATGAAATAAAAAGCGTCAGGATCATTGTTTTTTACCATACTT

>linker\_sequence\_718

TAATTACCCGTACTAAAGGTTTGGAAAAGAAAAAAGAGACCGCCTCGTTTCTTTTTCTTCGTCGAAAAAGGCAATAAAAATTTTTATCACGTTTCTTTTTCTTGAAAATTTTTTTTTTTGATTTTTTTCTCTTTCGATGACCTCCCATTG

>linker\_sequence\_719

TTTAGGGTTCTTCCATTGGATATCCAAAATAGATATAAAGGTATATATATATATATATATATATATATGTTTATAAAGCAAACCGAAAGCAAAAATATCTGTATAACTTAGTTACAAGGGAAGGGAAGAGAATGCATTGGTTAATAGGAA

>linker\_sequence\_720

AAGAAAAAAAAAAATACAACGATAGTTCTTTGTTTTTCTTTAGGAAATATCTGAATAGAAAAGGCTTCAACGACCAGAATTGAAAAAATAAAATAGTATTAGCAAAGAAAAATATGATATTTTTTTTCAAAAAAAAAAAGAGTGTCCTTG

>linker\_sequence\_721

GGTTACCATTACTTACGATTTTTTTTTTTTCGTTATGAACCCTGTGCCCGAGGGGTTTTCAGGCACATAGATCAAAGTTCTACTCGTTTACCTGTAATCTTGGCGCGTTTAGGTCTCTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTCTTCTTTTTTCAT

>linker\_sequence\_722

TATAGGTTTTTTAGATCCAATTTTTTTTTGTTGGCCATCTTAATATTACTACAAATTATATTAAAAAAGGTTTTTGTTAAATTTAGTAAAATTCCGAAAACAAAATTCGATTTTGCGTGTGGATTAGTTTTTGTCTGTTTCATGTACGGG

>linker\_sequence\_723

CAATTGAAAAGGTTTTACATTTTTAATTTTTCTGCTCATCGCGCTTTTTTAAAAGGATAAATAAACATTTCTTTAAAAAACATCTTCAATAAGAAAAATCGGTTAAAAAAACTTTTCTTCTCAAAGCATACCTAATAACAATATAATCCC

>linker\_sequence\_724

TGAGTTTTCAAAAAATAAATGAGGAAACACACACATGTGTCTAGCGTAAATATTCTTCAGTTATATAGTAATTGTATTATATACTAAAATGAAAATCAGTAAGATTTTTTTTTTACAGGCCTTCTTGGCGTTAGTTTTTCCGGTTTTTCA

>linker\_sequence\_725

TTAAAAACAAAAAAAATTCTAATATTAATGATGATAATAGTAGTAATACTGGTGGTATTATATATGTTGAAGTGAACACGCATATCACTATAAACTATATATACATATATATAGATAGATAGATAGATGCAAAAAATTTTTTCCTTTTAG

>linker\_sequence\_726

TTTTTAATAGTAATAATGATAATAATAATAATAAAAATAAAAGAATAAATTTAAAAACAAAAAAAATTCTAATATTAATGATGATAATAGTAGTAATACTGGTGGTATTATATATGTTGAAGTGAACACGCATATCACTATAAACTATAT

>linker\_sequence\_727

GCAAAAAAACGAAAATGTAATGGAGTCATGCAAACATGACTAATAGTAACAAAAAAAAAAGATATAGTAGAATTGAGTAAGTAAGTTCTATGTATATTGTTGTTATTTTCTCTAAAAAAAAAAAAAAACTATGTAAAATTAGGAATTAAG

>linker\_sequence\_728

AAGACGCCTACTTAAACTGCAATGAATAGTCACCCATAGGTATAAGAAAAAAAAAAAAAATAAAAGAGTACATAATATACATACAACTAAAATTAAAATGCATAGAAACCTAAGAAAAAATATTTGTTATACCAAAAAAAATACCACAAA

>linker\_sequence\_729

AAGACCTGGCAGTGGAGGCATGACAGAGGATATCGCGAAACGATTGTTTAAGAGTATATTATAAAGTTGACTTGTTTCCTTATAATTATAATTATAAATATATATATATAGATTATTCACAGGAGAAATTGGGGGCACAAATGAGGGGTA

>linker\_sequence\_730

CCTTTAAAACTATTAAAGAAGCTGTTCGCAACTCACAAAAAAAATAAAAAAATAAAGCAGAACGAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAACAGTTAACTATTCTAATTACTTAGAATCTTTAAAAGTCTTACTGTAATTCGATCAGTGGAGAA

>linker\_sequence\_731

CCTGGAAAAATGGGGAAATTTCATGTACGTCTCCATCAATAGTCATTTTTAAATTTTAGGTTATTTTGTGTTTGCATATATAAATGGTATATATATATATATATATATTCATATAAATCTAGGGCTACATTTATAATATCAGAGATACAT

>linker\_sequence\_732

ACCACCCGGGTGTGGATGTGGATGCAAAATAACAGTGAAATGAGTAATAACAATGGTCATAAACATGTGGTGTGCAATGTGTCATCTTCGCGCGCGTGCTAAAAAAAACGAATAACGGTGGTGATCCCGCGGCTTTCCACACTGACGGGG

>linker\_sequence\_733

GTTAGTTTATAAATAAATTTTATATCACTATATGTGTGGTGAAAAGGAAGAGCAATCCTGCTAAAGCTTTTATATCTAAACGCCAAAAAAATAAAAAAAAAAGGAAATGGGAGAAAAGTTTTCAGCGCGCGAACTCGCGAAAAAACTTCC

>linker\_sequence\_734

TCATTATTACTAACTAGTGCATCACCACTTGTCTAAATACCAAACGCAAAATATATATATTCTTACTTCATAACGTTCAAAATAAAGTTTTTAGTTTAAAATAAAATAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAACCTTTTGTTTT

>linker\_sequence\_735

TTTATTCTTGCCATCCGTGTACGCTAGGAGAGGATTATTAAAATAAGTGATATATACATATATATATATATATATATATATATAATACACTAATTATTTTATGTGATGTTGATCACGCGAAACGGTAAACGGCTCTGTTCGCGCTTTCTT

>linker\_sequence\_736

AAAAAATTCGATTATAAAATAGTACAATGTCCAGAAGCTTGGTTTTTAATAGTATATAATAAAGATAAAGATAGATAGAGAACATAACTCTAAACTTTAAGAGTGAATTTTTTTTTTTTAGTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACA

>linker\_sequence\_737

CAACTCCGTGATCGCGCGCCACGGGCCGTCGGCGGCTGTTAATTGAAGAAAAAAAAAATGAAGAACCACAAGGGGTGATCCATATAGGTGACTAGCATCATCCCCTGCGACGCGCGGCCCGCCGGGCCAAAGGCGGGCAATGCGCGCTGC

>linker\_sequence\_738

TTACTATATTAATATCACGTCACACGACGCACAGTGAGAAGTGAAAAATTTTTTTTCAATCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTATATAAACGAATGGTATCTCCATCACATTTCTTTTAGCCTCGCAACTTGTACTTTTCA

>linker\_sequence\_739

TAACCCGTAGTATTAGTTCCCCATATAATTCCGACCGAGAAAGGTGCACCCACTTGTCATACAAATTGTACATATATATATATATATATATATATATATATATATATGTATATATTATACCTGCAAGCAATTGCACGCGAGTACTCTGCG

>linker\_sequence\_740

TAATTTAAAGCATATTCAATCATAATAAAAAAAAAAAAAGAGAATTATTAGGAAAAATAAAAACAAAATAATATATAATATATGATGTAGAAAAAAATCTTGAAATTTTTATCGATTCGAATAAAATGGAATTTAAAAAAGTGGGAAAGA

>linker\_sequence\_741

TCTTACTTCATAACGTTCAAAATAAAGTTTTTAGTTTAAAATAAAATAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAACCTTTTGTTTTCGCCCAGTATATGGGTAAATTAACGGTTCCTTTTATTAGTCATTTTCAACTCTATACCAT

>linker\_sequence\_742

ACTTCATCATGATCATTAATTTCATATTCATATTCGGTTATTTTTTTTTTTTTTTATATTTTTTTTCAATGGTGTTTTTGATGGTTTTTATTATATATATATATTTTTTTATCTTTTATCTTGTGTAAGCACCCCTCATTACTTGTATCG

>linker\_sequence\_743

TGCCTACTTCTACTTCTGGGAAAGGCATTTTTACTCGATCGCGTTAATATATGCATCAAGAAAATAAAAAATAAAACGCGAAGAGCTAAAAAAAAAAAAGAAAACCTACTATAAATAACCGATTAGAATCGAGTTTTTGTATTGAAATGG

>linker\_sequence\_744

ACAGTGAGAAGTGAAAAATTTTTTTTCAATCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTATATAAACGAATGGTATCTCCATCACATTTCTTTTAGCCTCGCAACTTGTACTTTTCATCACTTTTCTTGTAATTTAGCAATATCCCA

>linker\_sequence\_745

CCGACCGAGAAAGGTGCACCCACTTGTCATACAAATTGTACATATATATATATATATATATATATATATATATATATGTATATATTATACCTGCAAGCAATTGCACGCGAGTACTCTGCGTGAGTCAAAAGACTGTGGTAAAATGGTACC

>linker\_sequence\_746

GCAAAAAAAATAAAAGAAAAGGTAATAAATTGAATGAATGTAGATATATAAATATCAATAGAAATACGTACGCGGAATTATTTCTCTTTGTAACAAATTGATCAAAAGCTTTGTATTTTTTTTTTTTTTAGCTCGGCTGCGCGCTATTAC

>linker\_sequence\_747

TATGTGTGGTGAAAAGGAAGAGCAATCCTGCTAAAGCTTTTATATCTAAACGCCAAAAAAATAAAAAAAAAAGGAAATGGGAGAAAAGTTTTCAGCGCGCGAACTCGCGAAAAAACTTCCTCTTTAGCAATGGTGACATATAGATCTCAA

>linker\_sequence\_748

TTTTAAAAAAAAAAACGAAAAAAAACATAACTAAATTTAAAGTGCAGCCCAACAATAACCCTGAAAAATCTAAATATCTTAGAATTTTTTTATTTTGATTATTATATATTATTATTATTCTTATGGTAAATAATGCCCCTACTTTTCTTC

>linker\_sequence\_749

TATGTCTACCACATAAAAATGACCTTATAACACAACTTCCTTAGTATGGAAGTAATACATATATACATATATACATATATACATACATATATATATATATATATATATATATACATCTTTTGAACCAATTCCCTATAGACTTGGTTGTAA

>linker\_sequence\_750

ACCCTATCTCCCAGTGATAAACTTTAATTTTTTTTCGTGCATATATATATATACATATATAATATAAAACAAAATATCATGAATTTCTATCTAAAGTAGTGGGAAAAAATATGTCGTTAAAAATGGGTATAATATCCAAGCAAAGCTTTT

>linker\_sequence\_751

CTATGCTTTTCCTCTCGATGAGATGAGCTGTGAAAAATTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTGTTATCACCAATAACGAGAAACCTAACTCTAAAACTTAGGGTCAAAGAACAGAACCCTAGGCTTTGTATCCAGT

>linker\_sequence\_752

TATGTTTTTCATACGTGATTTGAAGTTTTTAAGTATCTGAAATACATACGCGCGCGTATGCATATGTATTAGTTAAATTACTCGAATGTCCTTTATATAATATTACATTTTTACACACACATTCTTGAAGAAGAAATCCCGATCGTAAAA

>linker\_sequence\_753

TTTTTCGACCTTAGAATGGCAGAAAAATGGCAAATACTGTAAAATACTTAACATTTAACTAAATTTTATTCTATGCTTTTCCTCTCGATGAGATGAGCTGTGAAAAATTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTGTTA

>linker\_sequence\_754

AGTTATACGCGAAAGTAAAAGTGAGAGCTTTTCAGGGGTTAAAAGCTGGGCGTGTTCCATGACGTATTTACCGAGGTCGTATTATCAAAGAAAATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGAAGAGGAAAAAGACAAACGAAAAACAA

>linker\_sequence\_755

TTTCTTATTTTTAAAATCGATAGTTCTTCAGGATCTTGGTCACATATATATATATATATATATATACACTTATATAAAATAAGACGTTTATTTAATCTTGTTTTCTTACGAGTTTCTTTTTTTTTCTTTTTTTATTTTCTACTTTTGCAA

>linker\_sequence\_756

CTATATACTTTCGTAGTTAGTTCTGAAATTTTTAGGGTGGTAATTTAAAGCATATTCAATCATAATAAAAAAAAAAAAAGAGAATTATTAGGAAAAATAAAAACAAAATAATATATAATATATGATGTAGAAAAAAATCTTGAAATTTTT

>linker\_sequence\_757

CATATGCTCATCGGGAAAACCTTTTAAGCAATAATAGATTTTAAGTATGTAATGATACAAATAATAATATATTTATATACGCATATATTTACATGTGCATATATGAAAAATAACCTAATTCACGTTACCCACCTTTTTTTTTAGCCTTTT

>linker\_sequence\_758

TTACTCGATCGCGTTAATATATGCATCAAGAAAATAAAAAATAAAACGCGAAGAGCTAAAAAAAAAAAAGAAAACCTACTATAAATAACCGATTAGAATCGAGTTTTTGTATTGAAATGGCGGTAATAAGCGTTAAACCTCGACGAAGAG

>linker\_sequence\_759

TTTTTTTTTTTTTTTATATTTTTTTTCAATGGTGTTTTTGATGGTTTTTATTATATATATATATTTTTTTATCTTTTATCTTGTGTAAGCACCCCTCATTACTTGTATCGTGCGATATACAAATACCAAACAAACTCTATAATCATAGAA

>linker\_sequence\_760

TAAAAATCTCCGGGGCTAGCTTTTGCCGGGGAACCCATCCCGAAAAAATTGCAAAAAAAAAAATAGCCGCCGACCGTTGGTCGCTATTCACGGAATGATAGAAAAATAGCCGCGCTGCTCGTCCTGGGTGACCTTTTGTATATTGTATAA

>linker\_sequence\_761

TTGTTGCCACTTTTTAATGTGAACTAAAAAAATAAAAATGAATATAAGGTACGTCTCCAAAAGAAATGTAAATATAGAAATTTTAAAAAAAAAAACGAAAAAAAACATAACTAAATTTAAAGTGCAGCCCAACAATAACCCTGAAAAATC

>linker\_sequence\_762

TTAGTTTAAAATAAAATAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAACCTTTTGTTTTCGCCCAGTATATGGGTAAATTAACGGTTCCTTTTATTAGTCATTTTCAACTCTATACCATGCTCCAAAACGGCGTTCGGCACAGGTTTTT

>linker\_sequence\_763

AGCATGTAGTCAACAAAAAGGGAGTAAAACATGCAGTGGCTCTATATATATAATTATCGTAGAATAATTCAAAAAAAAATAAAAAACGAAAAAATTCATTCTTCATCACTCATCAAAGGCACTATTTCGTCATAACGCGGAGGCTCGTTA

>linker\_sequence\_764

CGCCAAAAAAATAAAAAAAAAAGGAAATGGGAGAAAAGTTTTCAGCGCGCGAACTCGCGAAAAAACTTCCTCTTTAGCAATGGTGACATATAGATCTCAAGGTTCTCAATTAAAAGACCTTCTTTGTAGCTTTTAGTGTGATTTTTCTGG

>linker\_sequence\_765

TAATCTTGAGCAAATTGATCCTACATAAATCATGTGACTTATTTATTTAATTATTATTAAGTAAAAAAGATTTTCTATTTAAATTTATTAATTAATTTTTTTTCTTAAATAATTATTTTATGTTTTTGTTTTCCGAAAAAGAAAAATATT

>linker\_sequence\_766

TGATCAAAAAAAAAAAGGAAAATCAAGCGCGGGTAATAACGGCACCATTAAATACTAGTAGTACTATATAGATGGTATAAAGAAATGATTTAAAACAATACGATTATATGATATTTATACATCTGTTTCAGTTGAGCTTTTTTTCCATAG

>linker\_sequence\_767

ACGGCGAAAGTGAAAGGTGCAAGTGGAAAGAAAGGAAGGCTAAAGCAAAAGTGTTTCTTATATATAATTTTATGTACCAGAGGAAGCAAAGTACGAAAACTATCAGTTGAAATCCAAAAAAAAAAAGTTACGCGTTTCGCGTTTTGGTGC

>linker\_sequence\_768

AAAAAAAAAGAGAATTATTAGGAAAAATAAAAACAAAATAATATATAATATATGATGTAGAAAAAAATCTTGAAATTTTTATCGATTCGAATAAAATGGAATTTAAAAAAGTGGGAAAGAAACAATGAGAATTCATAGGATATAATGAAA

>linker\_sequence\_769

TATCAGAATTAGAGCCTTAAAAAAAGCCGCAAGACAGGTTAAAAAGGAATAGAATTATCGTTCTCGAGATAGTTTTTATACAATACATATATATATATATATATATATATTTACAAGAAAAGCATGGCTTATGTATTATACTTGCTTATG

>linker\_sequence\_770

GGTTTTTAATAGTATATAATAAAGATAAAGATAGATAGAGAACATAACTCTAAACTTTAAGAGTGAATTTTTTTTTTTTAGTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACAATAATGTATTGTTCTTGGAAAATAACACAATCTGTTCAAA

>linker\_sequence\_771

CTTCGATGCATTTAGATAATTTTTGGAAACATTTTTTTTCTTGATGTATATTTTTTGTATTGTAGAAATCGCGCGTACTGTACTTGTATATCGCTTTATAAGCGCTTTTAATTGATTGTTCATGACGAGGATAGGCGGATAGGCGGAGGT

>linker\_sequence\_772

TAACTGTATAGAAACGTTCGTGGCGGAAAAAACTACGTAAAAAGGCGGTATTTATCTATTATTTGGCCAAAAAAAAAAAAAAATACATACTACATATACATATACGCCATAAAAAATCTCTGCATCTATCTTATTTCCCATTATTTGGAC

>linker\_sequence\_773

CGTAGAAGATCAATCAATTGAAGTTAAAAAGGAGAAGTAATAATTATAGCATAATATATATTCATAATGTATAGGCATATTTATTTTTTATTTTTTTTATTTCATGTTCTATTTAATGACGAATCACGAAGAAAATATATCTAAGAAAAG

>linker\_sequence\_774

TATTATCTTCCCATGCCGCTCCTGCGTGGGATTCCCTTTATTATAACTTTTAAGGTTTCTACCCACATATATGCAATTTTTATCATGTTTTTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCTTTGTTGTGTTTTCGAGAAAAAGTTC

>linker\_sequence\_775

CAAATACTGTAAAATACTTAACATTTAACTAAATTTTATTCTATGCTTTTCCTCTCGATGAGATGAGCTGTGAAAAATTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTGTTATCACCAATAACGAGAAACCTAACTCTAAAA

>linker\_sequence\_776

GCACCGTGCTAATAACGCGGGGATCAGCGGTTCGATCCCGCTAGAGACCATTTTTTTGCAATTCAAATAACGTCGTTTATTTTTTATATAAAAATAAAAATCAAAAAGAATTGCGCAAGCCCGGAATCGAACCGGGGGCCCAACGATGGC

>linker\_sequence\_777

CATTACCGTCTGTTTTATTTACTGTCACCTTGATGAGCGACTAAAAAGATAGAACGCGGGTTTTTCGCGCAATGTAACAAAGCTCCAGAAATTTTTTATAAATACTAATGTTATAGCAAAAAAAATAAGGACCTTAAAGTCGTAAACTAA

>linker\_sequence\_778

GTATAAAAAGAAATAGACCAATATCAACATCAATTTTATGTATTTTTTTTTTCTTTTGGTATAGCATTGATATATTGAAATTTGTATATATTGCTGCGAACACTATTTAAAACAGGTTTTTTTTTTATTTTGGCAGTTTGAAACCCTTTC

>linker\_sequence\_779

TTTATAAGAAACATCATGTGATGACATTTAAAAAGTGGGAAAGAATACTACTAATATAAAACTATTTACTGGATATTTAGAATTTTTTTTTTTTCTTCTTTATACGTAAAAGTTGTTCAAAAAATTTCATCGTTTTCTTTTTTTATGAAT

>linker\_sequence\_780

AAGGGAAAAAAATGATTCAATATGTATATATTTATTCATGTATATGTATTTTGAATTAAAAAAAAACGTTTTATAAATACTCAATAAAGCCGTTGTATTTTCTTTATTACTATCGAAATTCTTGCTTTAAACATTTCGCGCATCGCCGGC

>linker\_sequence\_781

CTAAATTTAAAGTGCAGCCCAACAATAACCCTGAAAAATCTAAATATCTTAGAATTTTTTTATTTTGATTATTATATATTATTATTATTCTTATGGTAAATAATGCCCCTACTTTTCTTCTAAGGAAGTGAGTTACCACCAAAATAAGGA

>linker\_sequence\_782

GCATAATATCTTAGATAGATGTCTCAAGAGACTATCCTAAATAATATTGAATATGCACTTTTACTATATTAATATCACGTCACACGACGCACAGTGAGAAGTGAAAAATTTTTTTTCAATCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAT

>linker\_sequence\_783

AAAGAACCACTCAGACTTTTTACCATCCTTTAGCTTTACCTAATATAATGAAATTTGTCTAAGTAACATAAAAAAAAGGAGTAAAGAAAAAAAAAAAATAAGTAAATGAAATAAAATATAAAAAAATTCTTACTACGGTTTAAAACAAAG

>linker\_sequence\_784

AAAAGCTCATCGCATTTTTTCGGTCCTGATGTTAAAAATTTATTTCGTTTATTAAAAAAAAAAAAAACATTACTGAAACGTATAAAAGAAAAGTCTTAATCTATAAATATGGTTTTATCATAATTAGACTGTTTTACTCTGTCCATTGGT

>linker\_sequence\_785

TTTTGGATCAGTAACCGTTATTTGAGCATAACACAGGTTTTTAAATATATTATTATATATCATGGTATATGTGTAAAATTTTTTTGCTGACTGGTTTTGTTTATTTATTTAGCTTTTTAAAAATTTTACTTTCTTCTTGTTAATTTTTTC

>linker\_sequence\_786

GCCTACTGTGTGCAAAGATATGTATTCGCTCGTTCAGTGTTTTTTTAAAAATATGTATAGAATTTGTCATTATCTGCGTTAAAAAATAGTTATAAAGTATATACAATAACAATAAATGATAAAGAAATATGCAGTGAAAAGAAAAAATTA

>linker\_sequence\_787

TGTTATTTTTTTTCACAAGGAGATAAAAAAAAAAACTTTAACATGTCACTTTAAGCATGTATGTAATACGTCTATTAATTATATGTAACTTTTATAACTATTTTCATTTCTATGTGATCCATTTGCAGTTATGCACCTTTTTTTTTTTTC

>linker\_sequence\_788

GGAGGTATCTCTATGGATGTGGCTTGAAATATGGATGTCTTGCCTACTTCTACTTCTGGGAAAGGCATTTTTACTCGATCGCGTTAATATATGCATCAAGAAAATAAAAAATAAAACGCGAAGAGCTAAAAAAAAAAAAGAAAACCTACT

>linker\_sequence\_789

TTTTTTAAAAATATGTATAGAATTTGTCATTATCTGCGTTAAAAAATAGTTATAAAGTATATACAATAACAATAAATGATAAAGAAATATGCAGTGAAAAGAAAAAATTATGAAGCTTTTCCTTTCAGTGTTTTCTACCCTTCTTCTTGC

>linker\_sequence\_790

GATTTTCTTTTTTCTTTTCTTTTTTTTTTTTGACGACTCTGTAATACTCTATTTATTATTTAGTTTAGTTTTCTATTTAATATGATGGAATTCATAAAAAAAAAAAATACACATAGCCATGCCAGGTAATTGCAGATCAACTGATAAATT

>linker\_sequence\_791

ACTTCTTTTTTACTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTGGATAGTAAATAATGCACTTTTGACTAGATCTTGAGTATTTAGTTGAATTGAAATTAAAGATACAGTGTATAAAAATTATACAAAAAATAAAGGAAACTTGTATATTGAAAATAGG

>linker\_sequence\_792

AGAACGCGGGTTTTTCGCGCAATGTAACAAAGCTCCAGAAATTTTTTATAAATACTAATGTTATAGCAAAAAAAATAAGGACCTTAAAGTCGTAAACTAAATTGAAAAGCCCAAATCATTCAAATTCTATATCGTTGAACTTTTAATAGG

>linker\_sequence\_793

TGAGGAATATAGGTTTCTTGGAGTTTTGAAAGTTGTTTTATTTATAATGTTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTGTTATTTTGGTGGTTCCTATCGTTATTTAACAGTTT

>linker\_sequence\_794

CCCCTCCACTGTAAAGTAAATGTATATTATTAAAAGGCAAAAATAAGAATATAATACTTCAGTAATGAGCCTTTTTTATTCGGTCTTGTTACTTCTTTTTTACTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTGGATAGTAAATAATGCACTTTTGACT

>linker\_sequence\_795

TAGATTGGTTGATGAAAAATCTTATCATAGGGCACCTTCCAGGTAAAAGATCTACTTACTATTAGTCAGTACGTCCTTTTTTCATTTGTTTATAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCCTCTCAATATTTTAGAAGTAACATGACAGA

>linker\_sequence\_796

TAAAAAATCATATTTTAGACTCACTTGCTAGTAAACCGGTTGATGCTATTGTTAATATATAACGACAAATGTTCAAGCAATTATATAACCATTTTCTTCCATATTCACCTTAAACGAGGTCGCCTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAG

>linker\_sequence\_797

TCATCGTATTCATAAAATGCTTCACGAACACCGTCATTGATCAAATAGGTTTATAATATTAATATACATTTATATAATCGGCGGTATTTATATCATCAAAAAAAGTAGTTTTTTATTTTATTTTTTCATTACTTTTCACTGTCTATGGAT

>linker\_sequence\_798

ATTCAATTTTTCTTCATAGCAATATTTTTTTCTGTCCAAGTTTTATTTTTTTTCCATAATTTCTGATTTACTACCATTGAAAATTATAAAAGGAAAAATATTACGCGCTACCATTTAATAAGTAGAAACAACTAAGTTCTCGAATGAGAT

>linker\_sequence\_799

TATCGCAAACTAGAGACTGATGCCTTTACGAATGAAATTCCATAAACCTTAAGAAATAACGGAAAAAAAAAAAAAAGCTTTTTTTTTTTTTGATAGTATAAATAGTTGATTATATGTAAGTGTATATTAATATTGTTACTACTGGTCAAT

>linker\_sequence\_800

ATGCAATTTTTATCATGTTTTTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCTTTGTTGTGTTTTCGAGAAAAAGTTCAATTGTTTAAAAGGAATTAAGCAAATTATATATATGCGACTGTTGGTTTCCAGTTCTAATCTGTACTCTT

>linker\_sequence\_801

ATCTGTCTCCGGTTATATATGTCTAAATAGAATTCGGGTAGCATTTTATTTTTATCGCTTATAGGAAAAAGATATTTGCATATATATATCTATATATCCTATATACATCTATATAGTTATTGTGTAAGGGGTTTTTATAAGGTCCGATAC

>linker\_sequence\_802

AGTATATATCCAAAGAATACCTTAAATAGAAAAGGAAAGATAATAAATACTAAACACTACTATATATTCAGGTAAAATACAAAAATTATAACATTTTTAAAACTTTTTTTTTTTGAAAGTCCTTCTCGCTTTAGGATTTTTTCCCATTAA

>linker\_sequence\_803

AGGATTATTAAAATAAGTGATATATACATATATATATATATATATATATATATAATACACTAATTATTTTATGTGATGTTGATCACGCGAAACGGTAAACGGCTCTGTTCGCGCTTTCTTTGTTTACATTTTAGTGAAGTATTGTCAAGA

>linker\_sequence\_804

TAAGAACATTTTTGCTTCTGGACAGACAGAACACGTAAAAAAAGAAACACGAAATTACGACTAACTTTCGCGTAGGGGTAAAATTACCTAATGCGCGTAATTAAAAAAAAAAGCACAGCAGTGTAAATTGGAGCAATAGGAGAAAATGAC

>linker\_sequence\_805

TAAAAGGCAAAAATAAGAATATAATACTTCAGTAATGAGCCTTTTTTATTCGGTCTTGTTACTTCTTTTTTACTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTGGATAGTAAATAATGCACTTTTGACTAGATCTTGAGTATTTAGTTGAATTGAAATT

>linker\_sequence\_806

TGAAAAATTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTGTTATCACCAATAACGAGAAACCTAACTCTAAAACTTAGGGTCAAAGAACAGAACCCTAGGCTTTGTATCCAGTTGAATCACTAATTACGAAAGAATGCTGGTG

>linker\_sequence\_807

AAGAAACATCGCGTAATGCAACAGTGAGACACTTGCCGTCATATATAAGGTTTTGGATCAGTAACCGTTATTTGAGCATAACACAGGTTTTTAAATATATTATTATATATCATGGTATATGTGTAAAATTTTTTTGCTGACTGGTTTTGT

>linker\_sequence\_808

TCATTATCATCGTTTCATCGACATTAGGTGACGTTTCTCAGTAAAAATTAACTTCATCATGATCATTAATTTCATATTCATATTCGGTTATTTTTTTTTTTTTTTATATTTTTTTTCAATGGTGTTTTTGATGGTTTTTATTATATATAT

>linker\_sequence\_809

CCTTGATCTTTTTCTTTTTTTTTTTTCAATTACGGATTATGCATATATAGGTGGGTATACGTACGTAAAAAAACAAAAACACACATGTAGACATCTATATACGTTTAAAAAAGCTTTAGATTCAGATCTTTGGGTTTTACAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_810

ATAATATCATTAAATATGTTTTACCAAAAAAAAGTTCATCTTTCTTATTTTTAAAATCGATAGTTCTTCAGGATCTTGGTCACATATATATATATATATATATATACACTTATATAAAATAAGACGTTTATTTAATCTTGTTTTCTTACG

>linker\_sequence\_811

ATAGATAGAGAACATAACTCTAAACTTTAAGAGTGAATTTTTTTTTTTTAGTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACAATAATGTATTGTTCTTGGAAAATAACACAATCTGTTCAAAGTGGACAGAAACCCTAAAACAAAAATAATA

>linker\_sequence\_812

TTTTTCGTGCATATATATATATACATATATAATATAAAACAAAATATCATGAATTTCTATCTAAAGTAGTGGGAAAAAATATGTCGTTAAAAATGGGTATAATATCCAAGCAAAGCTTTTGGCTTTTTTTTTCTTGAAATGAGTGAAGGG

>linker\_sequence\_813

CTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTATATAAACGAATGGTATCTCCATCACATTTCTTTTAGCCTCGCAACTTGTACTTTTCATCACTTTTCTTGTAATTTAGCAATATCCCAAGAACAATCATCGAAATGTCCCGTCCACAA

>linker\_sequence\_814

AATAAAAATGAATATAAGGTACGTCTCCAAAAGAAATGTAAATATAGAAATTTTAAAAAAAAAAACGAAAAAAAACATAACTAAATTTAAAGTGCAGCCCAACAATAACCCTGAAAAATCTAAATATCTTAGAATTTTTTTATTTTGATT

>linker\_sequence\_815

CGCGGAATTATTTCTCTTTGTAACAAATTGATCAAAAGCTTTGTATTTTTTTTTTTTTTAGCTCGGCTGCGCGCTATTACAGTAATTACATGTAAATAAACTATTCCAAAGAATACAAAAGAAGAGCTTACAGTAGCCAGTCAAAGTCGC

>linker\_sequence\_816

CCTTTGAATCCTTTTTGATGAAAAAAATAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGAAAGCAATATCGACTGTATGTATATGCGCACCATAATTTTCCTATTAATAGTTTAAGCATAATTAGTGTACTTACTAAAAATAATGTAACTTTGCTCT

>linker\_sequence\_817

GGAAATGGATTTATTACTGAAATATGTAGAAATATTTAACTCGATAGATTTGATCATACACATATAATGCAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTAAACGTTCTTT

>linker\_sequence\_818

GGGAAATTTAAAAATGTAACGTTTAGCATTTGATAGACATAGAATAAAAATAAGTAACTATAAAAAAAGGAAAAAAAAAATTGGGCAAAATAGGGATCATATTATAACTATTTATATACAGATTCGAAATATGAAGAAGAGACTATGAAA

>linker\_sequence\_819

AAAAGCTGGGCGTGTTCCATGACGTATTTACCGAGGTCGTATTATCAAAGAAAATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGAAGAGGAAAAAGACAAACGAAAAACAAAACGAAATAACGCATTGTATGCTGGGGCCTCAATTGAACT

>linker\_sequence\_820

AATACATACGCGCGCGTATGCATATGTATTAGTTAAATTACTCGAATGTCCTTTATATAATATTACATTTTTACACACACATTCTTGAAGAAGAAATCCCGATCGTAAAAAAAAACACCGTGCTCCAAATGGCCTTCAATCTTTTCGAAT

>linker\_sequence\_821

AGGAACCGCAGACATGATGTCCTCTTCTTTCAAATTACTGGATATATATATTATTATTATTGTTACCATTAACGTTATTATTATTAACTATTACTATTACATTAACTTAAAAATAAATATGAAACAACGAAGAACAAAAAGAATTATGAA

>linker\_sequence\_822

AAAAAAAAAGGTTAAGGATAAAGATAAGTAAACTAATGGAATATATAAACAAATAAGTAAGTAGATACTGTAAATAGAACACACGTTTTTTAATTTATTTTTTTTTTTACATATCTTAATTTAATATAAATCAAAAAGCCCAAGCCTCAA

>linker\_sequence\_823

TTTTTAAGTTCATTCTCTTTCATTTTCGGTAGTGAGATGGCAGTTCGAGGGGTTTTTTATTCGAGATAGTAACTTCTGGCTTTTCGCTTTTATACAGCACAGCAGAAAAAAAAAGCCGCCGAGGCGCGCGCGTTCATGCAATGGCTCAGT

>linker\_sequence\_824

TCTAATTTACCCGATGCTGGTTTTGTATCGAAAAAGATTTTCAGGTTTTAGGTTTTATTTTTTGTCTATTTTTAAATATATAATATAATAAAAAATAAATTGTGTCTAATATCCATAATTTGTACATTTAGATTATTTCTTTTGGTTCTT

>linker\_sequence\_825

CAAACAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGGTCGCAATCTCAATGATTTGGTTTTTTACCAAGCGTATGCCCAGAATATTTGCATTAGCTTTTAATTTAATTTCAATATTTCTTTTGATTTTTCTTCTCATCGGCTGTTACAACCCGTCA

>linker\_sequence\_826

GAAGAAATAAATTCTTAGGGTCGACTCCACCATTTCAACTTTAGTATAATATGACAATAAAACATTATTGGGACTGAGAACGATTATATTAAAATTAGTAAAATACATACATAACTACTTATAAAAAAAAAAAGAGAAATTTGCCATTTT

>linker\_sequence\_827

GTCAAAAACAAGATATTGTGTAATCGCCTCAAGTAAACAATATGTTTTTCATACGTGATTTGAAGTTTTTAAGTATCTGAAATACATACGCGCGCGTATGCATATGTATTAGTTAAATTACTCGAATGTCCTTTATATAATATTACATTT

>linker\_sequence\_828

AAGACAGGTTAAAAAGGAATAGAATTATCGTTCTCGAGATAGTTTTTATACAATACATATATATATATATATATATATATTTACAAGAAAAGCATGGCTTATGTATTATACTTGCTTATGTACCAATATATACATATATGGCCTTATTAG

>linker\_sequence\_829

ACATCTGTTTTTCCTTACTCTGTTTTTATTTTGTTGGTAACCTTTGAATCCTTTTTGATGAAAAAAATAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGAAAGCAATATCGACTGTATGTATATGCGCACCATAATTTTCCTATTAATAGTTTAAGC

>linker\_sequence\_830

TTAGTATAATATGACAATAAAACATTATTGGGACTGAGAACGATTATATTAAAATTAGTAAAATACATACATAACTACTTATAAAAAAAAAAAGAGAAATTTGCCATTTTCACGAGTATAAGCACAGATTGTACGAAACTATTTCATATA

>linker\_sequence\_831

TCATCAGTTTTAGTAAAAAACGAACAAAAACACAATAAAATATAAATCAATATATTTAGGTTTACTGGGTTCTTTAACAGTTGTATAATAGTTATTTTTTATTACAAAAATATAGGTTTTAATAAAAAAAAATAGGGTTCTATTTGTTTT

>linker\_sequence\_832

GTAAAAAAGATTTTCTATTTAAATTTATTAATTAATTTTTTTTCTTAAATAATTATTTTATGTTTTTGTTTTCCGAAAAAGAAAAATATTTCAACAAGAAGTATCAATATATTTCTTGCAAAAAATTGTTCACCGAGAATTGACAAAAAA

>linker\_sequence\_833

CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAATGACACATAGCTGAAGTGATAAACTTACTACACTGGTATAACGCTTATTAGAGGAAATCTAATAATAAACTGTTAGCTATAAATAGTATACAATAACAATGAGCGCTAAAAGTATGACATATTAAACAT

>linker\_sequence\_834

TACCGTAGAGATTCTTGCAACCTCGCTTAAACTCTCGCTTTTATATAATATTTCTCCTTATTGCGCGCTTCGTTGAAAATTTCGCTAAACACGGGGTTTAAGTTTAAGTTTACAGGATTTATCCGGAAGTTTTCGCGGACCCCACACAAT

>linker\_sequence\_835

GAGTGAATTTTTTTTTTTTAGTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTACAATAATGTATTGTTCTTGGAAAATAACACAATCTGTTCAAAGTGGACAGAAACCCTAAAACAAAAATAATAACGGGGAAGGAAAAAAATAGCAAGTGAAAC

>linker\_sequence\_836

TGAATCTTGGTGTTGTATTCACAGCTACTTCTCCTAATGCCTTCGATGCATTTAGATAATTTTTGGAAACATTTTTTTTCTTGATGTATATTTTTTGTATTGTAGAAATCGCGCGTACTGTACTTGTATATCGCTTTATAAGCGCTTTTA

>linker\_sequence\_837

TATCGAGTAAGGTAGAAACATCTCTGTGATTAAACATCGTACATATAAATACCATATATAAAAGTATGTGGGAAAAGAACGTTCAAAAAAAAAAAGTAAGTAGTAGGTTAAAAATAAAATCTCAAAAGAGGGAAAAAAAAAAAAGAGGGA

>linker\_sequence\_838

TAAAAAAAGGAAAAAAAAAATTGGGCAAAATAGGGATCATATTATAACTATTTATATACAGATTCGAAATATGAAGAAGAGACTATGAAAGGTGGGTGAATATCAATATTAAATAAAAATCAAACAATGATTGAAAAAACGGTAAAAGAT

>linker\_sequence\_839

CTGAATCTTTTTTTCCGGCTGTCCTCTTACAGTTGAGTTACAATATTTTGCCAGAAATATTTACATTTTTTTACCCAATCTCTATAATAATTATTTTAATTCCTAATCCGCTTCAGGCCCGCGGTCGTTGAAGTGCTATAGTTTATATTC

>linker\_sequence\_840

CGGCTGAAATTATGAAAGAAGAAGAACATCACTTTACACGGATCGCACGCCCATAATTCTTTTTTTTTTTTTTTTCATATCTTCGACGTTTGCCACTGCCTTCTCTTTTTCTTTCTTTTTTGGCGGCCGGTGGCCAAACGCGCCAAAACC

>linker\_sequence\_841

TATATTTAGGTTTACTGGGTTCTTTAACAGTTGTATAATAGTTATTTTTTATTACAAAAATATAGGTTTTAATAAAAAAAAATAGGGTTCTATTTGTTTTACATTTATTGATTTGTTTTTCCTGGCGATACCCTCGAAAAAAGCCAGGCC

>linker\_sequence\_842

TTGAAAAAACGGTAAAAGATCATAAAAAGCCCTCCAGGTAATATGTCAATAAGTAAATATACTTTATCGAAGGAAAGATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCAAACGAACATAGCCAAAGGACCACAATATTAATCTGACAATAAATT

>linker\_sequence\_843

CTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTGCTGCAAAGTTTCTTAAAGCCTTCGGGCTTACGAAATCCTTTATCGCCGAAAGGGGACCGCTTCGAAAAGTGGATATAAAACAAGGTATTTATTTTTATAGACAATGACCAAATGACAGG

>linker\_sequence\_844

CACAACTTCCTTAGTATGGAAGTAATACATATATACATATATACATATATACATACATATATATATATATATATATATATATACATCTTTTGAACCAATTCCCTATAGACTTGGTTGTAATTCGTTAGAAAGATTTTCATTAATTTTATT

>linker\_sequence\_845

GTCGTATATTAGGCTCTTTTTCTTTTTCTTTTACCAGACTTGGTTTTTTTCTCTCTTTAGTAATTGTTTCTATATATGGCTTATCAATTCTATATATTTTTTAACTTGAATATATGAATGACATCTTTAATAATCACATCTCGGCAAACG

>linker\_sequence\_846

GAAGAAAACCAAAATCCGGGATGAGTTGAAAGTCAAAAAGACTGTATATATAAATTTCAACTTTTGTAGAAGATGCAGAAAAAGAAAATGATATGGTATGCAGAAAAAGAAATAAACCGCTATTATCCTCGCGGTTTGTCATTATAACAG

>linker\_sequence\_847

TGCTGTTTTCACCGAAACTTTGAAACACGATTAAACTTATTAGTACATTAAAAATATTCTTTTATTTTTTATATACATACATAAGCCTTTAATACCTTTAAAGCGGTAACGACTGCCTCTTGAACTTAAAATTATTCTTTTTTTTGGATA

>linker\_sequence\_848

AAAATCATTACGAGAGAATGATAAATTGTAACAGAATTTATAAATCCTATTCATATAGATACATCTGTTTTTCCTTACTCTGTTTTTATTTTGTTGGTAACCTTTGAATCCTTTTTGATGAAAAAAATAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_849

TTTCTTTTTTTTTTTTTTTATGGAAAGGACCACTCTTACATAACTAGAATAGCATTAAGAATCAGATTTACAGATAATGATGTCATTATTAAATATATATATATATATATTGTCACTCCGTTCAAGTCGACAACCAATAAAAAATTTAAA

>linker\_sequence\_850

TCCTTCCTTTTGGGTCATAAAATCGCTGGGATGGCCCTTGAAAAAATTTTTTCAGTGAAAAAAAAAAGAATTTTCGAGAAAAAAAAAAAATTAGGAATTGTGCGTGGTCATTCAATACGGAGAATTAAGTAACACGCAACAACTGCATTC

>linker\_sequence\_851

GAAATCAGTAAAATAAACGTTTCACCCTGGCAGATAGGAAACCCTATCTCCCAGTGATAAACTTTAATTTTTTTTCGTGCATATATATATATACATATATAATATAAAACAAAATATCATGAATTTCTATCTAAAGTAGTGGGAAAAAAT

>linker\_sequence\_852

TTTTTTTTCCCGTAGTACCACTGGATCTGCCTAAATCGCGCTTCAGGAAAACCAGGGACCACCCTATTTTTTTATATTTCATCATCTAAATTAAGTGTATACATATATGGATAAAGTCATTTTGAGTTTACATAATCGTATGTTCGAGAG

>linker\_sequence\_853

TAGCTTTACCTAATATAATGAAATTTGTCTAAGTAACATAAAAAAAAGGAGTAAAGAAAAAAAAAAAATAAGTAAATGAAATAAAATATAAAAAAATTCTTACTACGGTTTAAAACAAAGTGCTCTTCCGCTAACGTTTCAAGTTTCTAA

>linker\_sequence\_854

TCCTAATCCGCTTCAGGCCCGCGGTCGTTGAAGTGCTATAGTTTATATTCAGTACATTGTCTTTAATCTCTCAGTATTATTTTATCAATAGTAAATACTTCAAGTCCATCGCACGGCGTGGTGGTGATAAAGGGAAAATGCGCGCGGGAT

>linker\_sequence\_855

ATAATAACACTGACATAACGCTATAACGAAACAGCGTAACAAAATACTCTTTACATGGTTTATTTTTATATATTCATTTAACATTATCAAAACTAACATTAAGTCCTTTATTTATCAAAACAAACGAAAAAAAAAAATGCGAGACAAATG

>linker\_sequence\_856

TTTCTTCCTTTTTTCACGATTTTTTGCATGGGCATTTGTCACAATATATATTTTTATTCAGTTATATAAATATACTCCTTTTCACAAAAGAAGGCCTAATATTATAGGAAATCAGCATTAAAAACATTATGTATTTCTTTTTTCAGCGGC

>linker\_sequence\_857

AAAAGTGGGAAAGAATACTACTAATATAAAACTATTTACTGGATATTTAGAATTTTTTTTTTTTCTTCTTTATACGTAAAAGTTGTTCAAAAAATTTCATCGTTTTCTTTTTTTATGAATCTTTGATTCTTGTTGAAAAGAATTTCTAAA

>linker\_sequence\_858

TAAGTATAAAAACGAGCGAGAAATTTTGTTAAAGAATTGATATCATATTTTATAATTTACATAAACTAAATAGGGAAAGAGTAGTATAGCGTGCATAAGTTTGAAAAAAAAAAACTATTCATACACTCATATATACTTTTATATGGTCTT

>linker\_sequence\_859

CAATCTTTTATTAACAAGAGGGCGGTTTCCAATTCTAAAGATGTATAAACAAAAATTCTTATATAACTTAGGCGACACATAATATGCGCTTAAATAACATATAGTGAGTATATTATCAAAAAGCATTCATTTTTTTTTATTTATTAGTCC

>linker\_sequence\_860

CACGGGAAGTAGGGCCTGACACAATTTTCGGTTCTTTTTTTTCTATAGATAATGGTTATATGTTATATTTACGGATATTTTTACGTTTACTTTGTAAGAAAGAGCTAAAAAGATGTAAAGATATCACTTCGTTTTTTTCCCTCAAAAAAT

>linker\_sequence\_861

GAGTACTTCTTACTTAACACTCCCTGCGCCAATTCTGACTCTTATAATAAATAGCTCGAGACGTAACTGCCAAAATTGTAAAAAAAAAATGAAAAACTATTAGAAAATTAATTGCGAAAAAAAAAAGGTTAGTCATATGTGCCTTTGCGG

>linker\_sequence\_862

AATGAAATTCCATAAACCTTAAGAAATAACGGAAAAAAAAAAAAAAGCTTTTTTTTTTTTTGATAGTATAAATAGTTGATTATATGTAAGTGTATATTAATATTGTTACTACTGGTCAATCGTGATATTTATGAACAACTTGGCGGAGCA

>linker\_sequence\_863

ACGGGCAGCCAAAAATACTGGGTGTTGTATATTTACTTGTGTTAGTTTATAAATAAATTTTATATCACTATATGTGTGGTGAAAAGGAAGAGCAATCCTGCTAAAGCTTTTATATCTAAACGCCAAAAAAATAAAAAAAAAAGGAAATGG

>linker\_sequence\_864

TCTTCAATTTTTCTATATGCATTTGAAACAGAAAAAAAGATATAAAAATACCAGCTATAACAAAAATCCATGTAAATAAAATTACTGTATATTTTTTTATGTAATCTAATCAAAAAAAATTCACGTCTAATACTAGTCATAAATGGAGTT

>linker\_sequence\_865

TTTTTTAGCTACCTATATTCCACCATAACATCAATCATGCGGTTGCTGGTGTATTTACCAATAATGTTTAATGTATATATATATATATATATATGGGGCCGTATACTTACATATAGTAGATGTCAAGCGTAGGCGCTTCCCCTGCCGGCT

>linker\_sequence\_866

TGACTTGATAGTGAATTATGAGGATCTAGCGACAACACAGGCAGCGTCATAGTTGATGATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTGCTGCAAAGTTTCTTAAAGCCTTCGGGCTTACGAAATCCTTTATCGCCGAAAGGGGACCG

>linker\_sequence\_867

AAAATAAAAAATAAAACGCGAAGAGCTAAAAAAAAAAAAGAAAACCTACTATAAATAACCGATTAGAATCGAGTTTTTGTATTGAAATGGCGGTAATAAGCGTTAAACCTCGACGAAGAGAGAAGATCCTACAGGAGGTAAAAAACAGCT

>linker\_sequence\_868

CTAAATCGCGCTTCAGGAAAACCAGGGACCACCCTATTTTTTTATATTTCATCATCTAAATTAAGTGTATACATATATGGATAAAGTCATTTTGAGTTTACATAATCGTATGTTCGAGAGAGGTCTTTCATAAAAAAATCAAGTTATCAA

>linker\_sequence\_869

ACATATGTACATATGACATACGTATTAGCCGCTGAGGACGCGGACGTATAAAAGGACAATACTTATATGGAGCTAAGGGGAGCAGTTACGCAACTCCGTGATCGCGCGCCACGGGCCGTCGGCGGCTGTTAATTGAAGAAAAAAAAAATG

>linker\_sequence\_870

CACTTAGCCAATGAGCATGGGTTGCAGATAACTCATACCGAAAACTATAATGACTTGATAGTGAATTATGAGGATCTAGCGACAACACAGGCAGCGTCATAGTTGATGATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTGCTGCAAAGT

>linker\_sequence\_871

GGTGGGTGAATATCAATATTAAATAAAAATCAAACAATGATTGAAAAAACGGTAAAAGATCATAAAAAGCCCTCCAGGTAATATGTCAATAAGTAAATATACTTTATCGAAGGAAAGATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCAAACGA

>linker\_sequence\_872

TGATTTTTGGTAAGGGGACGTTCTAGAAACGTCTACTATTTTGGATGATTTACATAGTTTTAAAATAAAAAAGGCTCAATTTTACCTTCCGCGCATTTCTATTTTTTTAATCTAAAACCTCAAATCTTACAGTCTCTCCTAGCCGCTTTC

>linker\_sequence\_873

TAATGTTGCATCATTACTAGTTTAAACTGTATTTTTATTAAAGGGAAAAAAATGATTCAATATGTATATATTTATTCATGTATATGTATTTTGAATTAAAAAAAAACGTTTTATAAATACTCAATAAAGCCGTTGTATTTTCTTTATTAC

>linker\_sequence\_874

AACTACGTAAAAAGGCGGTATTTATCTATTATTTGGCCAAAAAAAAAAAAAAATACATACTACATATACATATACGCCATAAAAAATCTCTGCATCTATCTTATTTCCCATTATTTGGACAAATGCTTACGTGCTAATGTCCTTACCCTC

>linker\_sequence\_875

AAGTTAAGGAGGACTTATGGAATGAATTCCTCTCTTCAATTAACGAAAAGTAAAATATATAGATAAAAATCACTGCATAGGGAAAAAAACTTTAAATTTTAGGTATACTGAAGACAACAAAAAATACATAACTTAAAATAAAGGGGCATT

>linker\_sequence\_876

CTTTATATACCAATAGCAGCAACATCCGGCCCCTTGTTTCTTTACGTAATTAAAAATCTCCGGGGCTAGCTTTTGCCGGGGAACCCATCCCGAAAAAATTGCAAAAAAAAAAATAGCCGCCGACCGTTGGTCGCTATTCACGGAATGATA

>linker\_sequence\_877

AATTCGGGTAGCATTTTATTTTTATCGCTTATAGGAAAAAGATATTTGCATATATATATCTATATATCCTATATACATCTATATAGTTATTGTGTAAGGGGTTTTTATAAGGTCCGATACTTACAGAGATTAATTTGTAAATAAAAGCAG

>linker\_sequence\_878

GTAAACCGGTTGATGCTATTGTTAATATATAACGACAAATGTTCAAGCAATTATATAACCATTTTCTTCCATATTCACCTTAAACGAGGTCGCCTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGGGCATCGATCGGCCCGGAGTCGTCGCCTTC

>linker\_sequence\_879

TCTACTTACTATTAGTCAGTACGTCCTTTTTTCATTTGTTTATAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCCTCTCAATATTTTAGAAGTAACATGACAGAGCAACACGTTTATTTTCCTACATATAGTCATAAGTATAAAAACGAGCGAG

>linker\_sequence\_880

GCTGGCTACTACAACTGCTAAAAACAATAGCATTAATAATAGTAATAGTAATAATAATAGTAATAATAATAAAAATAATAATAATAATCATAATAATAATAATCTACTCGGTAATGACATCAGTCAGATGGCCTTTTTACTCGATTACCC

>linker\_sequence\_881

AATCCAAAAAAAAAAAGTTACGCGTTTCGCGTTTTGGTGCGTCGGATGGAGAAGAAAAATGCTAAATAATTAGATATTGAAGAATCAGCATAAGTTGTGCGAAAAAGGAAGAGAATACATAAAAGAAAAGAAGGATATATAAGTAAAATA

>linker\_sequence\_882

CAATTTTATGTATTTTTTTTTTCTTTTGGTATAGCATTGATATATTGAAATTTGTATATATTGCTGCGAACACTATTTAAAACAGGTTTTTTTTTTATTTTGGCAGTTTGAAACCCTTTCCTCTGATGACTTTAGTGTAGTAAATGTAAA

>linker\_sequence\_883

TATTGATGAGGAATATAAAAATGTAATTAGGCAAACCTACGCGCGAAAATATAAGAAGCAAAGATATAAAGTGTAGTATATTTGAATATTTACATGAACGAAACGGCGACGTATAATGGTAATCGGCTGGGAACTTCATTAAAAAGTCAA

>linker\_sequence\_884

CAAAGGGGGGGGACCCTGAGAAAACTTCTCCCGAAAAAAAAAAAAGAAATATACCCACGCGTTCTTTACCCGGAAATAAATATCTTGATTTAGCCGCCGAGATTGTTATATATGCATCCAAGACCTCTGAATGGTGGCTAATTAAGACAC

>linker\_sequence\_885

ATAAAATGGAATTTAAAAAAGTGGGAAAGAAACAATGAGAATTCATAGGATATAATGAAAGGTAAATGCTTTAAAAAAAAATTAAGAGGGGAAAATAAAAGTAGAAAAGCAAATAAAAACAAAACATGGAATAAAAGTAACTTCAAAAAA

>linker\_sequence\_886

ATCCTTCGCTTAATATTTGATACGACTTTTTTGATTTCCATTATTATTATTTGTTACTATTATTATTTATCATTTGGGTTTCGGTTTTTTGTAATAATTTTCTTTTTTTTTTTTGGCTCTATTTCACTAAGACATCGTATATATGCCAGG

>linker\_sequence\_887

TAAAAACAGGAAAAAAGATAGATCTAGAGCTTCACGAATCTATTTATTAGTTTCAACGCGCTATATTATTTCGCGAGAACCAGTAATTCTCTATTTAAAAGCACTCTATTGCCTATCACAAAGTGCTCTGTTGTGTGTTGTTTTCAATGT

>linker\_sequence\_888

TAAAAACACATAGAAAATAAAAATACAGAAACTACAAAAGGCAAAAAAAATAAAAGAAAAGGTAATAAATTGAATGAATGTAGATATATAAATATCAATAGAAATACGTACGCGGAATTATTTCTCTTTGTAACAAATTGATCAAAAGCT

>linker\_sequence\_889

GTGACGCTAATATTATGTACCGCCCTTCCCCACACACACAAAAAAAAAAGGTTAAGGATAAAGATAAGTAAACTAATGGAATATATAAACAAATAAGTAAGTAGATACTGTAAATAGAACACACGTTTTTTAATTTATTTTTTTTTTTAC

>linker\_sequence\_890

TACACTTCAAACGGTTGGTGAAACAAAAAAAAAAAAAGAACCCATCCTAAAATACTGTTATTATTACTAAATAGTGCTAAATAATACATATGCCTTGATTTTATTTCCGAAATTTTTTGTTTTGTCAATTTAGGCTCTATTAGCTTCTTC

>linker\_sequence\_891

AAAATTTTTTTCATTCATTAACATGTGAAGGCAACATTCATCGATCTCCATCCCTACTGTCAAAAATATAAGTATATATATATATATATTTATATAGTCTATATATATATAGTCCCACTCTCAAACTAATATAACCTTTACAAACCTGTC

>linker\_sequence\_892

TCCTACAAGCGCTATAACATATGAAATATACATTAGTCGAATATTAACTTTGGGAGGTAATTACAATTCCTATCCGCTTTATATAATTTAGTGGAACTGGCACGCCGCTCGGAAAAATTGGACTTCAAATTACCCCGCGCGGAGATTTGC

>linker\_sequence\_893

AAAAAGATTTTCAGGTTTTAGGTTTTATTTTTTGTCTATTTTTAAATATATAATATAATAAAAAATAAATTGTGTCTAATATCCATAATTTGTACATTTAGATTATTTCTTTTGGTTCTTTATTCTGACCTATATAGACTACTCAACACA

>linker\_sequence\_894

ATTCCCTTTATTATAACTTTTAAGGTTTCTACCCACATATATGCAATTTTTATCATGTTTTTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCTTTGTTGTGTTTTCGAGAAAAAGTTCAATTGTTTAAAAGGAATTAAGCAAATTATA

>linker\_sequence\_895

TTGGAACGCGAAAAAACAAAACAGACGCGAGAACGCGACGCGAAAAAATATATTTTTCCGTTTTTTTTTTTTTTCGGAACAAAGATAACGCGTTAAAACCTGTGGATGTAATAAGGATCTGAAACACTGACTAAAACGCGTCCTCATTTA

>linker\_sequence\_896

GTCTCCTTCGTCAAAGACGACCACTTTCCCATTTTGGTCATTGGAACGCGAAAAAACAAAACAGACGCGAGAACGCGACGCGAAAAAATATATTTTTCCGTTTTTTTTTTTTTTCGGAACAAAGATAACGCGTTAAAACCTGTGGATGTA

>linker\_sequence\_897

GAAAAAAATGGATAAAAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAACAGCTTTGCTGGAGGATGATTAACTTTTAATTTTTTTAATTATTAGGTTTTTCAATTTTTTATGGTTTTTTGTGTAAAATGCAATGAACGAATCCATTTTT

>linker\_sequence\_898

TTACGCTAAAATAATAGTTTATTTTATTTTTTGAATATTTTTTATTTATATACGTATATATAGACTATTATTTATCTTTTAATGATTATTAAGATTTTTATTAAAAAAAAATTCGCTCCTCTTTTAATGCCTTTATGCAGTTTTTTTTTC

>linker\_sequence\_899

ATCGATAGATCAATTTTTTTCTTTTCTCTTTCCCCATCCTTTACGCTAAAATAATAGTTTATTTTATTTTTTGAATATTTTTTATTTATATACGTATATATAGACTATTATTTATCTTTTAATGATTATTAAGATTTTTATTAAAAAAAA

>linker\_sequence\_900

GGAATCAAAGATCTATAAATTTTATATTCATGAGCACATGTAGTTTTTTTTTTTTTAGTTTTAAATATAAGAAAAAAGATAGTATATATATATATATATATACATATACATATAAAAGGAAAGTAAGCTTATACAATACACAAATAAATT

>linker\_sequence\_901

ATTGAAAAAATAGTACAAATAAGTCACATGATGATATTTGATTTTATTATATTTTTAAAAAAAGTAAAAAATAAAAAGTAGTTTATTTTTAAAAAATAAAATTTAAAATATTAGTGTATTTGATTTCCGAAAGTTAAAAAAGAAATAGTA

>linker\_sequence\_902

GAAAAGAGAAAGGGAACACTTCTAATTTATCTTTAAAATTATATATATATATATATATATATGTGTGTTTGTATACTCTGTGGGTATTTCCGTGTATATGGTTAATAATAGTAGTATCTTGTCAGTTTTTTTTATGTTTTTCTTCGCGCG

>linker\_sequence\_903

AAATCCCATTAATTAAAAAAGAATTGTAACCTTATTTAAAAAAAAAAATAGTACATAACAATAAAAAAAAAAAAGATAATAATTTTGAATTTATTGCTAGACATTCTTACGTTTATTGTGTTCATGTTAACAAAAACACATGCCCGCGGT

>linker\_sequence\_904

TTTTATTATACCCTTTTTTTCTCTCTTTACTGTACAGAAGATGCGTCACTAATTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATAAAAAAGAAAGATTTTGGAGAAGCTATATCCTTTTGTGACATACAATAGAGAAACTTGTTCTGTTGGTA

>linker\_sequence\_905

CCAGGATAATTTTCAGGACACGTGTTTCGAAAGGTTTGTCGCTCCGAAAAAATCAAAAAAAACAAAAAACGGGAAATAACAATAACGACAAAAATGGAAAAAAAAAAAATTTTAGACGCGGCGCTTGCACCCCGCATTATAAGTGGTGTG

>linker\_sequence\_906

GAACGCGACGCGAAAAAATATATTTTTCCGTTTTTTTTTTTTTTCGGAACAAAGATAACGCGTTAAAACCTGTGGATGTAATAAGGATCTGAAACACTGACTAAAACGCGTCCTCATTTAAAATCAAAAAATTACTTCTTCTCCTCCCTT

>linker\_sequence\_907

CGTACGTCATCACTACGGGAAACCAAAAAAAAAAAAAAGAAAACAGTACAAAAAGGTTTACTTTACCCATAGTTAGTATACGTAGATTTTATACACGCACTATTTTTCTTATATACAGGAGATGGGTGGCCACAGAACCCGCGCCTAGCC

>linker\_sequence\_908

TAAATCGCATTTCTTTTCGTCCACATTTGCAAACAAAACTTTTCAATAATAATTTTATAAATAGTATCAATATATATATATATATATATATTTATTTGTTTACTTTTTCTATCAGTGTTTTCAATTTTTTATTAAACAATGTTTGATTTT

>linker\_sequence\_909

CACACCTTTATGAGAAGCGAATTTTTTTTTTTTTTTGGTTTAAATATATATATATACATATATATAGATATAGATATACACATGTATAGATGTATTCTAGTTATGCTTATACCTAGAACTGATCAGACCAGATCATACCTGGTATAGAGC

>linker\_sequence\_910

TAGTTTTTTTTTTTTTAGTTTTAAATATAAGAAAAAAGATAGTATATATATATATATATATACATATACATATAAAAGGAAAGTAAGCTTATACAATACACAAATAAATTCATATCAAAGAATAATGAACCGCAATATTCAGAAACACAG

>linker\_sequence\_911

GGTGAAACTCTCGAGCATACATTACCTTACGTGTGTTAGTGTACTATATTATATATATATATATGTATATATATAAAGGGAGGAGTTTTTAATTATAATTGTAATTTCGTATTTTTTCTGCATTATACAGTTTTTTCCGATTTTAAACGA

>linker\_sequence\_912

ATTTTTATTTTCTCTTTCGTATTAAACTGATGGAACAAATGAAAAAAATGGATAAAAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAACAGCTTTGCTGGAGGATGATTAACTTTTAATTTTTTTAATTATTAGGTTTTTCAATTTTTT

>linker\_sequence\_913

CCTCTGACGAAGGTGGTAGAGAACAAGAAAATGAATAACATTATATCATATTCCTATATATATATATATATATATATATATATCATATAACGGTGGAAAATCCCGGCGATATTACAGATAAACATTACACCCGCATGAATGTGAGCCACT

>linker\_sequence\_914

GACAATAAAAAGGAATTTGACAGCACAAAAGAGAAAAAAAAAACTATACATAAAATTTTTTACATATGAATTGCTTAGAGTAAAATAGGCATTTTTCATATCTTCTTCCCAATTATTAAATTAGCAAAAAATTGAATAAAAAAAGCAGGT

>linker\_sequence\_915

AAGGTTTGTCGCTCCGAAAAAATCAAAAAAAACAAAAAACGGGAAATAACAATAACGACAAAAATGGAAAAAAAAAAAATTTTAGACGCGGCGCTTGCACCCCGCATTATAAGTGGTGTGCCGACGGACGGTCAACCCCTTTCAGGGGGC

>linker\_sequence\_916

ATTATTGATGCTAATACGGGTTTTTTATGAAAAAAAAAGGATAACAAACTTATATAAACTTATATAAAAACATATACAATAAATGATCTACAAAGGGTAGGAAATAAAAAATAAGGGAGAAAAAAAAATACATGCGTAAGTACATTAAAA

>linker\_sequence\_917

GTACAATGAATTCAAAACATGAAAATTGTTCAAAGTTTTTATTTTTATTTTCTCTTTCGTATTAAACTGATGGAACAAATGAAAAAAATGGATAAAAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAACAGCTTTGCTGGAGGATGATT

>linker\_sequence\_918

ATATTTAATACTAGATGTATATACGTTGTGTGTATGCGCTACTATAGTATAGCTTAACTGTTTTATTATACCCTTTTTTTCTCTCTTTACTGTACAGAAGATGCGTCACTAATTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATAAAAAAGAA

>linker\_sequence\_919

CGTGATCGTCATCCATTGAGCTTTTCTTTCCTCTCTCTTTTTTTTTTCTTGTTACATATTCCTATATATATGTATATATATCTATATATATATATATCCCAGCGTATATGACTGCACAAGACGCAATTTTCTTGAACGGTTTTTTCTTTT

>linker\_sequence\_920

ATGATATTTGATTTTATTATATTTTTAAAAAAAGTAAAAAATAAAAAGTAGTTTATTTTTAAAAAATAAAATTTAAAATATTAGTGTATTTGATTTCCGAAAGTTAAAAAAGAAATAGTAAGAAATATATATTTCATTGAATGGATATAT

>linker\_sequence\_921

TATATATATATTTATTTGTTTACTTTTTCTATCAGTGTTTTCAATTTTTTATTAAACAATGTTTGATTTTTTAAATCGCAATTTAATACCTAAATATAAAAAATGTTATTATATTGCAAAAACCCATCAACCTTGAAAAAAAGTAGAAAC

>linker\_sequence\_922

AAAAAAAACAAAAAAAAAACAGCTTTGCTGGAGGATGATTAACTTTTAATTTTTTTAATTATTAGGTTTTTCAATTTTTTATGGTTTTTTGTGTAAAATGCAATGAACGAATCCATTTTTTATTTTGCAAGTGTGAGAGGCCTTTATAAG

>linker\_sequence\_923

CTTATTTAAAAAAAAAAATAGTACATAACAATAAAAAAAAAAAAGATAATAATTTTGAATTTATTGCTAGACATTCTTACGTTTATTGTGTTCATGTTAACAAAAACACATGCCCGCGGTTATTATCGCTTTTTAATTGCTTTCTTAAAA

>linker\_sequence\_924

TCATATATACTTTTACTGACACCTTTCGTCACTATTTTTTGTTTAACTTTTTTTTTGGAAGTACTAAAATTATATGCTCGTAATTATTGAGTATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTGCTGTGACACCCCTTCAATGTGGTGTCTATACA

>linker\_sequence\_925

ATGTAATTATCTCTCTCCCAACGTTTTAGAAGAGGTTTTCGTCTCCTTCGTCAAAGACGACCACTTTCCCATTTTGGTCATTGGAACGCGAAAAAACAAAACAGACGCGAGAACGCGACGCGAAAAAATATATTTTTCCGTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_926

GCGCGTACATGATACGAGACGACAAGATATGCAAAAGATAATAGTGTCATCACACCTTTATGAGAAGCGAATTTTTTTTTTTTTTTGGTTTAAATATATATATATACATATATATAGATATAGATATACACATGTATAGATGTATTCTAG

>linker\_sequence\_927

AAGTCCTAGATAATCATCTTTTGTATTTTTTTTCTTCCTTTTATTAGTATGTATACATATATATTACTTTTTATATTCTTTATAGCGCATTTTAAACACCTTTCTGAAAAAATGCTGAGATTTTTGATGCTAATCGAAAGATTAAAAAAA

>linker\_sequence\_928

AGCCACTTAGACAGAGAGAAAACGAAGTGAGAAGAGGCTAGTATTTTTATATCTTAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAAAAACATAAATATTTGTATCTTATTGCTTATGATGATAATGTACAATGAATTCAAAACATGAAAATTGTT

>linker\_sequence\_929

TAAACATATAAAAGTACGATTAGTTGGTGTGGTTATATAAGTCATAAAATAATTATCATATTAAAAAATTGAAAAATAAAAAACTACTCTTTTTTATTTCAATAGTTCTCGTTATTAGTAGGTCGTGCTCTTAAAAGATTACCCTTTCAG

>linker\_sequence\_930

AGAGTAGAAAATTTTCATAACGAATCTCTTCTATTCTTATGTACCGTTCCGCCAAATTTTTCATGAAAAAATTTGGGAAAAAGAAAAAAAAAAAAAATAGTATATAAAGTAAAAAAGATGCGCAAGCCCGGAATCGAACCGGGGGCCCAA

>linker\_sequence\_931

GAGAAAAAAAAAACTATACATAAAATTTTTTACATATGAATTGCTTAGAGTAAAATAGGCATTTTTCATATCTTCTTCCCAATTATTAAATTAGCAAAAAATTGAATAAAAAAAGCAGGTGGTTTAAGAATTGCGCAGGGAGAAGAAAGA

>linker\_sequence\_932

GAAAATAAAAAAGCCAATGAGAACAATATTTTGTGTCGTTTTTTTTATTTTCGCTTCAATTCTCTATACACGTACGTCATCACTACGGGAAACCAAAAAAAAAAAAAAGAAAACAGTACAAAAAGGTTTACTTTACCCATAGTTAGTATA

>linker\_sequence\_933

AAACAAAACTTTTCAATAATAATTTTATAAATAGTATCAATATATATATATATATATATATTTATTTGTTTACTTTTTCTATCAGTGTTTTCAATTTTTTATTAAACAATGTTTGATTTTTTAAATCGCAATTTAATACCTAAATATAAA

>linker\_sequence\_934

CTTTAAAATTATATATATATATATATATATATGTGTGTTTGTATACTCTGTGGGTATTTCCGTGTATATGGTTAATAATAGTAGTATCTTGTCAGTTTTTTTTATGTTTTTCTTCGCGCGTCAACTTTCTACCAAGAGAAAAACAATATA

>linker\_sequence\_935

GGAATGGGCGTCCGCTCCACCGTGGTCAAAGACAGGGGCAAAGAGCTCCTAGGTCTATATATATATCTATATACATATTTATATATATTATTAGAACTTTACAATATAGTATATACCATTCATTGTTTAAGTTTCGGGTAATACTTTTTT

>linker\_sequence\_936

AATGATATCCGGCTTTTCCTTATAGGGAATAGTGGTGAAAGTTACGTAAATATATACATATAGAGCGGAATGGTACTGCATATTTTTATTATTTTTTTTTTTGAATATATATAAAGCATCGTCGCTTAAGACTAAACCTTCGAGGATCTG

>linker\_sequence\_937

AAACTTACACGAATAGGATAACATGTATGCTAGCAGAATATATATGAAAGAAAAAAATTATTGATGCCTTTAAACTTATACTATTATACTATATTATGTTATATTATATTATTAGTTTTATAGATATATTGAGATATGTTGAATATGATG

>linker\_sequence\_938

ATTACCAATTAGACATGCTGCTTGCAACAAGAAAATGCACGCGTAACAAAATATATATATATATATATATATATATGTATGTCCATACGGGTTTTTCGTTTTGTTGTGGTTGTAACAGCACAACAAAATGCTACACGGTGGCAAATTGGA

>linker\_sequence\_939

GCTTATTTTTTTAATTCTTATGAAAAAAAAAATGTGAAAGAGAGTAGAAAATTTTCATAACGAATCTCTTCTATTCTTATGTACCGTTCCGCCAAATTTTTCATGAAAAAATTTGGGAAAAAGAAAAAAAAAAAAAATAGTATATAAAGT

>linker\_sequence\_940

TCAGCGCCAAACAATATGGAAAATCCACAGAAAGCTATTCATTGAAAAAATAGTACAAATAAGTCACATGATGATATTTGATTTTATTATATTTTTAAAAAAAGTAAAAAATAAAAAGTAGTTTATTTTTAAAAAATAAAATTTAAAATA

>linker\_sequence\_941

TGATTCACAACCATTTTAGATGTCTGCAGCTTTTTTTTTTTTGATTTTTTTACTAATTTTAGTGCGATTTTAGAATAACTCTTGGATTAAATAAATAAAAAAAATACAATTATCACTCAGATTTTGAAGCAATCTGATAAAAATTGCAGC

>linker\_sequence\_942

TAGCAGAATATATATGAAAGAAAAAAATTATTGATGCCTTTAAACTTATACTATTATACTATATTATGTTATATTATATTATTAGTTTTATAGATATATTGAGATATGTTGAATATGATGACGAGGATGGTGGTTTAAGTGTATGGATTG

>linker\_sequence\_943

AGGGAGGGATAATCGATCCCCAAATGGACAATACGATGTAACACCGTTATATAATTAATAAATGTATATATGTAACTATTTTTTGAAAAAAATAAAATGGTAATTTATTAAATATTTGGACCGGTCAACAATCTCAGATATAGTTGAAAA

>linker\_sequence\_944

GAAGAGGCTAGTATTTTTATATCTTAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAAAAACATAAATATTTGTATCTTATTGCTTATGATGATAATGTACAATGAATTCAAAACATGAAAATTGTTCAAAGTTTTTATTTTTATTTTCTCTTTCGT

>linker\_sequence\_945

AATTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATAAAAAAGAAAGATTTTGGAGAAGCTATATCCTTTTGTGACATACAATAGAGAAACTTGTTCTGTTGGTAAGATATCTCATCTGAAATACAACAAGGAAAACCAAAAGCCATTTTTTCAT

>linker\_sequence\_946

TTGAATATTTTTTATTTATATACGTATATATAGACTATTATTTATCTTTTAATGATTATTAAGATTTTTATTAAAAAAAAATTCGCTCCTCTTTTAATGCCTTTATGCAGTTTTTTTTTCCCATTCGATATTTCTATGTTCGGGTTCAGC

>linker\_sequence\_947

TATATAAAAACATATACAATAAATGATCTACAAAGGGTAGGAAATAAAAAATAAGGGAGAAAAAAAAATACATGCGTAAGTACATTAAAATTACAGGAAAAATCTTACTTTAGTTCTGATATTTCACCATCGCGATACACCAACCCCATA

>linker\_sequence\_948

TTCTACTTTTATATCCCGTTTGGCTGATTACGGATCACGTTCAAATTGGTAAATCCCATTAATTAAAAAAGAATTGTAACCTTATTTAAAAAAAAAAATAGTACATAACAATAAAAAAAAAAAAGATAATAATTTTGAATTTATTGCTAG

>linker\_sequence\_949

TTGTGTCGTTTTTTTTATTTTCGCTTCAATTCTCTATACACGTACGTCATCACTACGGGAAACCAAAAAAAAAAAAAAGAAAACAGTACAAAAAGGTTTACTTTACCCATAGTTAGTATACGTAGATTTTATACACGCACTATTTTTCTT

>linker\_sequence\_950

GTCTTCCAGGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGCCAAAATAAGGAGCCTTGAAATGTGTATCTGATATATATAATGTGTATGTAAATATCTATTTAATTAGCCATTGGGATTTCAACTTCTTGTTTGAAACAGAAGGACGGATAAAA

>linker\_sequence\_951

GAACTTCCATAGACATTGAAAAATAACGAAAGAATAAAAAAAAAATCTTTTTTTTTTTTTGATATAAATACAGTTGACTATATAAACATATATCAATACTATAAGCCTATATTTGATCAAGACGACATTATTTAGGTGCATCAACAACGG

>linker\_sequence\_952

GTCTAGCACTTGAGTATACCTCTATATGCTGTGTAAAATAGAAAATAAAAAAGCCAATGAGAACAATATTTTGTGTCGTTTTTTTTATTTTCGCTTCAATTCTCTATACACGTACGTCATCACTACGGGAAACCAAAAAAAAAAAAAAGA

>linker\_sequence\_953

GATGTATGTTTTTCTTTATGTAGAGCTTGGCAGCTTTAAAATTACCAATTAGACATGCTGCTTGCAACAAGAAAATGCACGCGTAACAAAATATATATATATATATATATATATATGTATGTCCATACGGGTTTTTCGTTTTGTTGTGGT

>linker\_sequence\_954

CCACGGCCTAATCTCTGTAAGGATTGTATTTTATTTTTTATTTATTTATTATTTAGATTTTCTAAAAATAAAAAAAAATCATACACTATTTTGATTACACTACTATGTAATTTATCTTTGAAAACAACCATGAAAAACTCAATTTTACAC

>linker\_sequence\_955

AAGTCAAAAAATAGTTTTTGGGATATATCTTGTGATCAAATGCTTTGCAAAAGGGTAAAACAGCGTTTACAATAGGATAGCCAAAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGAAGTTAGTATCGAGCTCAAACAATTTTAGTTTTG

>linker\_sequence\_956

TTTTTCTTTGTTCTTTACGTTTGATTCTATTTCAACCATAATTTATTTTTTCGTTATTTAATAATTACTAATATTTAATACTAGATGTATATACGTTGTGTGTATGCGCTACTATAGTATAGCTTAACTGTTTTATTATACCCTTTTTTT

>linker\_sequence\_957

TTTTTTTGGTTTGTGTACGTATCCCACCGTACTTACCATCTTCTCTCCTTTATATATATATATATATATGTATATTTTCAGTGTATATACATACATTCTTATACAATACCGTATAAGAACGTATGTATGTATGTATGATTTTCTCACATT

>linker\_sequence\_958

TCGTATTTGCAATTTTTGGAAATTAATTGTGTAGCTTTTCTTCTCTTAATTGGTGGCAGTTTTTATATATTCAGTTTAGAATACCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTCGCTTTTCGCATCTCATCGCTGGAAGTGGTGCTCTTTTACAG

>linker\_sequence\_959

GACAGGGGCAAAGAGCTCCTAGGTCTATATATATATCTATATACATATTTATATATATTATTAGAACTTTACAATATAGTATATACCATTCATTGTTTAAGTTTCGGGTAATACTTTTTTTTTCCTTGTCATAACCCCAAAAATTTTCGA

>linker\_sequence\_960

AGCGCGCAACTGAAAAGATTTCTGATGGTAACAATACTACGGATAGCAATCAAAAACATCATCCTTATCATAATCACCCTTCCAACGATAGCGGTAATGAAAAGAATTGACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTCTTTTCCTCACCGA

>linker\_sequence\_961

TATTTAAACCATGCATGTGTGTACATACATACATACACACATACATACATACATACATATATTTATGTATATTTATGTATATATATATATATATATATATGCGTAATTATGCAGATTTCTCCTTGTGTGCTACAGCGGGTACTCTGACGC

>linker\_sequence\_962

GTGGACATCTGTATATTGTGTTAGTGTGTGTTTATCGAGGTTACAAATATAAAAATCTTGTGATATATGTCTTTTAAAGATACTCTTTTTGAAGCTCATCGCATTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTAAAATTTTTCACCGGTTTCTCGGG

>linker\_sequence\_963

AAAAAGTGAAAAATAAACAGAATGTGATAACGGTAAAAGAAAATCAAAAATAAACAAAAAAAAATACATATATAACTATTATTCATGATAGTAAACAGGTGAATTAAGATATTTAGTACAATTGTCTATTACCCCAATAGGCATAATCCT

>linker\_sequence\_964

TCTTTTTTTTTTTATTCAGAATATCTTCAAGTTTTTTTGTATCTTTTTGTATTATTATTAAACTTCTTTATAATATTTGTCTTATAAAATCCTATCATAACATGACTATGGCTTGGCCTAGACTCGGGTGCCATCTTTTTTAATGCGACT

>linker\_sequence\_965

GTAAAAAATAAAAAAAATAACCATGGAATATGTTTCTAAGAATTCGCAATCCTTGTTTATATAACTATAGCTTTTTTTATGTTATAAGAAAACATTTATTCCTTTAACCAAAAGGAAAAAGGTAACAACCCCACTTACCCCTCTGTCAAT

>linker\_sequence\_966

TGTGATCAAATGCTTTGCAAAAGGGTAAAACAGCGTTTACAATAGGATAGCCAAAAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGAAGTTAGTATCGAGCTCAAACAATTTTAGTTTTGCTGGACATATTTTCAGTTTCATTACTGTAT

>linker\_sequence\_967

GAGCCGCCCATGCGGAATCATGTCTCCGCGCAGAGGACTCATTAGTTTCCGTTCGCGGTGATTAGTACTCGCGAAAAGAGAAAAAGAAAAATAGTAGGAACATTTCGCAATTGATCAAAATGTAAACAGTGCAGTAAAGAATGGGACCAT

>linker\_sequence\_968

CGGCAAGATCATTGGAGCTAACCCTACTGCTTTAGAGAAGGGAATCAAAGATCTATAAATTTTATATTCATGAGCACATGTAGTTTTTTTTTTTTTAGTTTTAAATATAAGAAAAAAGATAGTATATATATATATATATATACATATACA

>linker\_sequence\_969

TCAATTTTTTATTAAACAATGTTTGATTTTTTAAATCGCAATTTAATACCTAAATATAAAAAATGTTATTATATTGCAAAAACCCATCAACCTTGAAAAAAAGTAGAAACGTTTTATTTAATTCTATCAATACATCATAAAATACGAACG

>linker\_sequence\_970

CAAAAACATCATCCTTATCATAATCACCCTTCCAACGATAGCGGTAATGAAAAGAATTGACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTCTTTTCCTCACCGAAAACTAATTATTCTTAATCTGATGGATTCATCGCAAACGGTTGGATGAGT

>linker\_sequence\_971

CTATTCTTATGTACCGTTCCGCCAAATTTTTCATGAAAAAATTTGGGAAAAAGAAAAAAAAAAAAAATAGTATATAAAGTAAAAAAGATGCGCAAGCCCGGAATCGAACCGGGGGCCCAACGATGGCAACGTTGGATTTTACCACTAAAC

>linker\_sequence\_972

TATATGACCCTGTATTTAATGTACGCGGTTAAAAAATTTTTATATTTTTAAATAAGTATCAACTTGGATAATATGATCTTGCCCGCAAGGTGGTTTTATATGAATAATTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATT

>linker\_sequence\_973

ATACATGTATCTTTTTGGTTGGTTAATTTATCTAAACAGTTTTATATATATATGTATATATATATATATATATACACAGTATTAATATTCTTTCCTTGAGATTACTCTCTATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTTTTAAAAAAAAAAAAAC

>linker\_sequence\_974

ATGCCGCGCGCGCGAATTGCTCATGATATAATAATAGCTAATAATATGATAATATGATAATAATAGATAAGATTACTGATAACATTATTTTAGTATTCAAAAGCGTATTACATATATATAGTCGAGTAAATACTTTTTTTTCAATGGGGA

>linker\_sequence\_975

GTATATAACAGGGCACTTTCGGCAGTGAATCAATAGGAGGCGTATAAGAAAAGCCAATTAGTACCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATTCCTTTATTATAATTCCTATCAGCGATTTTTGCATCACACCCAAGAAA

>linker\_sequence\_976

AAAAAATTTTTATATTTTTAAATAAGTATCAACTTGGATAATATGATCTTGCCCGCAAGGTGGTTTTATATGAATAATTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTGAACAATAGATGCAGAGGAATGCTCCAAAA

>linker\_sequence\_977

TATATACCGTATATCGGTTCTTTCCAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTGTAATATTAAAAGAATAAACATTTATCTGATATGTAATTGCATTTATAAAATGTACAGTACCGCATTTAAAGTTTGCTGATAAT

>linker\_sequence\_978

AACAAAAAAAAAATTGAAAAGTAACTACAATTGTCACTAGTTATTATTGGCCAAGTCATAAAGGGACCTTGTCTCGATTTTATATACCGTATATCGGTTCTTTCCAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTGTAA

>linker\_sequence\_979

CAATAGGAGGCGTATAAGAAAAGCCAATTAGTACCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATTCCTTTATTATAATTCCTATCAGCGATTTTTGCATCACACCCAAGAAAAATCTATAATAGAGACACAAAAAAATGAAC

>linker\_sequence\_980

TTATTATTGGCCAAGTCATAAAGGGACCTTGTCTCGATTTTATATACCGTATATCGGTTCTTTCCAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTGTAATATTAAAAGAATAAACATTTATCTGATATGTAATTGCATT

>linker\_sequence\_981

ACTCCACTTTGCTTCTATAGTCCTATCTATTGTTCTTTTTATTCCTAGCATAACCTTATTGTATTGTTCTTTTTCTTTTTCCTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCACATCTTTTTCCACGGCCGCTCAAAGGGGTCTC

>linker\_sequence\_982

ATATGATCTTGCCCGCAAGGTGGTTTTATATGAATAATTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTGAACAATAGATGCAGAGGAATGCTCCAAAATTTATTTCCTTGAACAATATTACAAGAGGCAGATATATAC

>linker\_sequence\_983

ATTCAAAATGCCTACTTACCGCATTGTATGTGGGAGAATGAACATATCTGTAATTGTATTATATAAAAGTAGTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTGTAATGCAAATACAAAAAGAACTGCAGGCATTTTGAA

>linker\_sequence\_984

CACCGCAGTTATTTATGATCATTTCGAACGGGAAGTATGGATGAATCTTTTTTTTTTTTTTTTTATAGCACGCAACTGAAAAAAAAAAAAAGAAAAATTTTTCATCTTCGCTCGACGTTTCTTTTGTAGTACTCATCTCTTTTTATATAA

>linker\_sequence\_985

CTGTTGGACGGTTGTCCGCGCGAGTTCGAACCTCGCATCCTTCAATAACTTATTTTTTTCCTCAATCTTCGATATTAGACATTTTTTTTTTCCTATGCCTCCCTTTTCCAAGTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTCCTCTC

>linker\_sequence\_986

TCTTTTCCTTTTTGTCCTTGTCCTTTCTTTCCTATTTATATATATATATATATATATATATAATACTACTATGTTATATTACATTATATTATTATCACAATAATTATTACGTTCATCGTGCCGAAACGTCACCTCCCACGGTTTGGATCT

>linker\_sequence\_987

GCTATTGGTAACCATGAAGTGTAAGGCGACGCAGGAGAGATGAAAAGAATGAAATTAAAAGAAATCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAGAAAAAGGGGGAATAACACAGCCGCGGGTAACATGAAGCGGCGCGAGCG

>linker\_sequence\_988

AACGGAATAAGAGGAAAAGACCTTTTATCTATTCAAATTGTTTCCCTTAGGTATATATATATATATATATATATATATATATTTTCCCTGTATATATCTATGTAAATGACGAAAACGCATGACATTTTAAAACCTACCCCGGGTTTGACC

>linker\_sequence\_989

TGACCTGTACACTAATTAAAACACTTTTATCCATTTTTTTTCGTATAAGCATATTTTACATCTTTATATATATTTATTTTTTTTTTTTTTATTTTGGTAGAATAGATTACATATACAACTTTTTCATAATGTCAAACTATAGAGTTTTAT

>linker\_sequence\_990

GTAAATCAGTAAAAAAAAAAATTAACAGTTTTTTTTTTTCATTTTTTTTTTTTATTCTTATTTATGTATGATACTTTATTATTATTTCTCTTAATTATTTATTTATTTAACTAACACGATGAGCACTTTTAACTGCAATGGTTAAACTGT

>linker\_sequence\_991

TGTTCTTTTTATTCCTAGCATAACCTTATTGTATTGTTCTTTTTCTTTTTCCTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCACATCTTTTTCCACGGCCGCTCAAAGGGGTCTCACACTGGATTAAAAGCTGAAAACAAGAAAT

>linker\_sequence\_992

TGTTCGAAAAAATAAGTATTTGAAAACGAAAAAATAGTTTGTATGTTTGTATATAAGTTGTTATTATCAAAAATTAGAGGGAAAAAGTAACTAAATATATATTAAAAAAAAAAAAAAAATAAATGTATGTTGGAATGAAATAGCGTAGTA

>linker\_sequence\_993

CACATTGTTATATATGTATCTATAAAGCGAAATTTTTTAAAATTAATTGATTAATTAATATTTTGTATCTAAAGTGTTCATACTATATTATTTACTTAGATTATACATAATTAAAAAAAAAAAAAACTTTTTTTCCTTGTTTTCATTTTG

>linker\_sequence\_994

TCTAAACAGTTTTATATATATATGTATATATATATATATATATACACAGTATTAATATTCTTTCCTTGAGATTACTCTCTATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTTTTAAAAAAAAAAAAACTCAAAAAAAGAAAGAATATTCAAAGAAAGT

>linker\_sequence\_995

CGTAGCCCAATCTACCACTTTTTTTTTTCATTTTTTAAAGTGTTATACTTAGTTATGCTCTAGGATAATGAACTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTACTGTTATCATAAATATATATACCTTATTGTTGTTTGCAACCGTCGGTTAATTCCT

>linker\_sequence\_996

AGGGGATAAGGGGCTTCGTCCTACACGATGCTCCTGTCGTTTCTTTTTTTCATTTCTTTTTTCGCCCAGCGGGAAGTACGCGGAAAACAAGAAACAAAAAAAAAATAAAAAAATAAAAAATAAAACAGAAACTAAAATCTGATGATGAAA

>linker\_sequence\_997

GGTTAACCCTTTATTAAAATAAAAAAAAAAAGCATGCATAACACTAATAATATATTATTAAAAAAAAAGCCAATCTATATTATTTAAATTATCCGAAATTACTTTTATTACATTATGACATTCTATAGTCTATGCAAGCGGATCAAAAAA

>linker\_sequence\_998

CTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTGAACAATAGATGCAGAGGAATGCTCCAAAATTTATTTCCTTGAACAATATTACAAGAGGCAGATATATACTTTTCCTTATTTCCCTTAGTAAAGAATGATGCATGTATAC

>linker\_sequence\_999

ATGTTACCCGTTTATACCTCTATACGATTATTAAGGGAGGGTAATACTTTCTCAATTTTTTTTTTTTCAGTTTTTAATATTATTTCCTTAAGATTTTTCGGTGGCGTTTCGCGACAACTTACGAGAAAAAAAAAAAAGAGGAGACTTGAA

>linker\_sequence\_1000

TTCTTTTTTTCATTTCTTTTTTCGCCCAGCGGGAAGTACGCGGAAAACAAGAAACAAAAAAAAAATAAAAAAATAAAAAATAAAACAGAAACTAAAATCTGATGATGAAATTGATATTCAATTGGAGAAAGAAGAAAGATCTTGTTTAAT

>linker\_sequence\_1001

ACGCTATATACTAAATAACAATAAGAAAAAGAAAAAGAAGCACAATATAGGAAAGCGTTCTAATTAACTAAAGAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAATAAAAAAAAGGTAACTAAAAAGGACAAAAAACATAACAGCTGTTTATAAAGTAC

>linker\_sequence\_1002

CAAATTAGCTATTATTTCTCATTTGGTGATAATAATATATACATACATATATATATATATATATAAATATATAGGTATATATATAAATAACCTAAGACAAGTTAAATGAGTATAAAAAACCTTGAACGTAAATGAAAAAAAAAAAAATAC

>linker\_sequence\_1003

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAACAAATGAGCAACCCATCAAATACCAAGAACAAAGAATTTAATATAATATATAGTTATTAAATTTAAATGTATATATGCAGTTCTGCTCTTATTTTGTGACCAATTTCTTTAAGTCATCCAAACCGA

>linker\_sequence\_1004

GTTAGTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATATTATTATTAATACTAAATATTGACACTGCTTTACGCACTAGATTGTGCGGGTAACTGAATATTTTTTGAAAA

>linker\_sequence\_1005

TGAAAAGAATGAAATTAAAAGAAATCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAGAAAAAGGGGGAATAACACAGCCGCGGGTAACATGAAGCGGCGCGAGCGATACTTCCGTGTTAAGTGATATCCATCTTTCTGCGGGTAA

>linker\_sequence\_1006

GTTTTTTTTTTTTTTTTTGTACAGATTAGAAACCATACAGTGTAAACCATTATATAGGTCAATTAATATATTTATAGATCATCCTGTCAATTTTTTTTTATTTTTTTTTGCAAAGCTCCCTTTTTCCTGAAACCAACAACAAAATATAAA

>linker\_sequence\_1007

CCCGGCCTCTTAAATAAAAACAATTACCACTGCAAAAATGTTCTTCAAACGCGTTTATTATATAATGAAAAAGAAATTCAAATTTTTCGCGTTTGAAAATTTATGCTAAACAAATAACTCGAGGAGGGACGCGTCGAGAAAATCGCGTCT

>linker\_sequence\_1008

CCAGCTGTAAAAAACCAGCAGATATCGCATAAAAAAATGGCCAGCTATAGAATAAAATTAGCCCAGCTATATTTTTATAGCGTCTTTTGATGACGCGAAAAGTAGACTTCGCGTAACACGAAAAATGCTGGTGCAGGTGGATTTTTTTGG

>linker\_sequence\_1009

AGTAGAAGAGTTATGTTACAAATGTTGATATATATATATATATATATATATATATATGTATGGACATTTGTGATGAAAATATATCTTGAACAAGCGCGATTAAGGTCATAATAAAAAATCACAGAAAATTTTTCAGGTCGCGGGCGTTCT

>linker\_sequence\_1010

ATCATCTTTGAAGGCTTGTGCTGATCGAACGAAGCAAATCCTACGAGTAAATACATAAGCGTATACATATATATATATATATATATATATATATATATATGTATATATATATATGTGTGTGTGTGTAATTGTGTGTATTCAACTGAACTA

>linker\_sequence\_1011

GTAGTATTATCTGTGTGACGGATTAAGTTTGCTATCTCAAATGCCGCGCGCGCGAATTGCTCATGATATAATAATAGCTAATAATATGATAATATGATAATAATAGATAAGATTACTGATAACATTATTTTAGTATTCAAAAGCGTATTA

>linker\_sequence\_1012

TTTTTTTTTTTTTTATAGCACGCAACTGAAAAAAAAAAAAAGAAAAATTTTTCATCTTCGCTCGACGTTTCTTTTGTAGTACTCATCTCTTTTTATATAAAGATTAATTAGTTATTGTCGCTTTGCTTTTCCTTCTTTAAAAAATGTTTC

>linker\_sequence\_1013

ATTATATTCTAGCTTCGTTGTCATGGGAACATAGCCCATACACCGCAGTTATTTATGATCATTTCGAACGGGAAGTATGGATGAATCTTTTTTTTTTTTTTTTTATAGCACGCAACTGAAAAAAAAAAAAAGAAAAATTTTTCATCTTCG

>linker\_sequence\_1014

CGATGCATAATTGGCATCTAGCCCCAATGACGATACACTAATATATATATATATATATATATCTATATATCTGCAAGAAATAAGCGTGTGTAGTAAGTAAAAGGAAAAATAGAAATTTTTGCTCAAAAATAACGGTCCCATTTTGATACA

>linker\_sequence\_1015

CCAGTCAGCGACATCTGTCTTTTTTTAATTACTATTGCTGTGTACTTATAGAGTCGGTGGCATTTATTTTATTTTTAGTATTTTTTTATACGTGCGTATTCTATTGTTCATTTTTTTACCAATTTTTTTTTTATTTTTATATTTTGTTTC

>linker\_sequence\_1016

CAAAGCCGCGGCGTTCCCGGAAAAAAAAAAGGAAGGCCACGCTATTGGTAACCATGAAGTGTAAGGCGACGCAGGAGAGATGAAAAGAATGAAATTAAAAGAAATCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAGAAAAAGGG

>linker\_sequence\_1017

TTAATTAATATTTTGTATCTAAAGTGTTCATACTATATTATTTACTTAGATTATACATAATTAAAAAAAAAAAAAACTTTTTTTCCTTGTTTTCATTTTGTTTTTATTATTAAATATTAAAAAAAGTGTCCATAACATCAATGTTTTTTT

>linker\_sequence\_1018

ATCTGAAAACTTCTTTTGCGATTCATAACCAACAGAAAATTTTGGAGGAAAACAATGTAGCTGTATAAATATATATATATATATATGTATGTATACTTATTTATTTATATATATATCACAAAAGGCTACCAAAAAGATTAGCCGCCGAGG

>linker\_sequence\_1019

TTTTTTTTTTTCTTCTTTTATTATTTTTTATGTTTATTCCATATATACACTTATAATTTTTTTTTTTGCGATTAATATAAGTTTGCCTGGATACACGAACATATATATGATTAAAATGGTTGTCTCGAACAAAAAAATTCACTTTTTAGA

>linker\_sequence\_1020

TAAAAAAAACTTTGGAAGCGTGCACACTCAGTCTTAAATCTGCCCTATACTACCGAAGATAAATACATGAACTACACGTATCATATAACATCATATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTAGGCTTTTACTAATACAAGGGCCTTA

>linker\_sequence\_1021

CATATTTTTTCCAGTCACTATCATCATCATCATATTTTGTATATATACATTTATTATATAAAATATCATACCAATTTTTGCCAAAGAACACCGTTTCCCTCTTCGCGTTGACCACAGTAATTGCAGAAACGACAAAAAAAAAACAAAAAA

>linker\_sequence\_1022

TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTGTAATATTAAAAGAATAAACATTTATCTGATATGTAATTGCATTTATAAAATGTACAGTACCGCATTTAAAGTTTGCTGATAATTAAATCTAGAATTTTATACCTAGGATCATC

>linker\_sequence\_1023

ATTTCCCTTCCGAGTCACTTATTTTTTTTTTCTTCTGAAAAAATTAATTAGATTAATTTCAATTAATATCATTTCCGCTTATCTGACTTCTTTCATTTTTTTTCTCTATATTTCGCGTTTACTAGGAAAGAAAAGGAAAAAAAATTTTTC

>linker\_sequence\_1024

TTAAAAAAAAAAAAAACTTTTTTTCCTTGTTTTCATTTTGTTTTTATTATTAAATATTAAAAAAAGTGTCCATAACATCAATGTTTTTTTTTACCTTTGATTAGTTTTCATTGGCGAAACCATAATCCCCGTTCCATTCCCATCATAACT

>linker\_sequence\_1025

AGAAGAAAAAACAAAGAAGCCTCGCAACAAACCAAGATGGATTCAAAATGCCTACTTACCGCATTGTATGTGGGAGAATGAACATATCTGTAATTGTATTATATAAAAGTAGTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTA

>linker\_sequence\_1026

AACACTTCAGAAAAATATTCTGCTACTATTCCTTACTTTACTATAAGAATTTTGTTTTCCAAAAAAAAAAAATATAAAAAAAATAATCATACTCTATTACTATGGCTAACGTAGAAAAACCAAACGATTGTTCAGGCTTTCCCGTTGTTG

>linker\_sequence\_1027

CCTCGCATCCTTCAATAACTTATTTTTTTCCTCAATCTTCGATATTAGACATTTTTTTTTTCCTATGCCTCCCTTTTCCAAGTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTCCTCTCACAAAAGTACTGAGGACTGAAATGTAAAAA

>linker\_sequence\_1028

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGAAAGAAAAAGGGGGAATAACACAGCCGCGGGTAACATGAAGCGGCGCGAGCGATACTTCCGTGTTAAGTGATATCCATCTTTCTGCGGGTAATAAGTCTAGTCAAGTCCGCTGTATTTTTTC

>linker\_sequence\_1029

ACTAGTAGTAATAGTAGTCAGATACAAAAATTCTATGTAACATATTTTTTCCAGTCACTATCATCATCATCATATTTTGTATATATACATTTATTATATAAAATATCATACCAATTTTTGCCAAAGAACACCGTTTCCCTCTTCGCGTTG

>linker\_sequence\_1030

GTTGGAATAACGCGAAAAGAAGGGTACGGCGTAATCACCCCACACGGCTTGTATTTTTTTCGGAGAACTAAGTCATAGACGTAATGCTAATTTTTCCGTCTAGCCGATGTTTATGCGGCTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCATCT

>linker\_sequence\_1031

GAAGAAAAAAAAAACTGATATAGAACCCAAAAATGTTCGGCTTTTAAAATACAAATATGTACAGGTGTTAATGTCTAAATAATGATAATCCAAACGCGATAATTTTTTTTTCGCGTTTGTTTTTGTTTCAGAAGAATAAGTAAACACTTC

>linker\_sequence\_1032

ATATAAGTTGTTATTATCAAAAATTAGAGGGAAAAAGTAACTAAATATATATTAAAAAAAAAAAAAAAATAAATGTATGTTGGAATGAAATAGCGTAGTAAGGATAAAGGTGTAATAGATATATATTATAAGAAATAATCCGGTGTCTTC

>linker\_sequence\_1033

TGTACTTATAGAGTCGGTGGCATTTATTTTATTTTTAGTATTTTTTTATACGTGCGTATTCTATTGTTCATTTTTTTACCAATTTTTTTTTTATTTTTATATTTTGTTTCTTGCGTGGAGTTTTTACAGGAAGTTAATCACAACAGAGGG

>linker\_sequence\_1034

TGCAAAAAAAAATTTTTTTGTCATTTCTTCGAATCAACTCAATGAAATTTGAAAAATAGCAGAAAATAAGTTGATAAGATCGCAATGTAATATATATATATATATATATATATTACAATTCGTGAACTGGCACAAGGAAAAGCGTGTAAT

>linker\_sequence\_1035

TATATATATATATACACAGTATTAATATTCTTTCCTTGAGATTACTCTCTATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTTTTAAAAAAAAAAAAACTCAAAAAAAGAAAGAATATTCAAAGAAAGTTTCATCTTGTCAGTTGAAATGAATAGTTTA

>linker\_sequence\_1036

TTCTCAAAAATGTAGCGTCGCTAAAATGGTTTTCTCTACCTTTAGTTTTACGCCAGATTTTTACTAGACGCGTTTTAGTTTACTTTTTCCTACCCTGTTCGTTTTTTTTTTTTTTTTCGCACCAAATTTTTCAACCGTTCCATGGAAGCC

>linker\_sequence\_1037

AATAGGTATAAAAGGAGTTGAAATTAAAAATAATAATAAATAATGATATAAAAATTATAAGTTTCTCCTTTCGGAACTAAAAAATAATATTAATAATAATATATAAATATTATATCTTTTTTATAATATAACATAGATACGAGTTTTTAT

>linker\_sequence\_1038

GGCCCATGCCTTCGTTACCTTGGAATGGTATGTAAAGTGATAAAAATATACACGTATATATATATATATATATATATATAAGTACGTGAGATCTATTTGTATAATATAATGCTAATAAAATAGTATCAACGATACTGTTGATAAAGGTAA

>linker\_sequence\_1039

CTGAAAGAGTCTTTGACAAAATTCCAGCCATTTTTTCAACCTTTTTTTTATCCGTATATATTAAGGTATGCTATATGTGTATTTTCCAATGTTTAGTTTTTATAATAATACTTCTTCAGCATCAAATATGCTTGCTTATGTAAAAATACA

>linker\_sequence\_1040

GTATTGTTCTTTTTCTTTTTCCTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCACATCTTTTTCCACGGCCGCTCAAAGGGGTCTCACACTGGATTAAAAGCTGAAAACAAGAAATGGCTCTTTCGATAAGGTTGCAACATTTTGA

>linker\_sequence\_1041

AGAAGGAAGCGACACATTTGTGATGCTTTGAGGTCAGTAATGTAATATATATATATATATATATATATATATATTATATAGTGTAACTGCTCTTATTTATCTTGTCTATTCGAACCCAACAAAAAAGGCTGCAGTGGGAATCTGTTCATG

>linker\_sequence\_1042

TATATATATATATATATGTTATATTATTGTTAATTAAATATTATTATGCGTATTTTCCTTTTCTTTATTAGTATAGTATTAATGACAGTAATAATAATAATAATAGTAACAATATCTCTTTTTTTTTTTCAGTGAGCTTTTATTTTTTTT

>linker\_sequence\_1043

TAGTATTAAAAATTACCGTTACTGGTTAAAATGGAATACAGCTCATCCATTTAAAAAAAAAAAAAAATAGAATAACAATAATTAAGCAGAAAAAATGTTAACGAATATAATAAATCGATTTGTCCATTTTCATAAATTTTTTTTTTGTAT

>linker\_sequence\_1044

TGGGAGAATGAACATATCTGTAATTGTATTATATAAAAGTAGTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTGTAATGCAAATACAAAAAGAACTGCAGGCATTTTGAAAGTTCACTCGTATAGGAAACTTTGATAGAG

>linker\_sequence\_1045

GATGCAGCAAAGTAAAAAATAATAGGTAAAAATAATAAAAATACATGTATCTTTTTGGTTGGTTAATTTATCTAAACAGTTTTATATATATATGTATATATATATATATATATACACAGTATTAATATTCTTTCCTTGAGATTACTCTCT

>linker\_sequence\_1046

AACTCGCCTGCACTCCGAAACGAAATGCGATACAGTACGTGTCATGCGGTTAGTATATATACATATATATATATATATATATATTCAAATAAATTATAACGTATTAAATAATATGTGAAAAAAGAGGGAGAGTTAGATAGGATCAGTTGG

>linker\_sequence\_1047

TTTTTTCAACCTTTTTTTTATCCGTATATATTAAGGTATGCTATATGTGTATTTTCCAATGTTTAGTTTTTATAATAATACTTCTTCAGCATCAAATATGCTTGCTTATGTAAAAATACAATCAAGTTTTGTCCCTTGCTTGCGCGAAGA

>linker\_sequence\_1048

CTTTTTCGGGACGTATTCTCGGGAAATAAGCAGGTCCAGATCCGCGTAGCATGAATGGGGCGCCAAAACAGTCGCGGGTAACGAAAGAGCGCAACCACGCGTATATTCCGGGCCGGTGAGGGGCAACGCGCATTGTCCCGGGGCGATATA

>linker\_sequence\_1049

TGATAAACGTGAAGGGAGTGTCATATCTACCGACATAAAGATAGAGATCTTTTTTTTTCCTTTATTTTTTTTTTTGATTTTTTTTTTTGATTTTCTTGATATTAGTTTTTAGAAGTCCTTTGACGGGGCAGCCGGAGAATATATACCAAC

>linker\_sequence\_1050

AAAAACGCGTTAAAACTTGCATTCCAATTTATCAAAAAGTTTGCCAGGACATATAGGATATAAATGCATTGCGAAGTAAAACACTTCTCAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAACTAACGTATTCACTTCTTTTACTTTAGTGGA

>linker\_sequence\_1051

TTATTATAGTTCTATCTTCATGTTTTTAGAGGTTTTTTTTAAATGAGTTTATTAAAATTAAATTTTGAATGTTATTTTTGAATAAAAATATAAAAAAAATAATATTAATAATTTTTCATTAACTGCTCATGATATCAGTGCATTAGAAAA

>linker\_sequence\_1052

CCAATATATGCATGGGCTGAGATAGAGGTACAAGGAATTTGTAAATCAGTAAAAAAAAAAATTAACAGTTTTTTTTTTTCATTTTTTTTTTTTATTCTTATTTATGTATGATACTTTATTATTATTTCTCTTAATTATTTATTTATTTAA

>linker\_sequence\_1053

CCAGTACGCCAATAAAGTGTGTCGCGCAGAATAGATCTTCATGTAATTCCTTTTTCCCTTTTATGCAATCTATAATGTTAATCAGCGTAGATCACTATATACGCTTTTTTTTTTTTTTTTCAGCTCCGATTAGAGAGCAAAAGAGATGTA

>linker\_sequence\_1054

ACTTTCTCTTTTTTTTTCACACGCGTTTGCAACATGCCCGTATTACATGAGCTTATTTGACTTTAGATGGTTTTCAGTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTAGATTAATGCGAAGAGTTAAATCACCAATTCAAAGATGGCAGAT

>linker\_sequence\_1055

ATAAAAAGCATTACCGTCACGCATCGTGTTGCAAATAGCATATACATATATATATATATATATATACATATAACGTATACGTTAGAAAAATTTGAATACACACATTCATTTATCCTATTATTATCATTTTCATTCTTACCCGCTCCCCGC

>linker\_sequence\_1056

CTCCAATTGGGCGAGAATATTTTTTTGCCACCACGATTAGACTCCACTTTGCTTCTATAGTCCTATCTATTGTTCTTTTTATTCCTAGCATAACCTTATTGTATTGTTCTTTTTCTTTTTCCTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_1057

AAAAAGGTGAGCGCTATATAGATTTAGTAATTTACATGTTACAGAAGCAAAAAGCAAATATATATATATTTTTTATCATATTAGTTTTTATCCTCAGTAGTACTACTGAAATAATAATCTCAGATTTTTTTTTTTCACTTGCCGAGGGAC

>linker\_sequence\_1058

TAATGATATAAAAATTATAAGTTTCTCCTTTCGGAACTAAAAAATAATATTAATAATAATATATAAATATTATATCTTTTTTATAATATAACATAGATACGAGTTTTTATGTTCCTTTGGCAATAGCTTTTCGTGACTTGTTTTAAATAC

>linker\_sequence\_1059

GAAAAAGAAGCACAATATAGGAAAGCGTTCTAATTAACTAAAGAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAATAAAAAAAAGGTAACTAAAAAGGACAAAAAACATAACAGCTGTTTATAAAGTACTTTATACGTAAGAAACTACTGGCACTATTC

>linker\_sequence\_1060

TCCGCGTAGCATGAATGGGGCGCCAAAACAGTCGCGGGTAACGAAAGAGCGCAACCACGCGTATATTCCGGGCCGGTGAGGGGCAACGCGCATTGTCCCGGGGCGATATAATCCATGTACCGGAACCCGCACTTTTTCGACTTTCTTTCC

>linker\_sequence\_1061

AGTTAAGAAAAAGTCTAAAAATGGTTTTTTTCATCCAAAATATTAAATTTTACTTTTATTACATACAACTTTTTAAACTAATATACACATTTTAGCAGATGCGCGCACCTGCGTTGTTACCACAACTCTTATGAGGCCCGCGGACAGCAT

>linker\_sequence\_1062

AAACTATTCTTTTTATGAATTGACAGAAAACCAAAAGCAAGCCGATTTCAGGTTAACCCTTTATTAAAATAAAAAAAAAAAGCATGCATAACACTAATAATATATTATTAAAAAAAAAGCCAATCTATATTATTTAAATTATCCGAAATT

>linker\_sequence\_1063

TTGGATTTCGTTTATTAGCTGTTTAACATATTTCTGTAGGGTTTTTTTTTTTTTTTTTGTACAGATTAGAAACCATACAGTGTAAACCATTATATAGGTCAATTAATATATTTATAGATCATCCTGTCAATTTTTTTTTATTTTTTTTTG

>linker\_sequence\_1064

CAGGTAAGTCTAATTTATTTAAAAAAATCCACGAGCATATAGATTTATAACAATAATAATAATTAATATTCATCAATTTTTTAGTAAATTCATATATTTTACTCCTACTCTATGTATTTTCAGTAAGTCTACTAGTCGTATTACCCGTCG

>linker\_sequence\_1065

TTTCTTGAAATCTTCGAAAACTGATGAGAATTCTTCATTATTTTTTTTTTTCTTCTTTTATTATTTTTTATGTTTATTCCATATATACACTTATAATTTTTTTTTTTGCGATTAATATAAGTTTGCCTGGATACACGAACATATATATGA

>linker\_sequence\_1066

ATTTTATGCGTCGGGTGACTTCAATTTGGCGCCCGTTGAGATTATCTAAAAAATGCTTTTATTTATTTAAGCGCTTTTTGTTTTGACGAATGTATTTATGTTTTTGTATATATATGAGCGTTTTTTTTTTCCAGATTTAACTAGTTTTCT

>linker\_sequence\_1067

GCATTTTTAAAGAATAAATATTACTTTTTTCGAAATCTGGTGTTTAAATATTTTTAAGAAAGTTAAAAAATAAGGAATATTTGATAAACAAAAAAAAATTAGCCTTTATATATCCATTTTTGTTTATGTATTCCTTTTTTTATTTTCTTA

>linker\_sequence\_1068

AAGCAACGCGACCGTCGTGGGTTCAAACCCCACCTCGAGCACTTTCTCTTTTTTTTTCACACGCGTTTGCAACATGCCCGTATTACATGAGCTTATTTGACTTTAGATGGTTTTCAGTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTAGAT

>linker\_sequence\_1069

GCTCGTGTAAGTGTCGGCCCGGAACTTGATTCCCCCCGGACTAATTAGAAGTTCCGAGAACGCGCGCAAGCCGTCCCGCGCGTAGAAGGCTAAAAAGCAGCCGGAGGAAAAAAAATAACGCAAATGTGGGCTCCCCTTCCCCTGTGCGGC

>linker\_sequence\_1070

CATACGTATGGTATACAGTATCAAAAGTAGCAGAATTTGTCTTCATTATGATATATATATATATATGTACATATATATAGGGTGCTAAAAAGTATTCTTTTTGCTATTATTATTGCTTAAATCGCCGACCTTTTTCCCATTGTCACGAGA

>linker\_sequence\_1071

AAACGTGTAGTATTATTATTATTATTCTATTTCCTTTCCGTTTTTATTATTTATATATATATATATATATATATATATTTGGGTGTTTATATTTAGGTAGGGCATAAGGATTTACTGTCGGCATGAACCTACTTGAACAAAAAAATAAAA

>linker\_sequence\_1072

TTTTTTTTTATTTTTTTTTGCAAAGCTCCCTTTTTCCTGAAACCAACAACAAAATATAAAAAAAAAATGATAAGCAGGATTTTTTCTTTTAATAATTCCTTAAAATTAACTAACAAGCTGAAGCCCTTACAACAAAGTAAGTCAAACCCA

>linker\_sequence\_1073

ACACCTTTGGAGCACGTTTGTTAAGATCTTCACTCTGTACACGCTATATACTAAATAACAATAAGAAAAAGAAAAAGAAGCACAATATAGGAAAGCGTTCTAATTAACTAAAGAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAATAAAAAAAAGGTAA

>linker\_sequence\_1074

GTAATCACCCCACACGGCTTGTATTTTTTTCGGAGAACTAAGTCATAGACGTAATGCTAATTTTTCCGTCTAGCCGATGTTTATGCGGCTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCATCTTTGTTCTTCCGGTTTCCAAGATGTCTCACA

>linker\_sequence\_1075

TATATATATATATATATATATATATATGTATGGACATTTGTGATGAAAATATATCTTGAACAAGCGCGATTAAGGTCATAATAAAAAATCACAGAAAATTTTTCAGGTCGCGGGCGTTCTCTCACCCGGCCGCCCAAAGTATTATATGAA

>linker\_sequence\_1076

GGCCGTTGATATTTCGCGATGGTATGCCGAAAAAGGAAATAACGCAGATTGCGCGTAGTAACGAATGGATTTGACGCGTTTCCTTCGATGAAAAGTGGGAAATAATAATAAAAAATTCTTGTCAGACGAAACTTGGCGCAAAACAAATGA

>linker\_sequence\_1077

TTTAATTGCTTGCAAAAGGTCACATGCTTATAATCAACTTTTTTAAAAATTTAAAATACTTTTTTATTTTTTATTTTTAAACATAAATGAAATAATTTATTTATTGTTTATGATTACCGAAACATAAAACCTGCTCAAGAAAAAGAAACT

>linker\_sequence\_1078

TACGCTAGATGTTTCGAACCACCCAGGTCACACTGTCATTATTAGTAGTACATATATATATATATATATATAATTATCATTTAAAAGGAGATATATTACTGATAATCAAAATAGTAAAAACTACATCCGGAGTATGACAGTCCAACGATT

>linker\_sequence\_1079

TAATCAGCGAAAAAAATGGCGAGGTGAAAAAAATCGATGAGATGAAAAAATTTTTTACTAGTAAAGGCGTATTGATGATATATTAGCAGCTAAAGTATAGCAAGGTTTGTCAATTTGAAGCAGTCCGCGTGTTTTACAATGAGCGTCATT

>linker\_sequence\_1080

GTGGGTAAATGATATATAAATTTTTATAAAAACTCTTGGCCAAGAAAAAAAAAAAAGACTATGTCTAAACGTAACGTTATCATTATTATTAAATCATTTTAATGTTTTATAAGTTTTGTTTTTCATTTCATACCCTTTAAGGAGCATTTG

>linker\_sequence\_1081

TGAGAACAGTAATATATGAGAAAAAGTTGTTTTCACTTTGTGTTCGAAAAAATAAGTATTTGAAAACGAAAAAATAGTTTGTATGTTTGTATATAAGTTGTTATTATCAAAAATTAGAGGGAAAAAGTAACTAAATATATATTAAAAAAA

>linker\_sequence\_1082

GCATATAAAGTATTCAAAAAGGTGTTGAAAGCTCTTCCTGTATATGACCCTGTATTTAATGTACGCGGTTAAAAAATTTTTATATTTTTAAATAAGTATCAACTTGGATAATATGATCTTGCCCGCAAGGTGGTTTTATATGAATAATTA

>linker\_sequence\_1083

ACAAAACTTACAAATAAATGATTAATTTTAGACAATATTTTTTTTTTTTTTTTTATTATGTATATAGTTAACATGTATAAAGTAATAGCAGATTCTCTCTAAAAATATAACATAACATTTCATTTCAATTCGTACTAAATAATTTTTTAT

>linker\_sequence\_1084

GAAAAAGTAACTAAATATATATTAAAAAAAAAAAAAAAATAAATGTATGTTGGAATGAAATAGCGTAGTAAGGATAAAGGTGTAATAGATATATATTATAAGAAATAATCCGGTGTCTTCCTGGTGACGGTTGGTTCACCGGGTCTCACA

>linker\_sequence\_1085

TGTGGTTCATGCTGAGAGGAAACACTGCTAAAGCAACCTATGACCTGTACACTAATTAAAACACTTTTATCCATTTTTTTTCGTATAAGCATATTTTACATCTTTATATATATTTATTTTTTTTTTTTTTATTTTGGTAGAATAGATTAC

>linker\_sequence\_1086

TACCCTGTTTTTCTTTGTCGTTTTCTTCTATAATGAACAATTTACTTTACGGTCTTTAATCGATTTTAATGATTAGTTGGGCTTTTGGCTACATATGTAAAATTACATATAATATAATGGACACATAAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1087

AATTACTTTTTGAAAAGGAAAAATATTCAGGTTTGTTGTTTTTATGTAAGTTGTATGATTTGATATACATATATATATATATATAATATATATTGTACATGTGTTTTTCCGGGGAAGAATGGATTATCCGGAGGTGTGAATAAAATGATG

>linker\_sequence\_1088

TTAAAGTTTTTTTTTTCCAGTTCTTTTTTCCCATCGTTTTTTTTTCTAGAAGCCGGGTTTTTCACCGTCAAAAAATTTCCTAAAAAAGATCTGTCAATCATTAAGTTTTGCTTTTTCGGCTTTTAAGCCATGCTTTCAGGCAAAAATTAA

>linker\_sequence\_1089

ACTGTCCTCCGTTCTGTAAAATTCACGCTCTTAGTCCCTTTTCATAATTCCTTAACTTTTTGCGTACAAAATGATATGTTTATTATATTTTTCTTTTTTTTTTTTCAAATTTTTTCTTTTTCTTGAAAAATTTTTCAAATTGGAAAGCTC

>linker\_sequence\_1090

TGCCGCGCGTTTGAAAGGAAACTGATCTGAAAGTGATTTATGATGCCAAAAAAAAAAAAAAATCTTTTGAAGTACAATGTATGTATGCATGAGTTTATAAAAAATGATGTAAAGTGCGGAATAGTAGTACTGCTAATGAGAAAAACACGG

>linker\_sequence\_1091

AACAGAAAATTTTGGAGGAAAACAATGTAGCTGTATAAATATATATATATATATATGTATGTATACTTATTTATTTATATATATATCACAAAAGGCTACCAAAAAGATTAGCCGCCGAGGTACATCGTGAGGAGTGATATTCTGGGGAAA

>linker\_sequence\_1092

AGGAAAAAAAGAAAAGAAAAAAAAATTGGGAAGAATGGGGATAAAAAAGATTTGTAACATTATAAACAAAAATAAGAAATAATTGTTTTTACGTACTTATTGTAAATAAAACAAAGGGATAACGGACAAAAAGGCATCGTTTCTTTTGTA

>linker\_sequence\_1093

AGAGTAAGTATGGTCAGCAGAACAAAAAAGAGTTCCTACATTTATACGAAGGTAAAATTGTAAAAAACATGAATGCGGCCTATCCGGCTCGAAAATTGTTCCTCATATATATTAAAAAAAAATCACGTGGTGCAAAAAAAAATTTTTTTG

>linker\_sequence\_1094

ATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTTTTAAAAAAAAAAAAACTCAAAAAAAGAAAGAATATTCAAAGAAAGTTTCATCTTGTCAGTTGAAATGAATAGTTTATTGTGGAAATTATAACAATAAAAGTTAGCTAAAAGCGAAAGTGTCGATGA

>linker\_sequence\_1095

ACAACTGCGCATATTGCTAAGAACTGCACTGAAGGCATGAATTGTCTATTCCGTTAGAAATATAATTATTTACGAAAGCATCGCGCAGACGCAATTTTTTTAACATTTTTTTTTTTTCAAGTACTCTGGAAAAGTTTTCATGAAGATCAT

>linker\_sequence\_1096

CCATTTTTTTTCGTATAAGCATATTTTACATCTTTATATATATTTATTTTTTTTTTTTTTATTTTGGTAGAATAGATTACATATACAACTTTTTCATAATGTCAAACTATAGAGTTTTATTTCACATAACGGAAGAAGCCTATTGGAGCC

>linker\_sequence\_1097

GATATTAGACATTTTTTTTTTCCTATGCCTCCCTTTTCCAAGTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTCCTCTCACAAAAGTACTGAGGACTGAAATGTAAAAACTAATAACACAATAGAAATAATCATATGATGATATAGAAA

>linker\_sequence\_1098

GTCTTAAATCTGCCCTATACTACCGAAGATAAATACATGAACTACACGTATCATATAACATCATATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTAGGCTTTTACTAATACAAGGGCCTTAGCCATTCGCTAAACGTAATGAACGATATTG

>linker\_sequence\_1099

TGTTATACTTAGTTATGCTCTAGGATAATGAACTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTACTGTTATCATAAATATATATACCTTATTGTTGTTTGCAACCGTCGGTTAATTCCTTATCAAGGTTCCCCAAGTTCGGATCATTACCATCAATTTC

>linker\_sequence\_1100

AACAGAGTGTTACGCCAACATACTAAACCAGAGAAGTAAAACGTTTTACTTATATATAATAGTATTCGTAAATTTATAAAAATCAAAAAACCAATATAAGCCTGGTTAAAAAAAAAAAAAGATCAGTATCGTAAAGTCGTAAAGTTAGGT

>linker\_sequence\_1101

ATATAAAAGTAGTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTGTAATGCAAATACAAAAAGAACTGCAGGCATTTTGAAAGTTCACTCGTATAGGAAACTTTGATAGAGAGGCAATTCCTTACTTTCGTTATTCCTTTC

>linker\_sequence\_1102

TTGCTGGTGTTGGCGCTACCATTGTTTTTTTGTTTTATGAGTTACGTTTACAAAAGTTCTTAACATTTACTGTACGATAATATACTAAGGTGAAATACTAAAGTAAAATAAAATAAGAGAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAGTAA

>linker\_sequence\_1103

TTGAAAAAAGACTACAAAAAGAAATCAAGTCGATCGAGTAATCGAATTTACGTAGCCCAATCTACCACTTTTTTTTTTCATTTTTTAAAGTGTTATACTTAGTTATGCTCTAGGATAATGAACTACTTTTTTTTTTTTTTTTTTACTGTT

>linker\_sequence\_1104

TGTCATTTCTCATAACTACTTTATCACGTTAGAAATTACTTATTATTATTAAATTAATACAAAATTTAGTAACCAAATAAATATAAATAAATATGTATATTTAAATTTTAAAAAAAAAATCCTATAGAGCAAAAGGATTTTCCATTATAA

>linker\_sequence\_1105

GGTTTTTTTTAAATGAGTTTATTAAAATTAAATTTTGAATGTTATTTTTGAATAAAAATATAAAAAAAATAATATTAATAATTTTTCATTAACTGCTCATGATATCAGTGCATTAGAAAATCTTTTGGTTCCACTTTTCCTATAAAAATA

>linker\_sequence\_1106

TATGTTCCAGGATATGAAATGAAATACCTTTTGTTTCACCTTTTAAATAATTTAATGTTATATATACAACTTTATCGTATCATATTCGCAATTACATTATACAAGAATGAGTTTTTTTTTTTCGCGGACAAAAGAAGAACATGTCAACGC

>linker\_sequence\_1107

TCCTTATTTTTTTGAGAAAAAATGCTTGAGAAAAAATGCTTGAGAAAAGATGTATTTTTTTTTATTCGTTAGCATTTTTCCAGATATCGTTGAACATTGCTAGAATACTATCAAACCCGACTTTCCCCTTCACCGCGTTATCACTAAAAC

>linker\_sequence\_1108

CGACATAAAGATAGAGATCTTTTTTTTTCCTTTATTTTTTTTTTTGATTTTTTTTTTTGATTTTCTTGATATTAGTTTTTAGAAGTCCTTTGACGGGGCAGCCGGAGAATATATACCAACGGCATTCTATTGTCTTTTTTTCTTCCTTCC

>linker\_sequence\_1109

GTTTTTGCTTCCGTTTTTTTGACATTAAAAGTTTTCTTAATGCCGCGCGTTTGAAAGGAAACTGATCTGAAAGTGATTTATGATGCCAAAAAAAAAAAAAAATCTTTTGAAGTACAATGTATGTATGCATGAGTTTATAAAAAATGATGT

>linker\_sequence\_1110

TATATAGGTCAATTAATATATTTATAGATCATCCTGTCAATTTTTTTTTATTTTTTTTTGCAAAGCTCCCTTTTTCCTGAAACCAACAACAAAATATAAAAAAAAAATGATAAGCAGGATTTTTTCTTTTAATAATTCCTTAAAATTAAC

>linker\_sequence\_1111

AGAATTGACGTATAACTTCTTTTGAAAGTCTTTGAAATTACATGGTAGTACATACATATATATATATATATATATATGTTATATTATTGTTAATTAAATATTATTATGCGTATTTTCCTTTTCTTTATTAGTATAGTATTAATGACAGTA

>linker\_sequence\_1112

TGTACTGCTGAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAAGATATCTTGGTTTGAATAAGTAAAATTAATAGAATCCAGTTTCCAGTGATCGGTACAGGCTAAATAATAAATATCTCTACTTTTATTTATTCTTTTCGTTTTCTTGTG

>linker\_sequence\_1113

TAAATGAGGGAAAAATGCAAATAATCTTGAATGATACTCAAAACTTTTGATTTATTGTAATTTCTTTCTGAACCATATTTATTACATTCAAACTTTTTTTTTTTTGCCTTTTATAAAAAAAAATACTTATAAGAAAAGAGAAAGAAAATG

>linker\_sequence\_1114

CCTGTACCTGCTTTTGTTATCGTTGTACATCCATGCACACGCTCATATATATATATATATATATATATATGTATATGTACATATACCGCTTACCACCTACCGTGAAGTATATGTAAGGGTCTTCGCACCCGGATATCCCTTGTGGGATCT

>linker\_sequence\_1115

GAAAATGCCCGCGAGATCTAATATTAACGAAAAAACTGAAATAAAAGCAACGCTTATACATATACATGCATGCATTAATATATGTATATATATCGGTACGTATAGATTGTAAAATTACACTTACTACTAAAGGCAGTATGAAAGACGCCC

>linker\_sequence\_1116

GCTCATCCATTTAAAAAAAAAAAAAAATAGAATAACAATAATTAAGCAGAAAAAATGTTAACGAATATAATAAATCGATTTGTCCATTTTCATAAATTTTTTTTTTGTATTATTTCATTATCTGTGCCTCAAAGCATTAACTTTTCTTGC

>linker\_sequence\_1117

TGTTTTTGCTTCTTATGGATTGGATGTTATAACAGTAGAAGTAATTTTAGGATAATTTTAAATAAAAATAATATTAAAAATAATAATAATACTAATAATAAATGAGAATAAAATGTTGATAAATGAGGGATAAGGTCTATTCATACGTCT

>linker\_sequence\_1118

TGTAGTGTACTTTAAACATTTTTTTATCTTCATAGCAATAATATAAGCCTTTTACCACCCATAAACCATAAAGTAGACCCAAACATTTTTAAAAAAATTTTACGTTATAATTTTTTCTTTGTCGTTTTTTCTGAGCGCGCAAAGTAGCGG

>linker\_sequence\_1119

ATGTACTCAGTCTAATCTACTTTGATTTAATTTAATTCAAGTTATATAAATCTATTCTTTTCCCTTTAATTTTAATATTTTAATTTCAATCCTTTTCTTATTTTCTATTTTTGCTTTTTTTTTTTCTTTTTTCCATATTCTCAGGCCACG

>linker\_sequence\_1120

TACAAAGAAGTTTCACTAAAAGTTGTCGCGATTGTATACATATATGCGTATATATACAATTCTACATGTTTTATATTTATTCCATTATATTCTCGTTAAATTTTAACTTTAAATTAAGAGGGCAAAGAGGCCCAGCGGGAGTTAATTTTT

>linker\_sequence\_1121

AATTTTACAACCGAGTAAATATCTTATAATCATTAAAATTATTAAACTATTATACAATTTTTTTTACTTTACTTTAATTTTTATATACCCATATAAATAATAATATTAATTATAACCAAAGGAAGTGATTTCATTATGCTTGAGTAGAGG

>linker\_sequence\_1122

TGCTCACTTAGTGCTGCAGGTAAATTCCGTTTTTTTCCAAATTAATATTTATGAACGTTATGATGTCAAGTTTTTTCAAGAAGTAATTATCCGCGAAAAAAAGAATATAAAAAATACAAATGTGCATAGATCCTCACATAGTATACAACT

>linker\_sequence\_1123

GAAAACTATGTTTAATTGAAATAACATTCATCAGCAAAATTAATAAACTAAATAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAATATACGATCATAAAATAAATAATAACTCAAGCTTTTTAGACT

>linker\_sequence\_1124

AGATATTATTGAGTACCGGGAGTATTATGTGTCATAATTTGTAGTATTATCTGTGTGACGGATTAAGTTTGCTATCTCAAATGCCGCGCGCGCGAATTGCTCATGATATAATAATAGCTAATAATATGATAATATGATAATAATAGATAA

>linker\_sequence\_1125

CCCGCATTAGTAATTGCCCGCTTTTCTTTTCTTCCGCGGGTGGGCCCCATAAATAGAAAAAAAAAGAAAGAAAGCGTTTAAATAAATAGAGTGAGCGGATTTCTATTATCTGAAAACCGGGTTATAATGCACGTGATATGCACGTGGGAG

>linker\_sequence\_1126

GCGTCGAGAAAATCGCGTCTTTCTACTCTCACAGTGCTTGCATACGTATGGTATACAGTATCAAAAGTAGCAGAATTTGTCTTCATTATGATATATATATATATATGTACATATATATAGGGTGCTAAAAAGTATTCTTTTTGCTATTAT

>linker\_sequence\_1127

TGAAAAAAGTTCGCTTCTTAACCATATTAGAAATCTAGAAGAAATAAAAAAAATCTGGCATTAGATATATATTTTGACTGTAGGCCTTCTGTATATTATATAATACTACTAATAACATCAAATGTTTGTGACTTTTCGGGTAACCGGGCT

>linker\_sequence\_1128

ACATATGTAAAATTACATATAATATAATGGACACATAAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAACAAATGAGCAACCCATCAAATACCAAGAACAAAGAATTTAATATAATATATAGTTATTAAATTTAAATGTATATATGCAGTTCTGC

>linker\_sequence\_1129

TATACTAAGGTGAAATACTAAAGTAAAATAAAATAAGAGAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAGTAATGATGATGTTCCATAATTGCAGAATTAATAACTACTTAATAACTTCTCAAATTGGCGAAGGCGCGTACGGTCTGGTTTAC

>linker\_sequence\_1130

AATTCCTATTGTTGTTGGAGGTTATTTGGGCGCTTTGGTGGGCTATACTATCGGTGCCTATATATAATATCGGTAATTTAAAAATTTGTATATAAAAAAATATAAGTATGATAGAGGTAACATAAACTGGTCCTATGCACAATTGAAAAA

>linker\_sequence\_1131

AAAATCGCTGAATTCCCAGAAGAAGGCATTGATCCGTCCACTTATTTGAATAATTAATAAAGGAAAAAAGATACGTTTTTATATAGATTATATAAAGATTTTGTATTATTCAAACGAACAAAACAAACAAAAAAGGGGAAGTGGAAAAAA

>linker\_sequence\_1132

CCGCAGCAGCCCGCGGCTTCTGTCCTTATTCGCCCATTTTTTTTTGATTTTCGACTTTTTCACTCTGGCTAGTTTTATTACGCATATTTGTATATATATATACGCATAAATTTCTGAAATGGATTACCTGGTTTATCAGAAACGAGAGCT

>linker\_sequence\_1133

ATTTTTAGTATTTTTTTATACGTGCGTATTCTATTGTTCATTTTTTTACCAATTTTTTTTTTATTTTTATATTTTGTTTCTTGCGTGGAGTTTTTACAGGAAGTTAATCACAACAGAGGGTTCAATCTCCAAGGCATAAAATAAACAAAA

>linker\_sequence\_1134

AAATACATGAACTACACGTATCATATAACATCATATCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTAGGCTTTTACTAATACAAGGGCCTTAGCCATTCGCTAAACGTAATGAACGATATTGAAGCAAATGAAGTAAAACAATGTGGAAAGC

>linker\_sequence\_1135

CTGAATCATAGGTCAAGAAAATGATATACAAAATGGGTTCAAAAAAAATTTTTATCGAATATTTTCCTGTAATAATATTGTTTCTTTTAGAAAAATTTTGGTTTTCTATAATATATTTATTCTCCATGTTTTAATTTTCTCAGCTATTAA

>linker\_sequence\_1136

CCTTTTTTTGACAAATTTGAAAATAAATATAAAAAGGGCCATAAAATATTGAGTTAAAATTGACGATTTTTTTTATAGAAATGACTTGAATTTACGATTTAAAATAAAAATATACCTGGCATATAACTAACTATACAAATCATCATCTTC

>linker\_sequence\_1137

TTTACTTTACGGTCTTTAATCGATTTTAATGATTAGTTGGGCTTTTGGCTACATATGTAAAATTACATATAATATAATGGACACATAAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAACAAATGAGCAACCCATCAAATACCAAGAACAAAGAA

>linker\_sequence\_1138

GGACATTTTTCACTATACGTTGATGCAGTAGTGAACATATTGCTCGCATAATGTTACCCGTTTATACCTCTATACGATTATTAAGGGAGGGTAATACTTTCTCAATTTTTTTTTTTTCAGTTTTTAATATTATTTCCTTAAGATTTTTCG

>linker\_sequence\_1139

TTAATATCAAAGTCTGAATAATAGAATGAGTTACATACGTAAACGTGTAGTATTATTATTATTATTCTATTTCCTTTCCGTTTTTATTATTTATATATATATATATATATATATATATTTGGGTGTTTATATTTAGGTAGGGCATAAGGA

>linker\_sequence\_1140

AAGAAAAAAAAATCTTCAATACAGTGTATTAGTGCTACATAAAAACGCGTTAAAACTTGCATTCCAATTTATCAAAAAGTTTGCCAGGACATATAGGATATAAATGCATTGCGAAGTAAAACACTTCTCAAAAAATTAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1141

GTAGACATGACCACTTGGAGAAGTATTGGTTCTGGCCCAATAATGGAATTTTGAGAATGAATATTTTCGCGTATATATTTTAATTAAGGGTTTATATACATAAAAGATATATCTAATGATCTGATCTGAGTCCCGACTTTTTATATGTGC

>linker\_sequence\_1142

CTTGCCATGTAATAATAGATGTCCAAAAATTTCATCTGCCATTTTTTTATTTTCCCGTTCGTTCACTTGCTCTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAATACTCGGATTTGAAAATGTTAATGGGAGTGGCGCTAAAAACCTTCATCTGTAG

>linker\_sequence\_1143

ATTTCCTTTTCTTTTTTTCAAAGAGGTCATATTTATCACCAACTATATATTTTTTTGAAGAAAAGATATCATTACAACGATAAGTAGTTACAATATTTTTTTTATTTAGTTTAAAATAATGAGTAAATGACGTCGCATTTCTTCGCTTTT

>linker\_sequence\_1144

ATATTTGCCATTTGAATTTTTTTCGGCGCTTTTCTTTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTAGCTTGAATTATCGATGAATGATGAAATGACTCTTAATGAACTTCGAAGTTATATATACAGCCACTTTTTTGTTTAGAAAGAAAAGTATAATTA

>linker\_sequence\_1145

GTGAGCAAAACGAAGAGAGAAAAAAATTTTTTCTTAAAAGTTTTTTTTCATTTTGTGAGCTTATTCTTCTTTTCTATATATTCTTGATATCTTAGATTATACATATTATTCTCTTACATTTCACGATTGCCCTTTTGGTGTTTAGCATTC

>linker\_sequence\_1146

TTAGTCCCTTTTCATAATTCCTTAACTTTTTGCGTACAAAATGATATGTTTATTATATTTTTCTTTTTTTTTTTTCAAATTTTTTCTTTTTCTTGAAAAATTTTTCAAATTGGAAAGCTCATCTCTCTTGAATGTATAATACTTTCTTCC

>linker\_sequence\_1147

AAAAATAGATAAAACAATGAGATAATATTTATTAACTTCTACGTAAATAAAAAGTTACATAAGGATCAACCTTTTTTTCTTTATTTTCTTTTTTTTTTTTATTTTTCATTTTCAATTACAAACTAAGACATAACAGTAAGCAGTGCTTTT

>linker\_sequence\_1148

CTCAACACTGAGGAGAACACAAAAAAAATAGTGGAATGTGATAGTTTGAAATAAGGATATTAGTTTATACTCTAATATACAAATATAAAAGTTGTTTCTTTTTCGTTCTTTTTTTTTTTTGGACTTGTCTTCGTTTTTATTACATACATG

>linker\_sequence\_1149

GAAAAAAGTACAAAAATGATAAAAGGCAAAAAAGATGAGAAGTTTTTTTTGTGATAAAATTAATTATTAAAAAATACACACGTAGTTAAAATTAACAGCGGGGGAGGAAACCTTAAGAGAAAGAGAAACAAAAAAAAAGAAAGGAAACAA

>linker\_sequence\_1150

GTGGCAAATCAAAAGCGTAAGGAGATAAGAAAACAAAAAAGGGCTACATTTTAGAATAATTTGAATCATATGTAGAAAAGCTTGTAAATAAGAAACCGTCATATTCTTTTTTTTTTTTTGACCGCGTATGAATCAGTAATTTATTTCATT

>linker\_sequence\_1151

CCCAACGTTGGGCCTAGGCCCTTACCGCGCCCATTTCGGAAACTGCATTACTTTTTCGGGACGTATTCTCGGGAAATAAGCAGGTCCAGATCCGCGTAGCATGAATGGGGCGCCAAAACAGTCGCGGGTAACGAAAGAGCGCAACCACGC

>linker\_sequence\_1152

TGCAGTGGTCATTTGAAAATGGTCATTAAATTAAACAAGTAATATGAGAGGAATGAGAGGGAAATAAATAACTGAAAGATAAAGGAGATAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGAACTTTAGTTAGTAATAATAGAGTTTTT

>linker\_sequence\_1153

TTTTGGATAAAACTTTTCCTACTGTTCTTTTGAACTGGATTTGAATTTTATATCGATCATCTTGCCATGTAATAATAGATGTCCAAAAATTTCATCTGCCATTTTTTTATTTTCCCGTTCGTTCACTTGCTCTAGTTTTTTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_1154

AACTATATATTTTTTTGAAGAAAAGATATCATTACAACGATAAGTAGTTACAATATTTTTTTTATTTAGTTTAAAATAATGAGTAAATGACGTCGCATTTCTTCGCTTTTGTTATTTTTATTCTCCTCTCATTTTTGAGGAGAATGTTAC

>linker\_sequence\_1155

AGGAGAAATAGTAGAAATTAATAGTACTCTAAAAAGAAAGAACGGAATAAGAGGAAAAGACCTTTTATCTATTCAAATTGTTTCCCTTAGGTATATATATATATATATATATATATATATATTTTCCCTGTATATATCTATGTAAATGAC

>linker\_sequence\_1156

TTGGAGGTCTCCATTGTGAATGTTCTCACTCGATTTTTTAAGTGTCTATTTAGTGTATTATGCCGTGAATGCGCAAGATATATACGTATACTTAAGAATGTAGTTTATATTTGACAATTTTTTTCAGCTCATCGCATTTTTTTTTCTAAA

>linker\_sequence\_1157

AGAAACCGTCATATTCTTTTTTTTTTTTTGACCGCGTATGAATCAGTAATTTATTTCATTTTGAATTACATCATTATAAAAAGTTCTTAGTAATATATGCATTGGGTATACAATCACGTGTACTATCAAATAAAGAAATGAAAATACGGA

>linker\_sequence\_1158

TGCAAAAATGTTCTTCAAACGCGTTTATTATATAATGAAAAAGAAATTCAAATTTTTCGCGTTTGAAAATTTATGCTAAACAAATAACTCGAGGAGGGACGCGTCGAGAAAATCGCGTCTTTCTACTCTCACAGTGCTTGCATACGTATG

>linker\_sequence\_1159

TTAAGGGAGGGTAATACTTTCTCAATTTTTTTTTTTTCAGTTTTTAATATTATTTCCTTAAGATTTTTCGGTGGCGTTTCGCGACAACTTACGAGAAAAAAAAAAAAGAGGAGACTTGAAGAAAGAGTGCAAAGGGATAGCGGGATTCTA

>linker\_sequence\_1160

GACAATATTTTTTTTTTTTTTTTTATTATGTATATAGTTAACATGTATAAAGTAATAGCAGATTCTCTCTAAAAATATAACATAACATTTCATTTCAATTCGTACTAAATAATTTTTTATATAACAGATACATAAGATATTTATATAGAG

>linker\_sequence\_1161

TTATCGTTATTTCTTTATTTTTTTCTTTTTCGCAAAGATCGACCTAAGACGCGTTTGCAAAAAAAAAACCATTTACTTACTGCGGGTAAAATATTAAAAGAAACTTAGGCGTTAGCCAAGAACCGATAAGAAAATAAAAATAAAAAAGGT

>linker\_sequence\_1162

TCGCGAATGGACGAAATTGTATGCAAAGAAGAAACCCGAGTGATCATTTCTGTATAAGTTTTCTCAACTGAATATATAAATATATATCATTACTATGCTGCTGCTGCTGCAAAAAAAAAAAAATTTACGATAAATGCAAAAACCATAGAT

>linker\_sequence\_1163

AGTAATGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTCCTCTCACAAAAGTACTGAGGACTGAAATGTAAAAACTAATAACACAATAGAAATAATCATATGATGATATAGAAAAGAAGAGAGGAGACAATCATAATATTATACGAACTCATGG

>linker\_sequence\_1164

CATAAATTAACCAATCATTTTGCTACTTTCCCGGTTCTCCCTTTATTATAAACACTTCAGAAAAATATTCTGCTACTATTCCTTACTTTACTATAAGAATTTTGTTTTCCAAAAAAAAAAAATATAAAAAAAATAATCATACTCTATTAC

>linker\_sequence\_1165

TCATTTTTAAATATTTGATTATCATCGCCCGCTGGTCACCGCATTTTTAAAGAATAAATATTACTTTTTTCGAAATCTGGTGTTTAAATATTTTTAAGAAAGTTAAAAAATAAGGAATATTTGATAAACAAAAAAAAATTAGCCTTTATA

>linker\_sequence\_1166

AAATAACGCAGACGTCTGAGCAGGAGAAGTAAAACGCGAAGGGGAAATAATGCTTTTTAGTCTTGTAATTATATTAATTAATTAAATAAGTTTTTCTTTATCGGAATTTTATTTAAGACTTTCATTTCTCTAATGCTATTGTCAGTTACA

>linker\_sequence\_1167

ATATGATTCTGCTATTATCCTTGTTCCCCCCAAGGACTGCAGTAGAAGAGTTATGTTACAAATGTTGATATATATATATATATATATATATATATATGTATGGACATTTGTGATGAAAATATATCTTGAACAAGCGCGATTAAGGTCATA

>linker\_sequence\_1168

TTGCAGAAAGAACAAACCAATATTTTAAATAATCAAAAATCAAATTAGCTATTATTTCTCATTTGGTGATAATAATATATACATACATATATATATATATATATAAATATATAGGTATATATATAAATAACCTAAGACAAGTTAAATGAG

>linker\_sequence\_1169

CTATGCAACTTGATTTTTGTTTTTCTTGGCCTGAGCCATTACCGTTATTATTATCGTTATTTCTTTATTTTTTTCTTTTTCGCAAAGATCGACCTAAGACGCGTTTGCAAAAAAAAAACCATTTACTTACTGCGGGTAAAATATTAAAAG

>linker\_sequence\_1170

TAATTAAATATTATTATGCGTATTTTCCTTTTCTTTATTAGTATAGTATTAATGACAGTAATAATAATAATAATAGTAACAATATCTCTTTTTTTTTTTCAGTGAGCTTTTATTTTTTTTTCATTGCTCTTCTTTTGGCCTCTTTTGTTT

>linker\_sequence\_1171

GGAAATATTGATTCTTATAGTGTTATAAGTGATAATATACGTTTATGTAAATAATATCTTTTTCACAACGTTCAAAAGTGGCCTTTTTTCTTTTTTCGATATTCTGTATATTTATTACGATTTTTTTTTTTTTCAGATATTTATTTTTGC

>linker\_sequence\_1172

TATTATTATTAAATTAATACAAAATTTAGTAACCAAATAAATATAAATAAATATGTATATTTAAATTTTAAAAAAAAAATCCTATAGAGCAAAAGGATTTTCCATTATAATATTAGCTGTACACCTCTTCCGCATTTTTTGAGGGTGGTT

>linker\_sequence\_1173

CGATTTAAATAGCGATGATAAAGTGCAAGTTCATAAGCAAACAGCGACCGTAAAATGGGATAAAAAAAGAAAAAAATATGTTAATACTCAAGGTATTGATAACAAGAAATATATTATTGGTGAAAGTGGCCAAAAAATCGCGGCAAGCTT

>linker\_sequence\_1174

TCACGATCCAAGCACTATTTGCCATTTTTGTGCCCTTTCAAATTATTCTTTTTTATCGCATTGTCATTCTGGTACTATTAAAGTAAAATTAAAAAGATTGAGGAAAATTTTTGGTAAAAACGACAACTGCAGGACTCGAACCTGCGCGGG

>linker\_sequence\_1175

CTTCATTTTACAAAATCTGGTGTAAATCCTCGATTCCATTGTGATTTAAAAATAATTAATTACTGTATAAGATTCTATATAGACAATTAATTGAAAATAGTATTACTTCTTTAACTCGCTTAGGATTTTTTTTATTTTTTCTCTCTTTTC

>linker\_sequence\_1176

TGTCATTTCGTACTAGATTAAAGGGAAAATTGTATCGTAAATAAGTAATAAAGTTAATGAAAATTCGGAAACAAAAATGGATAGATATTAAACAGTGAACAAATGAAAAATTTCAGAAAAAAAGAATTAAAAAAAAAAAGGGAAAAAATA

>linker\_sequence\_1177

AATTACAACTAATACTATATTATTTGTCTCCTTTTTTTATTAGTATTAAAAATTACCGTTACTGGTTAAAATGGAATACAGCTCATCCATTTAAAAAAAAAAAAAAATAGAATAACAATAATTAAGCAGAAAAAATGTTAACGAATATAA

>linker\_sequence\_1178

TCTATTGGATAGTCAATGACACATTCGTGACCGAACAATGAGATATTATTGAGTACCGGGAGTATTATGTGTCATAATTTGTAGTATTATCTGTGTGACGGATTAAGTTTGCTATCTCAAATGCCGCGCGCGCGAATTGCTCATGATATA

>linker\_sequence\_1179

CCTTACTTTACTATAAGAATTTTGTTTTCCAAAAAAAAAAAATATAAAAAAAATAATCATACTCTATTACTATGGCTAACGTAGAAAAACCAAACGATTGTTCAGGCTTTCCCGTTGTTGACTTGAATTCGTGCTTTTCTAACGGCTTCA

>linker\_sequence\_1180

AACCAGCCCGCGAGCAATAAATCCGAAGAGAAGTGCATAATATTTTAGTCTATTTAATACATTTGACGTTATTTGATCTTCACGTTGTTTATATATATATATATCAAGTATGCTATAACGCTAAAAAAAAATGCTCATAATACTATGCAA

>linker\_sequence\_1181

AAAAATGTGACAAGAAAAAAGTGGTGACAAAAAAGACAAAATAATTATTCAGAGATGATAAACTTAAAGCAAAACTTGGTAACAAACTTTCATTAAAACAAAATATGTATTCTTTTTTCATTTTCATTTTTTTTTTACTGTTTTTTTGTT

>linker\_sequence\_1182

AATAATATATACATACATATATATATATATATATAAATATATAGGTATATATATAAATAACCTAAGACAAGTTAAATGAGTATAAAAAACCTTGAACGTAAATGAAAAAAAAAAAAATACTAGTAAATTGACAACATAAAAGACAAAAAT

>linker\_sequence\_1183

AACTCTTGGCCAAGAAAAAAAAAAAAGACTATGTCTAAACGTAACGTTATCATTATTATTAAATCATTTTAATGTTTTATAAGTTTTGTTTTTCATTTCATACCCTTTAAGGAGCATTTGGCATTGTGTGCGCCCTGAAGGCTAAATAAG

>linker\_sequence\_1184

GACGTGGAACTAAATTAAAATATACGAACTCTAAGGAAAAATACGTAGCATAATAACGCATATAACTAACAATTTGGATAACTATCCATAAAAAAAAAAAAATAGTCACATAATACGAACATTAATATCCTTTTTTGTTACATTTTCTTC

>linker\_sequence\_1185

TAATGAAAATGGGAAAAAGAGTCAGAGCTATGACCAAGGTGAAATTAGCAGGCAGTTTGAACAAAACTTACAAATAAATGATTAATTTTAGACAATATTTTTTTTTTTTTTTTTATTATGTATATAGTTAACATGTATAAAGTAATAGCA

>linker\_sequence\_1186

AAAAAAATGGCCAGCTATAGAATAAAATTAGCCCAGCTATATTTTTATAGCGTCTTTTGATGACGCGAAAAGTAGACTTCGCGTAACACGAAAAATGCTGGTGCAGGTGGATTTTTTTGGCAGATACTACGGTCAATTCTCCGCTCGAAG

>linker\_sequence\_1187

GGTAAAATTGTAAAAAACATGAATGCGGCCTATCCGGCTCGAAAATTGTTCCTCATATATATTAAAAAAAAATCACGTGGTGCAAAAAAAAATTTTTTTGTCATTTCTTCGAATCAACTCAATGAAATTTGAAAAATAGCAGAAAATAAG

>linker\_sequence\_1188

TACAGTTACATATAAAAAAAGGTGTTTTTGAGTTAGTTAGTATTATATATTAATTTTCTTGAGGGGGTGGTATTATTAAAGAATTAAATTCAATATTATTACTATTAATTACACTAAGGTGCCGGGTATTATTGACGTTTTTTTTTTCTT

>linker\_sequence\_1189

ATCCATGATCATGATTTACGACGCGAGATGTTTCGCGCCTCACTTTGAAGAATGCCAAATATAAAAGTATAAATATGGGAACTATTCTTATTTGTGAAGCTGCTGTAAAACCTTATATGTAGCTTCTACAATCGCGATGTGCTCAGCATC

>linker\_sequence\_1190

GATGTTAATAACGCGCCGGCAAGAGCGAAAGTGAGTAAGTGATTTTTCGTTTAATGAATTTATTATCGCATGACTTGCGGTATAGAAAATAGTTATAAGAGTGCTGAAAAAAAAAAGAAGTACAGAAGTTTTCGTTTCTTTGAAAGTCGC

>linker\_sequence\_1191

AATAATAGTATCAAAAATAATGATAGTCATAATAAAAATAATAATAATAATAATAATAACAATAATAATAATAATGATAATAATAATAGTATCGAAAATAATGATAGTAATAGTAATAATAAACATGATCATGGTAGTCGCAGTAATACT

>linker\_sequence\_1192

AAAATAAAAATAAAAAAGGTAATGAGGAATTAGATGCAAAGAGATATAGATATAAACACACACACACAAATATATATTTATATACATATGTATGGTGATATATATTCAAAAAAAAAAAGTACAGTAACTTAGAAACTATTAGTGGGACGG

>linker\_sequence\_1193

ACCAGAACTCTCGATTGAGGCGAAGAAGGCGGAGAAAAAAGCCGGTAAAAAAAAAAAGCGGAATCAATCAGCACAATCAGAGGCGTCAAGAAGCGGCGCGGGGATAATGCTTTTTTCCCGTGGCGTTCACATTTTTGTTCCGCGGAAAGC

>linker\_sequence\_1194

TAATTAACTAAAGAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAATAAAAAAAAGGTAACTAAAAAGGACAAAAAACATAACAGCTGTTTATAAAGTACTTTATACGTAAGAAACTACTGGCACTATTCATTCCAATAAAAGGACAGGTATAAAGTGTC

>linker\_sequence\_1195

CGATTTTTTAAGTGTCTATTTAGTGTATTATGCCGTGAATGCGCAAGATATATACGTATACTTAAGAATGTAGTTTATATTTGACAATTTTTTTCAGCTCATCGCATTTTTTTTTCTAAATTCTTTACCTCTCGTGCTCCGTGACTAGGA

>linker\_sequence\_1196

TGGAAAAAGAAAAGGTAAAATTTTTTTGAAATTTGGTTAACAAGGATAGAAAGTAAAAAATGGTAAATTTTTTTTTTTGGAGTTTCTAGTTGAGGTTTTTATAATTATATTATTATTAACAGAGTTTGATTTCTTAGTCAAATATTCTGG

>linker\_sequence\_1197

CAAACGCCAATTTTACGAACGGGTTTCCATAGACATTGAAAATGAACGAACAAAATAAAATAAATAAAAAACTACTTTTTTTTGATGATATAAATACCGTAGATTATATAAATGTATATTAATATTATAAACCTATTTGATCAATGACAG

>linker\_sequence\_1198

TTTTTAAGAAAGTTAAAAAATAAGGAATATTTGATAAACAAAAAAAAATTAGCCTTTATATATCCATTTTTGTTTATGTATTCCTTTTTTTATTTTCTTATGTGTTTGGGATTTACTGTCGCAGTCTTTTCAAATTTTCCGGGCTAAACC

>linker\_sequence\_1199

TGCATAATCATGTATTACCATAAAAAGGCTTTAATATGAGAAAAAGGTGAGCGCTATATAGATTTAGTAATTTACATGTTACAGAAGCAAAAAGCAAATATATATATATTTTTTATCATATTAGTTTTTATCCTCAGTAGTACTACTGAA

>linker\_sequence\_1200

CCCGGAAAATTGTAGTGGTGCAAGAAGGGAAAAGAATGATGGCGAAAAATGCACGCGCGTAAATAATGATTTGTCGAGTCCTATTGACCACAAAACCCGCGGAAACCTAGTTAGCCCAAAAGGAAATGGATAGCATATGAAAAACGAAAC

>linker\_sequence\_1201

TTTGGCCCGAAAGATAATTCTGGTCTCCCGGAAACATGAAGATGCAGCAAAGTAAAAAATAATAGGTAAAAATAATAAAAATACATGTATCTTTTTGGTTGGTTAATTTATCTAAACAGTTTTATATATATATGTATATATATATATATA

>linker\_sequence\_1202

AGTCTTTTTTTTTTCAAATATTCATCATCAAAGGTTACGAAATCTTTTGAGCTATCTTAAACATTCGTTCTTTTTATCAAATTTCAATTACTAACTTATTTTTTCAAAAAAAATTGCCTCTCCCGGTTTTTAATCATTATTTTTTTCGAT

>linker\_sequence\_1203

TTTTTTCCAAATTAATATTTATGAACGTTATGATGTCAAGTTTTTTCAAGAAGTAATTATCCGCGAAAAAAAGAATATAAAAAATACAAATGTGCATAGATCCTCACATAGTATACAACTAAAAAGCAAACAAAAGAACATCCTCAAATG

>linker\_sequence\_1204

ATCGTTTTGTGCGAATACATTTCATTTTGTTCCCTGCGTAAGAAGTATGCATAGTAAAATTAGCGTAGATATAGTTTTTTGAGGTATATACTTATTCATAGCTTATAAATATTTACAGTGTTGTAACTCTAGTAAAAACAAAAGAGGTCA

>linker\_sequence\_1205

GAGAAAAAAAAAAAATTTCAAGGGCCCGCAATCTCAAAATGGAGTCAATTGTGTCAAGTCTTTTTTTTTTTTTTCATCGTTATCTCACTTTTTATTGCTTATCTTAAGATAATTTAGCTGATATACTATATAGAATAGCCGAAGTGTCAG

>linker\_sequence\_1206

TTTTGTATCTTGAGATGGCGTATTTCTACTCCAGCATTCTAGTTAAGAAAAAGTCTAAAAATGGTTTTTTTCATCCAAAATATTAAATTTTACTTTTATTACATACAACTTTTTAAACTAATATACACATTTTAGCAGATGCGCGCACCT

>linker\_sequence\_1207

TAATACCGTAATGATAGCAGTTTATTGTAGAAAAACCATGTTATTACCCTTCCCTTTTTATTTCTTTTCGCGTTGCAAATCACATATAACGAGGTGGCTTGTATTTGTCAAACCAAAAAAAAAAATGAAAATCGAAAAATGGAAAAACAG

>linker\_sequence\_1208

AACTAGTACCTGTCATTCACGACATGTGAACAAATAAAAACATTTATTTAAAAATTTTATGTATTCAAATATTTTCGGGAAAGAGATAAAAGTAACGACACTTAAAAATTTAAAAAATCACAATACTTTATTTACTCAGTCTTTTGATCA

>linker\_sequence\_1209

AACTAAAATGTCCAGACATGATCTTAAGCGGAAGGGAGGGGTTTTTGCTTCCGTTTTTTTGACATTAAAAGTTTTCTTAATGCCGCGCGTTTGAAAGGAAACTGATCTGAAAGTGATTTATGATGCCAAAAAAAAAAAAAAATCTTTTGA

>linker\_sequence\_1210

AAGATGGCCAGGCTAGTTAAATCTATTATACAATAATTATTGGTTATATATTTAAAAAACAGAAACATTTTTTGCTTTAAAAGCACGCCATAGTATTGCTTTTAATATTGTGATCTGCGTCCTTTTTTTTCTCAGGAAAAAAAAATTTTA

>linker\_sequence\_1211

GCTAGGTGGAATTCGCGCTGAAACAGATCACAATGAAGATCTAAGAATACAGAAACAATAAAGGTTAATGCCCAGTTTTACATTTTTTTTTTTTCACTTTCACTTTGCTAGCGAGCGATGCGATTGAGAAAAAAAATAGAAAATTTTTTC

>linker\_sequence\_1212

CCAGAGTATCTTTACCCCCACATTCAATATGAGGTGTCAGCCATAATTATTTACATGATAATACTGATATTTTTTCTTTTTCGCGATATATTGAAAAGAAAAAAAAATTGCGAGGTGATTCCTCATCGCATGTATTCATTTTAACGACAT

>linker\_sequence\_1213

ATTATAGAAAGTATTTGTCCTACCAAAAAAGGTTGGAGATAAAATTAATGCATTTTTCATTAGATATATATATATATTCATATATATTGTTTAAGTTACCATTTTGTATGTTTTTCTTTGACCTTACTATGCAACCAATGCAGGTGGTGG

>linker\_sequence\_1214

CAGTCGCTTTTAATTTAACATCAAAAGGAATCTATGGTGTGGCCGTTGATATTTCGCGATGGTATGCCGAAAAAGGAAATAACGCAGATTGCGCGTAGTAACGAATGGATTTGACGCGTTTCCTTCGATGAAAAGTGGGAAATAATAATA

>linker\_sequence\_1215

ACGTATAGTTGATGATTAGAAACGAGCTTTTTTATGCCCATCGTCATCTATATATATATTTGTATCACTTTAATAGTTATTTTAATATTTGATAACAACCTTTCTAATAGTATTGTTATGGAAGGTTTAGTGCTGGAGGAAAAAAAAGAA

>linker\_sequence\_1216

TTCTTACGCGTTGCGTGTAAAACATCCTCTCATTCAAGACAGGGTTTTCTAAAAGCAATAGGGGTAGTTTAATAATTCTTATATAATCATCATATACACTATTTTTAGTTCTTAATTCTTTAATACAAACTTATTAATGTGCTCTCCATT

>linker\_sequence\_1217

TTTTCCGCGATTAATTCGCCGAGAATACGACAAAAAAAAAGATAAACATCAGAAAATTCTATTATTAGATTAGATTTTATATTAGATAATGAATTAATACAGGTAATAATTATAGAGAGGAAATAAAAATAAACAGATAAGTTATTTACA

>linker\_sequence\_1218

CAAATTTTCTACCTCTTCGTTAAAACCTTCTTCGCTTGTACTTATATTATTATGTTGGCTTTTCAAGTTTATATATTTTTAAAGGAAAAAAATAACTTTTTCATTTTTCGTTATAAAACAGAACCGTTATACATATTGAGATGGTTAAGG

>linker\_sequence\_1219

GGCTTATCTGCCACAGTTTAATTTTTTTTTAATTTTATTTCTTTTTTTTTTATTTAACTAGAATCTGGCTAAAAATAAGCAACGGTCCGTGTAGATTACTGTTTCGAACGAGGAACAACTGAAGGAAAAGTTTTTTATTTTCCGCGAAGT

>linker\_sequence\_1220

ATTACGCTTTCTACCAACATTTGCCACCCTTGGAACCAGAAGAGAATATACATCATTCGGGGTTGCCCTGCCCATTTATATCGTATATTGTGATGATATACCTTTTTTTTTTTTTTCGCTGCGTTTTTTTTCTCGACACGTGTCGAAGAA

>linker\_sequence\_1221

TTTCTCCATATTTTGCGGCCCAACTTGTTGCAGAATTGAAAACTTTGTATAATACTAATAATAATTTATAATAATAACAATAATAATTTATAACAATAATAACAATGCCAAACAATTTATATGGGTAACCAGTTTTTGGTACTGTTTGCC

>linker\_sequence\_1222

ATTCAAATTGTTTCCCTTAGGTATATATATATATATATATATATATATATATTTTCCCTGTATATATCTATGTAAATGACGAAAACGCATGACATTTTAAAACCTACCCCGGGTTTGACCACAACCCACCGTTCATCTAATATTAACCCG

>linker\_sequence\_1223

GTTTTTTAATAAAAAAAGAAGCAGTTACAGGCGCATTACAAAGTTTGAGAAGAAAGGAAAAATGTCATTTGGTTATATAAATTTTTTTTCTTAATGGAGATTGAGGCAGCAATAAAATGTGGGATGAAAAAAAAAAAAAAAGGCACTTGA

>linker\_sequence\_1224

TATATGTACTAACATATGTACTAAACAGAAACACAATATGAATTACAACTAATACTATATTATTTGTCTCCTTTTTTTATTAGTATTAAAAATTACCGTTACTGGTTAAAATGGAATACAGCTCATCCATTTAAAAAAAAAAAAAAATAG

>linker\_sequence\_1225

GCACGCGCGTAAATAATGATTTGTCGAGTCCTATTGACCACAAAACCCGCGGAAACCTAGTTAGCCCAAAAGGAAATGGATAGCATATGAAAAACGAAACGAAACGTCCTTTTGCACGGCAGAAAGAGCTTAGTAGGACCCGGGACAAAT

>linker\_sequence\_1226

TCCGCGTCCGCTAATTCGCGCGGCTTGCCACTTAACCCCGTCCAGTTAATTTGCCAAGCAGCGGCCGCACGTTGGAACGTTTTCGCCGATTTATTTATTATTATTTATACATGTTGACGTTGGTGCCCTTTTGTTTATACTGGAGCCTAA

>linker\_sequence\_1227

GAAATTACTAAAAAAAAGAAAAAAAAAAGAACGGGGGTGTAATAATTTGTAGTTCATTATTGCAATTATATATCTATATCTATATATGTATATAACATTAACATGTGCATGTACACACGTAATCGCGCGTGTACATGTCTATATGTGTTA

>linker\_sequence\_1228

AACTTTTTAAGTTGAGAACTAAAAAGCAGTATTGTTTTCGAATATGTATTATTTTTTTTTATTTTTTTTATTACTCGTTATCAATATATATATATACATGTATATTATTACTAAAAGAATGAGAAAATAAGATAGGATCCTGGAAGGGGG

>linker\_sequence\_1229

CTTCCGGCAGAACTTCGAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATAATAATATTAATACTACTTATATACTATTAAAAAATCGTTTAGAAATGATTCATTTATAAAATTCGTTACTTGCGGTCATTGGCAATAGATTCAGCTGCGGT

>linker\_sequence\_1230

AAATAGCTTCCTCTTTGTGGCCGGGGCGCGGGGGGACGAGGCAAAAAGCAAAGAAAAGCAAAAAAAATAAAAAAAAAAACAAAAAAACAGGGGTATGAGAAAAAGACACGCTTTTCCACGCGCAGCAAAAAGGAAAAAGGAAAAGGAAAC

>linker\_sequence\_1231

CCTTTTCAAAAGGAGCATGATACCAATAATTTATATTGCCTTACGCCTCTTATTTTTTATATCCTCTTTTTAGATTTTATTAATTTTTTTTTTTATTTATATACATATAATGTGCCCTGCTTTTTACAACCATACGTTTTTTGTTTTTTA

>linker\_sequence\_1232

AAATTTCGGCATTGAACTTGATTCTAAATGCTACATACAATTACGCGCGCTGTTTTGATATACACACACATATATATATATATACATTGTGTAAGAAAAATTCAAAGCTTAGTAAAACATACAGATCATGGAGAAAAAAAAAAAACCGAA

>linker\_sequence\_1233

CTACATACAATTACGCGCGCTGTTTTGATATACACACACATATATATATATATACATTGTGTAAGAAAAATTCAAAGCTTAGTAAAACATACAGATCATGGAGAAAAAAAAAAAACCGAATACTTGTGTTACCAGAAGGATCCACTGACT

>linker\_sequence\_1234

AAAACTCATCGCTCTTCAGGGAAATCTTACGCGCTATTTTTACAGTCGCGCGGGTCTTAACCATAATTTTTTACCGCTGCAAATATTTGAATGCTATAAGAGCAGATAAAAAATAGATTATAGAAATTAACCTGTTAAAACAATTATCCA

>linker\_sequence\_1235

ACAGTAACCTAATTGCTCAAATTTTGAGAGTTAAAGGAAAGAATAAAATATATAAATGATACGTTTATACCCGCTAAAAAAAAAAAATATAAAACAAAAAAAGGATCTCATAAGACGATTTGTTGGGATATGTCCACATCTTTCGGCTAT

>linker\_sequence\_1236

ATAACCCTGACATTACATTTAGGGAATAATCGCCCCAATATAGGTTACAAAACATTAATATATATGTAAATATATGTGCGCGTATATATATATATATATATATATAAAGGGAAAATTAATATTCTATCATTAAAGTGAAGAAGAAAGGTG

>linker\_sequence\_1237

TGAAGCAACTCAAGCGCAATGAGAAAAGTGACTATACAAATATGTAAAAAATTGCTACCAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAAAAACTCTGATAATATAGTAAAAATTATTGGTACATTGTGAATTAAAATTTATGCGTTTGCCCTCAAAT

>linker\_sequence\_1238

TTGTGCCAGGCGGCAAAAAGACCCCTACGGAGGCGTTGTAAAAAGGCAAAAATTAACGCGAATTTGTATAGTGCATCTAAAAAAAATAATTAAGTATAAAAATAGATAAAGGAAATCAAGTGTTTCTTTTTTTTTTTTTGGTTTATTGTT

>linker\_sequence\_1239

TCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCGACCTCATCTCATCGCGCTTTCCATTCATCATATTGTACGAAAACAAAGCACAATCGTAATAAAAGACATCCTGATAATTAGCAAAGGGCTAACCATAATAGTCTAAGTTTAGTAGTTCA

>linker\_sequence\_1240

ATAACTTTTATGTAAAATGTTTCTTGGCCGTCGATGAGCTCTTCCGGCAGAACTTCGAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATAATAATATTAATACTACTTATATACTATTAAAAAATCGTTTAGAAATGATTCATTTATAAAA

>linker\_sequence\_1241

ACAACAAATAAAATGAAGGATCTATGGATAAGTGGATGTTTCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCGACCTCATCTCATCGCGCTTTCCATTCATCATATTGTACGAAAACAAAGCACAATCGTAATAAAAGACATCCTGATAATT

>linker\_sequence\_1242

AATGAAATAGGCCGTCTACGGCCGTCTACGGCCTATTCCATTGCTAAAAATTTGAATCGTATAAAGGGATATTACCCGGAAAAGAAACGCATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGAAAAAGTGGTTAAGTGATTGACTGACCCTTGA

>linker\_sequence\_1243

TTATATTGCCTTACGCCTCTTATTTTTTATATCCTCTTTTTAGATTTTATTAATTTTTTTTTTTATTTATATACATATAATGTGCCCTGCTTTTTACAACCATACGTTTTTTGTTTTTTAATTTTCTTGCATTTTAAAACTGAATAGTGA

>linker\_sequence\_1244

AAAATTTCTATGAAACATCAAATTAATCACGTGCTTTTTAAAAAATATAAATTTAATTTCATTTTCTATTTCAATATTTATTAAATAAAAAATTTGAAAAATATATAAAAATTGTAGCAGTATTAGATTTCCGAAAAGAAAAAAAGGTTT

>linker\_sequence\_1245

GATGTGCATATAATGTATATACATACATTTAGCATATGTAATACATTCGTACATGTATAGAAATATATGTTTATATATATATATATATATATATGTATATACGAACTCGGTTTAACGCATAGTTGGTAAAAGATTTAATGTAGATAAAAA

>linker\_sequence\_1246

ACTATACAAATATGTAAAAAATTGCTACCAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAAAAACTCTGATAATATAGTAAAAATTATTGGTACATTGTGAATTAAAATTTATGCGTTTGCCCTCAAATCCTTTTCTATATCGTCCAATTTTGAGTCAA

>linker\_sequence\_1247

CTTTTTATAACGTTTTCTTTCTTTTTTTTTCCTTCTTACATAGTATTCAACTGTATATTTAACATGTTTTACGTATTTTTAAGAAAAAATTACTAAACGCGATAATATTAAGCAAATATTTATCTCATAGTTCTCGAACTCATTTATTTC

>linker\_sequence\_1248

TAGGTAGCTGGTAAAAAAGCGATTGATCTCAGACATATCTTTTAAATGTTAAAACTCATCGCTCTTCAGGGAAATCTTACGCGCTATTTTTACAGTCGCGCGGGTCTTAACCATAATTTTTTACCGCTGCAAATATTTGAATGCTATAAG

>linker\_sequence\_1249

CACGTTGACGTGCTTCTTAGTCCTTGTTCCTCTTTTTTTTTTGTTAGGTTAACCATTTATTTCCTAAACGGGAAATAAGCAGGCGGGGAGCTGAATATAATTAACTTTCGCGTCATGGTTAGTGACGCGTCACTTCAAACGCGGGTAACA

>linker\_sequence\_1250

AACTAAAAAAGGAATGAAAAAAAAAAAAAAAAGTTCAAAAATAGTAACAGATATCTTTCGAAAAAGTTAAAAACTGGTAAAAAATTTTGAATAGAGTATATAAAAACTAATAAATATGTTTAGTTATCATACACCATAGAATAACTACTA

>linker\_sequence\_1251

GTGCTTTTTAAAAAATATAAATTTAATTTCATTTTCTATTTCAATATTTATTAAATAAAAAATTTGAAAAATATATAAAAATTGTAGCAGTATTAGATTTCCGAAAAGAAAAAAAGGTTTCAAGAAAAGGAAAAGAAAAACTAAACGTAG

>linker\_sequence\_1252

TATTCTTTTTTGTTGACTAATAAAATCAATACCAAACCTGACAACAAATAAAATGAAGGATCTATGGATAAGTGGATGTTTCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCGACCTCATCTCATCGCGCTTTCCATTCATCATATTGTACG

>linker\_sequence\_1253

AGCATATGTAATACATTCGTACATGTATAGAAATATATGTTTATATATATATATATATATATATGTATATACGAACTCGGTTTAACGCATAGTTGGTAAAAGATTTAATGTAGATAAAAAACACATAAGTTTTATACGCACGTAATCATG

>linker\_sequence\_1254

CATAAGCCTTAACCGCAGCCCTCCTCTCCCCTAAACGTTTCTTTTTCTTTTTCCATTTTTTTTTTTTTTTTAGTTTTACTTTCTTTTTATTCGGAAAAATCTTTTCTATATTTTTCAAGGGTAACCTCATCGCCATGCAATTAATCACAT

>linker\_sequence\_1255

CAGATGGATACAGAATAGGAATCCTAAATATAAACACTATATTTATTTATTTTTTTCGAATAAAAGTCATGTTAGCAATATTTATATAGTTGATTTTCCTGCATTTATTATATAATTGGCGGCATAGTAACATCAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1256

GGACTCTCAAAAAAAAATGTATTAATAAATAAAAGAACTTAAATATAGACTTTTTATTCGCATGCATATAAAAATAATTAATTAATAAATAACTGTAAAAAACTAGAATAATAAAAGTAATAAATATCTCCTCCGACGACATAGCCTATT

>linker\_sequence\_1257

TTCTTCCATCTTTTTAATCTTTGTTTCCTTTTTTTACATCATATTACTTCTACCTACTCTACTCTATTCTAATTTCAATTGATTTTTTTTATTTTATTTTTTTTTTTGTTAATAAAAGAAGAAAAAACTTAAAAACGAATAAGAGGCTGT

>linker\_sequence\_1258

GGGTTTTTTTCTTTGCAATTTTTTTTTCGTTCTCCTAAAGCATACACAAATAAATCCTTTTTTTTATTTTCTATTTATTTTGTTATTTATCATCTATATAGCAATAATATACTTTGTTTTTATTCGTATTTCACACTTTTCTTTTTCCTT

>linker\_sequence\_1259

TCTTTTTTTTTTGTTAGGTTAACCATTTATTTCCTAAACGGGAAATAAGCAGGCGGGGAGCTGAATATAATTAACTTTCGCGTCATGGTTAGTGACGCGTCACTTCAAACGCGGGTAACAAAATCAAGTTGTTTTTAGCCGCCGAAGGTA

>linker\_sequence\_1260

GCAACAAACCGCGAAAAAGCATAAGAAACATAAAAAAAATATAAAAAAAAGGAGATAATAATAAGATGTGAAGGATTTGAATTAGTGGAAAAATGATAAGTCTACACTATTATTATTAACGAAATGCAATTTTCCTTTATTTTCTTTTAT

>linker\_sequence\_1261

TTGCCCTTAAACGTATACGAGGTATTCATTAATGTGTGTTGTAAGTATTTAGATTGACATCTATAAGAGAGATGAACATATATATATATATATATATATATATACATGCATATTTACTATAAACGCGGTTTATTCTGCCAGGCAAAGGCA

>linker\_sequence\_1262

ATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGAAAAAGTGGTTAAGTGATTGACTGACCCTTGATAGTTTTGTACAATTATACACTCGTTCTGATTAAAAACTTGTTTATAAAAATCTTTTTAAAAGAAAGAGAAGATCGTGTTTATTGCTTTT

>linker\_sequence\_1263

ACAGCTAAAACAGAGACAAAACTGCATGCCTCTTCTCCCCTTTATTATCACCTTTAAAAAAGATAAAAAAAGAAACTGGAAAAAAGGTAAAAAAAAAAAAAAAATTAAATAAATACGAATACGTTTTCTCATGACCATTGTACTAGTAAT

>linker\_sequence\_1264

GCGCTATTTTTACAGTCGCGCGGGTCTTAACCATAATTTTTTACCGCTGCAAATATTTGAATGCTATAAGAGCAGATAAAAAATAGATTATAGAAATTAACCTGTTAAAACAATTATCCAAAATGTAGTAAGTATTTATCTTACGTAAAA

>linker\_sequence\_1265

AGGCGTTGTAAAAAGGCAAAAATTAACGCGAATTTGTATAGTGCATCTAAAAAAAATAATTAAGTATAAAAATAGATAAAGGAAATCAAGTGTTTCTTTTTTTTTTTTTGGTTTATTGTTTGACACTGGTGATTTGCTTAACCAGCGCCT

>linker\_sequence\_1266

TAAACACTATATTTATTTATTTTTTTCGAATAAAAGTCATGTTAGCAATATTTATATAGTTGATTTTCCTGCATTTATTATATAATTGGCGGCATAGTAACATCAAAAAAAAAAAAAAAAACATTCAAATTGCACTACTTATAGCAGTAG

>linker\_sequence\_1267

ATCCTCTTTTTAGATTTTATTAATTTTTTTTTTTATTTATATACATATAATGTGCCCTGCTTTTTACAACCATACGTTTTTTGTTTTTTAATTTTCTTGCATTTTAAAACTGAATAGTGACCTGGGTATTATACTACAGTTGAAATTGCT

>linker\_sequence\_1268

TCAAAATGCAGCACCAATTGCAAATAACGACATTGATAATAATTTACAGTCTTTTTATTTTGATAATAGCAACTAAAAAAGGAATGAAAAAAAAAAAAAAAAGTTCAAAAATAGTAACAGATATCTTTCGAAAAAGTTAAAAACTGGTAA

>linker\_sequence\_1269

CGCCCCAATATAGGTTACAAAACATTAATATATATGTAAATATATGTGCGCGTATATATATATATATATATATATAAAGGGAAAATTAATATTCTATCATTAAAGTGAAGAAGAAAGGTGGATTTAAATTCCAAGTCTTTTCAATTGTTC

>linker\_sequence\_1270

TTTTTACATCATATTACTTCTACCTACTCTACTCTATTCTAATTTCAATTGATTTTTTTTATTTTATTTTTTTTTTTGTTAATAAAAGAAGAAAAAACTTAAAAACGAATAAGAGGCTGTCTTTGTTCCGTAGTATATGCCTATTTCCTT

>linker\_sequence\_1271

ATATCTTTCGAAAAAGTTAAAAACTGGTAAAAAATTTTGAATAGAGTATATAAAAACTAATAAATATGTTTAGTTATCATACACCATAGAATAACTACTAGAGATATTATTTCATTTTCGTTTTCATTTTTTTTATTTTTTTCTTTTCAA

>linker\_sequence\_1272

CCTGACAAAAAAAAAAAAAATTAATTTTGGCCTGGAAAATTCTTCTCCTTAAATACAAAAAGATTCTTTTTTATAGAATGTCATAATTCACGAACAGTTAAAAAAATATAAACACACAACGTAACACAGATGCCGGGTTACGATATCCGA

>linker\_sequence\_1273

TCTACACTATTATTATTAACGAAATGCAATTTTCCTTTATTTTCTTTTATTACTATTATCATTACTATTATTATTAGTATTATTATTTTTTTACTTATTTTTATATTAAACTATGTTAAATTACTATATTATTATTTTGTCTAACTCTAT

>linker\_sequence\_1274

TCCTATAAAATATTAAAAAGAACCAAAAAAAAAATGGATAGAAGAATGCTTGAGGCAATAATAATGATTATCTATTTTATATATACATACATAATCATTTAAGTTTTTTTTTTAAAGATATTTCGATTTAGCCGAATCTGCTCAATGCCT

>linker\_sequence\_1275

CTCTGCTATTTTGTGACGTTCAATTTTAATTGACGCGAAAAAGAAAAAATAAGAAGGGCAAAAAGAAAAAGCGCAGCGGGTAGCAAATTTGGAATCGCATAAAAAGAAAAAAAAAATATCAAAGAAAAAGAGTCATCTCAAACATATGTC

>linker\_sequence\_1276

GAACGATGAATGCATATACATATGTCGCGACTCCTTTTTTTCCATTATAGCGGCATCGCTTTATTTCGCGTTTTAATTCATTTTCTTTTTTCTTCATTTCTTTCTGCATATGCAAACGCGGCAAGAAGTGCCCACGGATCCGAAGAAAAC

>linker\_sequence\_1277

CGTTTCTTTTTCTTATCGGTTTTATCCGGGTAATAAATTCAGCATATAGAAAAATTTTTCATTTCTATTTTCTTTTTCTTTTCATTTTTCCTTTTTCTCAGAAAATTTTTTTTTCTAATGCTGGAATGAGATGAGTTAGAAAATTTTTCA

>linker\_sequence\_1278

AACGCGTTTTAGACTCACCACTATTTTACTGTCTAAATATTTTTAATGGATATTTATATTAAAACCATTATCTTGGTTGGTTCCCTAACATCTTGATCATCGAGAAAAAAAAAAAAAAAAGGACATGAAAAATTCTGACAATGAAAAAAA

>linker\_sequence\_1279

CATTGATAATAATTTACAGTCTTTTTATTTTGATAATAGCAACTAAAAAAGGAATGAAAAAAAAAAAAAAAAGTTCAAAAATAGTAACAGATATCTTTCGAAAAAGTTAAAAACTGGTAAAAAATTTTGAATAGAGTATATAAAAACTAA

>linker\_sequence\_1280

CACTGTAAAAAATTCTAATTATCGGTTAAGGTTATAAAGTTAGGTAGCTGGTAAAAAAGCGATTGATCTCAGACATATCTTTTAAATGTTAAAACTCATCGCTCTTCAGGGAAATCTTACGCGCTATTTTTACAGTCGCGCGGGTCTTAA

>linker\_sequence\_1281

ATTGTTTTCGAATATGTATTATTTTTTTTTATTTTTTTTATTACTCGTTATCAATATATATATATACATGTATATTATTACTAAAAGAATGAGAAAATAAGATAGGATCCTGGAAGGGGGATCAGGTAAAGATATAAAGTGAGATGAAGA

>linker\_sequence\_1282

ACTAATTATATATCACTACTAAAAAAAGCCAGAAAAAGAAAAAAAGTAAAATAGAAAATAGAAAATAGAAAATAGAAAAATAGAAATTAAAATTAAGAGCATTTTAAAATTAAGTCTACAAAGTAATACTTGGCATATTGCTTAACTCCT

>linker\_sequence\_1283

AAGAAAAAAGAATGAAGTGAAAAGCAAAAAAAAAAAAAGATAAAAATGAAAAAACAAAAAAACGGAGGGTATAATCACATGCAGATATAATTTTCGGAAATACATTATAGAAATATAATGTGTCACTTATCCTCTTCATTGTGGTTATCC

>linker\_sequence\_1284

CGAAAACGAAAACATTTGATCAGATAAGTGATCTGCAAATAAGATATAATAAAAGTAACAGTTATTTATTTAATTAAAAACGCAAATATGTAGTAATACGTGGGACATATAAATTTCATGAATTAAAAAAAAAAAATGAAATTCAGATTG

>linker\_sequence\_1285

ATTTTTTTTTTTCATATAAAGAGCTTGCGCGCGTGTTGTTGTTCGCTATCCATTTCCATTAGGAACATTTTTGGATATTATTTTTCAGACCCGTAATATACTTAACACATATACCACTAAAGGCAAAAGAAAGAGAGATCTGAAGTGAGA

>linker\_sequence\_1286

TGGTTTTATTTTTTTTTTTGAATTTTTATTTTCGTGACGTGCTTTTTTTTCCGTTTTTGGTTTTAATGCCCCAAAATAAAATAATCCCCTTTTGTATACGTTTTTCTTTGCCTGCCTTTTTATTTCTCAGTGCATTGCCCTTTCTTTCGC

>linker\_sequence\_1287

CGAGAAAAAAAAAAAAAAAAGGACATGAAAAATTCTGACAATGAAAAAAAAGAAATTAAAGACTCATAATTATTTATTGATAAGGCGAAGACGTAGCAACTATATGTACGTAGAAGTCAATGGCAATCGCGATAAAGCTGTGCATTAATG

>linker\_sequence\_1288

ACAAAAGAAAATGGTGCCCTAAATATCTTTCAGATGAAAAACTAATTATATATCACTACTAAAAAAAGCCAGAAAAAGAAAAAAAGTAAAATAGAAAATAGAAAATAGAAAATAGAAAAATAGAAATTAAAATTAAGAGCATTTTAAAAT

>linker\_sequence\_1289

CTGGGTAAGACTACCTACGACCAGTCATGGATTAGATTAGTAATAGTTTACGCTAATATTAAATTGTTTAACAAACTAAGTAGTCAAAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGGTGACATTATGCAGAACATATTTTATCGAT

>linker\_sequence\_1290

TAATAATAGTAATAACAGTAGTAATAGTAATAATAGTAACAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAACAATAATAATAATATTAATAATATTAATAATGTCAATACTAATGCAGGGAACGGTAACAATCCAAATAGATTCCA

>linker\_sequence\_1291

GCTGAAGAAGAGCCGATTTTACCCCAGTCGTATTGTTGGTAGCCTACATAGAGTCGTACGCGTTAGTTAGTGTACCAAAAAAAAAAAAAAAAAATACTCAAAGTATTCAAAATATTTGACGAAAAATGGCACATACCTGCATCTAACCTG

>linker\_sequence\_1292

TTTAACAAAACTGTATATATGCGCTAAAAGCAGTATAATCATTATTTGTTGTTGTTATTATTATTATTATTGTTATTATTATTATTATTATTATTATTGAGATTAATATTACCATCTCTCTGTTTTCTTTTCTTTCCCTTCTAGCATATA

>linker\_sequence\_1293

TTATAGGAGGATCTGCATCTAAGAACAAATAGGCTACACAGGACTCTCAAAAAAAAATGTATTAATAAATAAAAGAACTTAAATATAGACTTTTTATTCGCATGCATATAAAAATAATTAATTAATAAATAACTGTAAAAAACTAGAATA

>linker\_sequence\_1294

AATGTGTGTTGTAAGTATTTAGATTGACATCTATAAGAGAGATGAACATATATATATATATATATATATATATACATGCATATTTACTATAAACGCGGTTTATTCTGCCAGGCAAAGGCAATTTGCTTTTGTTCGCCAGGCTCAATGATA

>linker\_sequence\_1295

GAATAAAATATATAAATGATACGTTTATACCCGCTAAAAAAAAAAAATATAAAACAAAAAAAGGATCTCATAAGACGATTTGTTGGGATATGTCCACATCTTTCGGCTATATACTACATTTAGCTGTTTCCCGTTTCTTTGTATTATTCC

>linker\_sequence\_1296

AAATTCATGTGTTTTAAGGGTAATAGGAAATATCACGCTACCTGACAAAAAAAAAAAAAATTAATTTTGGCCTGGAAAATTCTTCTCCTTAAATACAAAAAGATTCTTTTTTATAGAATGTCATAATTCACGAACAGTTAAAAAAATATA

>linker\_sequence\_1297

TTAACTTTCGCGTCATGGTTAGTGACGCGTCACTTCAAACGCGGGTAACAAAATCAAGTTGTTTTTAGCCGCCGAAGGTAATTGTATCCATAATGAAGGCTAGATTAAACCAATAATTTGTAGTGACAAAATTTATAGTCAGTAGCAGGT

>linker\_sequence\_1298

TTTGAATCGTATAAAGGGATATTACCCGGAAAAGAAACGCATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGAAAAAGTGGTTAAGTGATTGACTGACCCTTGATAGTTTTGTACAATTATACACTCGTTCTGATTAAAAACTTGTTTATAAAA

>linker\_sequence\_1299

TGACGCGAAAAAGAAAAAATAAGAAGGGCAAAAAGAAAAAGCGCAGCGGGTAGCAAATTTGGAATCGCATAAAAAGAAAAAAAAAATATCAAAGAAAAAGAGTCATCTCAAACATATGTCTGCAGATACTTCATTATCAGCTTTGAAAAC

>linker\_sequence\_1300

GACACTTTATAAAAAATAAAGGAAAAGTAAAATATAATGCTGAAAATATAGTTGCCTTAAAATGCCATTGATATGATTTTTTTTTAACCTTAAATCTATTGGCCTATAATATTCGCGGCAAAATGAGCATTTGAAAATCAGTAATAGAAT

>linker\_sequence\_1301

TTTCAACTTTTTCTATAATTTTCATGCATACATAAATCTGATATCGAAATAAAAATTACATTACACGGTAAAAAAAATGTTTTCAAAGCTTTTGATCGTAAGCGATTGAAAAAATATAACGAATACTCCGATACGGGGAGTCGAACCCCG

>linker\_sequence\_1302

ATGTGTCACACCTCGATCGGCAACGTGAATTGGTTACCGTCTATTTAGTAATCAGTACAGAGATATTGAAGATGCCGCTATTTTTTTTTTTTTATATTTCCGCCGTATTTTATTCCTGTGTAGTCGGGTAATGGATGCTATTTGTATGCG

>linker\_sequence\_1303

TATTGTTGGTAGCCTACATAGAGTCGTACGCGTTAGTTAGTGTACCAAAAAAAAAAAAAAAAAATACTCAAAGTATTCAAAATATTTGACGAAAAATGGCACATACCTGCATCTAACCTGAACAGCTTGTTGGACATGTTTTAAAATTTT

>linker\_sequence\_1304

GTAAAAAGAGAAACCCGAACAGGACAGAGCGTACATTTTTTATATACCTGTTCTTTTGTGCTTGTAGACGTATATCGTATTATTAAATTAAAAGTAAACCTAATTTGAACCATCGAGATAAAAAAAAAAAAAACGGAGCACTTTTTTGCT

>linker\_sequence\_1305

TGAAAATGGAGGAAAAAAAAAAAGACGAAATCCAAAAGGCTAAGGAAACGGGTAACCCGTGGTACCCGGGGCAGAATCAAACTTATAATTACTAAAGATATACCATATATTACGATCCCTGCGCCCGGCGTGCTCCACATTAAGTAAATG

>linker\_sequence\_1306

ATCTGCAAATAAGATATAATAAAAGTAACAGTTATTTATTTAATTAAAAACGCAAATATGTAGTAATACGTGGGACATATAAATTTCATGAATTAAAAAAAAAAAATGAAATTCAGATTGAAAATAATGGGGATATAAAAAAAGTGGACA

>linker\_sequence\_1307

AAAAAATTTTTGTTCAAAAAATATAGGAAATTTTAGAAAACGAATGTTGAATGCGTTATAAATAATACAGAATGTACGTGTATATAAAAATATAATAAAAAAAATGCAAGAGTTATGGCTTTGTAATAAAATTGATATCAAAAAATTACC

>linker\_sequence\_1308

TTTATTATCACCTTTAAAAAAGATAAAAAAAGAAACTGGAAAAAAGGTAAAAAAAAAAAAAAAATTAAATAAATACGAATACGTTTTCTCATGACCATTGTACTAGTAATCACAACCATGATACTTGAATAACTTTTCTGTTTTGTGCTG

>linker\_sequence\_1309

ATATATTCAAAAAAAAAAAACAAAACAAAAAAATAATAACGTGATAAACATTAATGAACAATGTATTTACATTCTTAAGCATAGGTGAGAAATTACCTTCTTTACTTTTTTTTTTTTTTTTGGTGATATTGTATATTAAAATATATAGTA

>linker\_sequence\_1310

TCATATAAACCAAAGAAACTTTTATACTTTTAAATATGCTAAACTATAGAAATTTAATGAACAAGCCCGCTAAATTCACATTTTTCTTTTTGTTGTTGATATTTTTTTATTTTTATTTTTTTTTCATTTTAAGTTTTCCCCTCACAGCAT

>linker\_sequence\_1311

ATATACATTGATGCGTAATGACATTGATGATCTTTATTCTCTTTTTATAACGTTTTCTTTCTTTTTTTTTCCTTCTTACATAGTATTCAACTGTATATTTAACATGTTTTACGTATTTTTAAGAAAAAATTACTAAACGCGATAATATTA

>linker\_sequence\_1312

TTACCTTCCAGCATTTTTTCAAATGTGTTCACACGCCCTGTAACGTTTATATATAAATATTTTAATATTTAACTTAGCTTATGCATATATAGTTAAAAGGGATAATAACAATAAGAATAAAAAACACAAACTGCTGAGATAAGAAAAGGA

>linker\_sequence\_1313

AAGTGAAGGCAGGTGCCTAAGATTGGGTGGGAAAGTAAATTTACATATAGTTTTTTCTAGGAAAAAAATAAAAATAATGAAGGAAGGTATACTTATATAAGCGCTGTTTATCGAAACAGACGAGAATAAAAAATGGTTTTAAAAAAATCA

>linker\_sequence\_1314

TAGAACCTTAAAAAACAGTATTGGTAATTGCAATAGCACCAACCGTAAGTGAGCTAAACTAGTGAAAGATTTTCTAAATCATAACGCGCGGAATTCCAGTTAATATATTACGTAGTCATCCCTCATCATAGAACTGTTTTTTTTTTTTGC

>linker\_sequence\_1315

TGTCCTTCAGCAAAAGAAAAAGCAGTTGGGCTCCTGTACGCCATATATACTTTATATGCGGTTTTTACCCCGGAAATCGCGTTTATTAATGTCAATGCGCGATTTCTATTATGGGTTGAAAAAGTTGCACTTCTGTTCCTTTCCAAACGA

>linker\_sequence\_1316

TAATGGTCCTCAAAGAAATAAAAGAAAAGGAAGAAGAAGTAATTGTAATATCAAACGGTTTTTTATAGTATATTCTTCTTATTCTATATTTATATATCAATGTTTTATAATAAGATGTTTATTCATAGCATATCTGGTGGATCGTCTCTA

>linker\_sequence\_1317

GTGAGGTTGGCGTGAGCAACAACTTGATCATCGACGAGGAAACTTTTTAAGTTGAGAACTAAAAAGCAGTATTGTTTTCGAATATGTATTATTTTTTTTTATTTTTTTTATTACTCGTTATCAATATATATATATACATGTATATTATTA

>linker\_sequence\_1318

AAATATTCCACACAAATCTATGCACATTACATTCTAGAATAAATTAATAAATAAAAATATATACATATATATTAATATGTATATATGTATGAATATAGTTTTCATTACAAAATAAGGCTTACTGTAGAGCATGTTGGAAATATTCAGGAT

>linker\_sequence\_1319

ACATCAGAACCCGGTGTTAGAATGCAAGGTATAATCAGCAAAAAAAAAAAAAATGTGTAAAAAAAAAAGGTCGGTTACCAGCTTTACTAAATGTTTTCTATTGAATAAAATCATAGAATTCCATAAGTGACTGTGACATTTTCCACCCAG

>linker\_sequence\_1320

ACGGGGGTGTAATAATTTGTAGTTCATTATTGCAATTATATATCTATATCTATATATGTATATAACATTAACATGTGCATGTACACACGTAATCGCGCGTGTACATGTCTATATGTGTTACTTGAACTATACTGTTTTGACGTGTATGTT

>linker\_sequence\_1321

AGGAAAAAAACAAAAAGAAAGCTGAAGAAAAGTATCTCAAGATATTTTCAGTAAATTTTTTTTTTTTTGAATTTTCCGTTTAATATTAAAAGACCTTAAATCGATAAGTTATGTATCTGTATATACAGGGTGTACTCAATTTAGCAATAA

>linker\_sequence\_1322

GCTGTTGTGTGTAAATAGATTGAACGCGTTGGGAATGTAAAACGCGATTAAGAATTTCTGATTTAACGCAGGTGCTAGGTTATTAATAGTTTCTTACGCGGATATGTAGGTTCAAGGGTCTATGTACGTATGGAGGAATAGCAAAAAAAG

>linker\_sequence\_1323

TGTTTACGCGTTTTATCCCATTATATGGCACCCAAATCAAATTTAAAAAGAAAAAACGCGTAAACAGTGTCGGGTAAGTTCATCCTCTGTTACTTTAATTGCTTCTTTTTTTGAAATTCTAAGTAAACGCGTCATTTTGATCCTCAGGAC

>linker\_sequence\_1324

CTAAACGTTTCTTTTTCTTTTTCCATTTTTTTTTTTTTTTTAGTTTTACTTTCTTTTTATTCGGAAAAATCTTTTCTATATTTTTCAAGGGTAACCTCATCGCCATGCAATTAATCACATAGACTCCTTAAGTAACAATGGCAAGGCGAT

>linker\_sequence\_1325

AGAGAAATATGAAAAGCAAGAATATAAAAATAGAACAGGAGCACTTAGTTCGGTTTTTTGCCATCATGTTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATGTGCGTGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTACATGTATGCGG

>linker\_sequence\_1326

AAACAGATAGAAAAAGTATAACCCTAGAATCGAAATCAAAAATTAGAAAATAAACGTATTGGAATTTTGTGCAATTATCATATTAAAATACAAAAACAATAAAAAAACTAAAAAGCTTTGAAACTTTCTTTAATTTTTTTCTAATTTTCT

>linker\_sequence\_1327

TTGTATAAAGTATACAAGATTGTAAAAATGATTGAAGTATTTTTATATATGTATATTACCTATAAAATTTTTTATATTACGTACCGAAGGGGTTTTTTTAATGCTAAAGCGATTCATCTTGCTGTAGGTATATTTTTAAATCATCTGGAA

>linker\_sequence\_1328

TAGGTTCGGGTGACGTGAAGATAACGAAAAATGAGTAAAAATTATCTTCTAATTATACATTAGTATTAGCGTGAAAATGTACACATATACATATATATATATATATATATATACTTGAAGGTCTGAAGGAGTTTCAAATGCTTCTACTCC

>linker\_sequence\_1329

TCTACAAACTGGTCCTTAAGATGTTTTATTGAAGACATCATTTTTTATTTTTTTAAGCAGAACGTGCTGTGCTCTCCCTTTTGGGCCTTTTTACGATTTTCAAAAAAATTGGTCTCTAGCGGGATCGAACCGCTGATCCCCGCGTTATTA

>linker\_sequence\_1330

GGGGGACGAGGCAAAAAGCAAAGAAAAGCAAAAAAAATAAAAAAAAAAACAAAAAAACAGGGGTATGAGAAAAAGACACGCTTTTCCACGCGCAGCAAAAAGGAAAAAGGAAAAGGAAACTCTTTATTATTGGACCTTAAACCTGAAAAC

>linker\_sequence\_1331

ACCTTGAAGACTATATTTCTTTTCATCACGTGCTATAAAAATAATTATAATTTAAATTTTTTAATATAAATATATAAATTAAAAATAGAAAGTAAAAAAAGAAATTAAAGAAAAAATAGTTTTTGTTTTCCGAAGATGTAAAATAGGTTG

>linker\_sequence\_1332

AATGCCTTCGCTTGTATTACGCAAAAAAAAAAAAAATAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAGGTATAAATCGTTGGTTCTTTTATGCACAATTATTTAACTATAGTTATCTATTTACGTAAAGGCTTCTATTTTTCCTTATCTACAAG

>linker\_sequence\_1333

CCTCACTTCAGCGGCTAAAAAAAAAAAAAACACCCCGAGTATTAGTGAATATAGATATATATATATATATATATATATATAGGGGGGCCGATAAAAAAGAACTTGCAATATTACGCAGATCAGGGATTTACTAAAAGAAAAGTAATAAAG

>linker\_sequence\_1334

CTATTCTCTCGAGCTCAGTTTTGGGTTTTGGCATGTAAACAATGCCTTCGCTTGTATTACGCAAAAAAAAAAAAAATAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAGGTATAAATCGTTGGTTCTTTTATGCACAATTATTTAACTATAGTTA

>linker\_sequence\_1335

GATCTGTCCTTACGCGTAATAATTACAAGAAGGTGAGAAAATTGCCTTTTTTTGCTAATTTTTTTTTTTTGGTACCATATTCAATAATTGATGCTAAATTATAAATTGATTTTATTGTTTTCCTCTTTCCTACAATTAATCTCTTTTTCT

>linker\_sequence\_1336

CCCAAAAAAAAAAAGTACTCGCTTCTTTCCATGTCCGCTTCATATATATATACACATACTAATCAAACTCTATGTATACATAGAATAAAAAGAAGAACACTATATTTATTTCATAAAAAAAAAAAAAAAATAACAAAAAAAGTGCAACAT

>linker\_sequence\_1337

ACGCACACGCGCACGCATCCACATTCACTTTCACTTATAAAATTTCTTCTCTCTAGTTTTATATACGTTGTATTAGAAATATAAAATATGACAATAGTACACTTTGTAGGCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTATATATTTTTT

>linker\_sequence\_1338

ACTAGACAGAGCGCATAAAAAAAGCCTAATCCCTTTTCCGTCTGTATACTTGTGCTCCCTTATAAAAAAAATTAAAAATTAAAAAATAAAAATAAGAATAGTGTATAAAATTATTTTTGCTTTGATTTTAGTTTATTTATTTACTTTCTA

>linker\_sequence\_1339

TGCTATAAAAATAATTATAATTTAAATTTTTTAATATAAATATATAAATTAAAAATAGAAAGTAAAAAAAGAAATTAAAGAAAAAATAGTTTTTGTTTTCCGAAGATGTAAAATAGGTTGAAAGTTAGAAATTAGTATTATAATAGCAAA

>linker\_sequence\_1340

CCCTTTTCCGTCTGTATACTTGTGCTCCCTTATAAAAAAAATTAAAAATTAAAAAATAAAAATAAGAATAGTGTATAAAATTATTTTTGCTTTGATTTTAGTTTATTTATTTACTTTCTAAATACAGTAGGTTAAATAAGGATCGGTTTC

>linker\_sequence\_1341

AGACTTTTTCCGATCTAAATAATGCATATAACCGTATCTTTTTTATATGAACCTAGTTTTGCTGTATAAGAGCCGAGAAAAAAATATAGGAAAATATAGGAAAATATGCAAAATAGAAACACGAATTTTTTTTTTGTTAGAGAAAAAAAG

>linker\_sequence\_1342

GAGTAATAAAAAAATTCTAAAAAAAAAACGCTTAAATCGAGGTGGAATATATAAACTTAAGTACGCATATACTCTAGTTCAGTTTAAAAATTAGCTGTTTTTTTAAAAAAAAAAATTCTCTTTCTTTACAAAATGTTCTTAAATGTATGT

>linker\_sequence\_1343

TCACTTATAAAATTTCTTCTCTCTAGTTTTATATACGTTGTATTAGAAATATAAAATATGACAATAGTACACTTTGTAGGCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTATATATTTTTTTACAATGACCACGGTTTGTACACCTGGGGC

>linker\_sequence\_1344

GATACACGGTCCAATGGATAAACATTTTTTATCAACACTATGATATATAAATATAATAGTTTTTCGTATATATATTCCTTTTTTTGGTCAATTTTTGAAATTTTCGTAGAAAAGGGAGAGACAAAACACATTATATCAATGAAAACGTAC

>linker\_sequence\_1345

CTTACGGCTTCAAAAAAGCACCGAAACTAATCGAGAAAGCTTATAATATCGGTATACATTTGAATGTATTTTAACTATTTCTATATCAAAAAAAAAAAAAAAAATTGTATATTTTTCGTTATTCTCTAATTCGTATCACATTTTATCCCT

>linker\_sequence\_1346

TCGAAAAGACAGCGAGAAGGGACACTGGAAAAATGGCATAAAACTTTTCAAGGTTATTATTAGTAAGTTTTTTTATTATATGATATATATATATATAAAAATGAAATAAATTATTTCTTGATGGAGCCACTTATTTTTCTTATACCACCG

>linker\_sequence\_1347

AAAAAATAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAGGTATAAATCGTTGGTTCTTTTATGCACAATTATTTAACTATAGTTATCTATTTACGTAAAGGCTTCTATTTTTCCTTATCTACAAGAAATTGCATGAAGTTTAATTTTTTTTGTCA

>linker\_sequence\_1348

AACGTACAGCACTTTAATTAATATAGACGTCTCTCTATGATTTTTTTAAATATTGTATATTTTTGTTTATATCTATATATCAGTATGCGCGCATACTTAGTAAAAGTATAAAAAGCCATTTGCTGCTTCATCGAATATTTTGGCTTTCGT

>linker\_sequence\_1349

GAGAAATGAAATTAGATCATAAATTAACTCTAACAAAGGAGAATATATATACGTACATATATATATATATATATATAAGTTATTGTAATTGAGAAAAAAATAAACATCATATAAAACTTCCGTTTTAATGAACGGGGGAAAATCCATGAT

>linker\_sequence\_1350

TTGCCCTTTTTCTATCACGAGGTTACTGAGCCATTGCATGAACGCGCGCGCCTCGGCGGCTTTTTTTTCTACTCTATAAAAGCGAAAAGCCAGAAGTTACTATCTCGAATAAAAAACCCCTCGAACTGCCATCTCATTACCGAAAATGAA

>linker\_sequence\_1351

TAAAGGATTTGGTCTGTAAGTCCATTTTTCATTTTTTCAAAATTAATAGTTTTTTCGGAATATACATATACATTTTTTTACATACACATAAAAATATTTCTCTCCCTTTTACGTTCATCCGCCAATCGATAAAAATGCATTTTATATACA

>linker\_sequence\_1352

TCTTAACAACCTTTAACCTTCCGAGCTATTGATTTTTGATCCTCACTTCAGCGGCTAAAAAAAAAAAAAACACCCCGAGTATTAGTGAATATAGATATATATATATATATATATATATATAGGGGGGCCGATAAAAAAGAACTTGCAATA

>linker\_sequence\_1353

AAAAAGAACAACAAAAATAAGTAAAATAATATATAAACCTGTATAATATAACCTTGAAGACTATATTTCTTTTCATCACGTGCTATAAAAATAATTATAATTTAAATTTTTTAATATAAATATATAAATTAAAAATAGAAAGTAAAAAAA

>linker\_sequence\_1354

TTTAGTTTAGTGCAGCCCACATACTACTTTTTTCCTTTTGTTTTTTTTTTTTATATTTCAAAGGTTAAACTCGCTTAGACTATGTCTATAATATAAAAAAAAAATAGCTCTATTCCGTTTCTTTTATTCTATTTGATATTTCCATCACAC

>linker\_sequence\_1355

AAATGGCATAAAACTTTTCAAGGTTATTATTAGTAAGTTTTTTTATTATATGATATATATATATATAAAAATGAAATAAATTATTTCTTGATGGAGCCACTTATTTTTCTTATACCACCGGCGGCGCTTGTAGTCCTTCTCCCTGACGTT

>linker\_sequence\_1356

AGTATTTGGCTTTTATTTTTTTTTTTTCATTTTCTTACTCGCGCTTTTCTTTATTAAGGGCTTTCTCAATTAGATGTTAATAATGTCATAAGGCATCGTTATTCCGCTTTATATTGGTAACTCAGCAGTGGTCATTGCCTTCGTTCACGA

>linker\_sequence\_1357

AACTTTTTCTCTCCCGGAGAACAAAGTAAGTGGAAAAAATTATACTAATAACAATCTAAAAATGTTTATTAGCTAGGATTATACACATAAATATATATATATGTGTGTGTCTATATTTACATATACTAGACCGCAAAAAAAACATAAGGG

>linker\_sequence\_1358

GAAAGAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAGTAGTTCCTGCACTGCGACGTCCATTATAGCATTATAAATTGGTCCCTGATTTACGCATGCGATAAACTATTTTTAGCGCAGCCGCATATTATCCGAGAATAACTTCCGACATAA

>linker\_sequence\_1359

CTGGCTGGGGTTCCACCTCAAAGAGCCACGCTCTGCTTTTTTTCTATCTGTTTGTGTCATATCTATCTGTCTATTTATCTATATATATATTTTTTTATATAAAACTATAAAGAATTCTTGATGTATGCCCTTAGGTTGGGCAGCTTTTCA

>linker\_sequence\_1360

GTCAAAAGTTTTTTTGGCCATATGCAGTAAAAACTTACCCTTCAAATTGCAAAACCATTAGTTTTATTATATTTTTTTTTTTTTCTTTCATTGAAGTATACACGAAATCCCATACGCAAATAAACAGTCGTTGTATCATCAATTTCGGCT

>linker\_sequence\_1361

CTCTTGTAATTACCTCATCTCATTATCAAGAAGCAAAATTTTAACTATGTATTTTGACCTTATTTTTGTACTCCACTTTTTTTTTTTAGTTTTTTTTAGTTATTTTTTAATTTTGAAGTAACGGCGATGAGGTGAAGTTTTTTTTAAACT

>linker\_sequence\_1362

GATGTGTGATGTTCCTTAATATTATATTCAATGAATAGCAGAGTAATAAAAAAATTCTAAAAAAAAAACGCTTAAATCGAGGTGGAATATATAAACTTAAGTACGCATATACTCTAGTTCAGTTTAAAAATTAGCTGTTTTTTTAAAAAA

>linker\_sequence\_1363

TTATATCAATGAAAACGTACAAAAAGTAGATAAAGTCAGTGCTTAAACACGTCTTTTCCTTAAAAATACTTTATTATTTTTATTTTATTGAGAGGGTGGTTTAAAAATAGAAATAGAGAGAGAGGTACATACATAAACATACGCGCACAA

>linker\_sequence\_1364

AAGATGAATGTCTCTTTGTTAATTTAGCTAGAGTTTTCCTTATTTATTTTTTTTATTTACACTAATTCAATCTTTTTCGTTATATTTAGATATTATTAAAAATTATTATTATGGAAAAAATTCTTAAAAGGATAGACAGAGGGACGCCGT

>linker\_sequence\_1365

ATGATGAACCATGAAGAGCATGGTTAGATTGCTGCCAATTTTTTTTCCTATTTCGTCATTTTTTTATCAAGATTTTCCAGTTTTTTTTTTTTTTTGGCATTGCTTACTATACGCGAGGGAGGTTCAATTGACACTTTCCGCTACGGCGAT

>linker\_sequence\_1366

CATAAGGAGGAAAAAGAAAATTAAAAGAAAAAAAAAAAGAAATAAAAAAAGAAAACGGTACTGGATATTGAGATAAATTTTCCTTCAATTAAGATAATAAAACATGTTATATAAAATCAGACAAAATAATATGTAAATTTTTAACGTATT

>linker\_sequence\_1367

ATTAGAGGCATCTCCGACAATCAGAAGAACACTTCTTGTTATTATAATTACCCATATATTTTTTTTTTTTTCAAATTGACTACTAGGAAAAAGTGACAATTTATAGTAAAACTGGCTAGAAAAACCTACAAGAAAAACAAAACCAGGTTA

>linker\_sequence\_1368

GAACTGCTTCGACTTAATAAAACTAGCTCTTCAGAGGAAAAAGTGATTACCCTCGTACTTTTCATTTCATATATATATATATATATATATATGTACCTATATATTCTTCTTATTATGGCTTTTCTAATTCTTGCAAGATTCTTTGACAGC

>linker\_sequence\_1369

ACCGTATCTTTTTTATATGAACCTAGTTTTGCTGTATAAGAGCCGAGAAAAAAATATAGGAAAATATAGGAAAATATGCAAAATAGAAACACGAATTTTTTTTTTGTTAGAGAAAAAAAGAGATAAGCCCTGTAGGGGCTCGAACCCCTA

>linker\_sequence\_1370

TGATTCTTTTTTCCCTTTTTCTCAATATTCGCAGGTTATTTTTCCTTTATATATATACATTGTTTGTATCTTTTTTTGATTACCATACTTACTATTTTTATATTAGTCATATTAGATGTCACTTTTATATTATCTAAACAATTCAAACTT

>linker\_sequence\_1371

CCATTGCATGAACGCGCGCGCCTCGGCGGCTTTTTTTTCTACTCTATAAAAGCGAAAAGCCAGAAGTTACTATCTCGAATAAAAAACCCCTCGAACTGCCATCTCATTACCGAAAATGAAAGAAAATGAACTTAAAAATGAGAAAAGTGT

>linker\_sequence\_1372

TTTGGACGGCGCGGCCGACACATTTTGCTGTTTCCACTCCGCGGGGATTAAAGACGCCAGTTCGTGCAGCGCGACCGCTAATCGATTACGCCGTGCTTGCTCTGCATGCTTGTGTGATTCGCGCTTGTCATCGTCCACGAGCGCGCCCGA

>linker\_sequence\_1373

TATAAAAAAAATTAAAAATTAAAAAATAAAAATAAGAATAGTGTATAAAATTATTTTTGCTTTGATTTTAGTTTATTTATTTACTTTCTAAATACAGTAGGTTAAATAAGGATCGGTTTCTTGAAGAAATTGTAACAAGACTCAGAATAA

>linker\_sequence\_1374

TTTTTTTGTGACATATTAAAATTGCGAAATTGCAAACGAAAATATAAATATATATGAATGTTAATAAATAAATTATTTAATTGATGATTGAGGATGAAATACACTTTTATGATCTGTCCTTACGCGTAATAATTACAAGAAGGTGAGAAA

>linker\_sequence\_1375

ATGTCCGCTTCATATATATATACACATACTAATCAAACTCTATGTATACATAGAATAAAAAGAAGAACACTATATTTATTTCATAAAAAAAAAAAAAAAATAACAAAAAAAGTGCAACATTTATCAAAAGCTCAGTGTGCGTTATGCTTC

>linker\_sequence\_1376

CTCTTCGACTACTTTCTGCAAGTAAATCATTCGGAAGTGCGACAATATAATGACAAAAGACGATAAGTTACTTCTATTAATTGAACTTTAAGTATTTGGCTTTTATTTTTTTTTTTTCATTTTCTTACTCGCGCTTTTCTTTATTAAGGG

>linker\_sequence\_1377

CTCTGCTTTTTTTCTATCTGTTTGTGTCATATCTATCTGTCTATTTATCTATATATATATTTTTTTATATAAAACTATAAAGAATTCTTGATGTATGCCCTTAGGTTGGGCAGCTTTTCAACCTTAGACTTGATGCTAACGCCGCTCTGT

>linker\_sequence\_1378

AAATTAGGGACTTCAAAAATTCTAATTTAGCCTCGAAATTGAGAAATGAAATTAGATCATAAATTAACTCTAACAAAGGAGAATATATATACGTACATATATATATATATATATATAAGTTATTGTAATTGAGAAAAAAATAAACATCAT

>linker\_sequence\_1379

TTAATAAATAAATTATTTAATTGATGATTGAGGATGAAATACACTTTTATGATCTGTCCTTACGCGTAATAATTACAAGAAGGTGAGAAAATTGCCTTTTTTTGCTAATTTTTTTTTTTTGGTACCATATTCAATAATTGATGCTAAATT

>linker\_sequence\_1380

TTTCCTTTTGTTTTTTTTTTTTATATTTCAAAGGTTAAACTCGCTTAGACTATGTCTATAATATAAAAAAAAAATAGCTCTATTCCGTTTCTTTTATTCTATTTGATATTTCCATCACACTTTCATCTTAATCACGGATGTATACTGATA

>linker\_sequence\_1381

GACACATAAGAAACAGATTTTTCACGAATTGAAAAGGCAAAATTCAAAAAATTAGGACTAGGCGATATAGATTTGTATATAATTTTATATAAAAGGAAATATGTACATCATTTTCTTTCACTGTAGGCAGCTGTTTCAAGTTCTTTTTTT

>linker\_sequence\_1382

TGAAAATATGGAAAGTACAAGTTTTTAGTTGAGAAGGGTTTAAGAAAGTTTTGAAAATGATCTAAAAAAATATAAAAGCAATCAAAGAAATAAAAGCTGGAAAAATGCGTAATAACCGAAGTGACTAAAATTTCTTTACGCGCCAAATAA

>linker\_sequence\_1383

AGCTTACCCGCTTCCCCACACATTTTGGTAGTATCTGTCCTCTTGTTATTGTTACTGTAATTGTGTATATATGTTCTCGCGTGTGTCTTATTTACTTATTTAGTTATTATATTATATGGGTCTGCAAGGTAGAGGCGCGCTTGTTCAACA

>linker\_sequence\_1384

TAGCTCGGCTGCACCATTCTAAACGCGGGGGGAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTCAGCCTTTTCTTCGTAAGCAAAGTATCCCACGTAAAAGGTTCCTTATACTAACACATATGTACTGTAAAGGTAAAATTACTTCTATTTTTTCTACTG

>linker\_sequence\_1385

ATTTATACCATTCCCTACTGAAGTATGTAATTCAAAATATATATATGTATATGTATATGTACATATATATGTATATACTATCTTAACAACCTTTAACCTTCCGAGCTATTGATTTTTGATCCTCACTTCAGCGGCTAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1386

TACGGTGTTTTTATGATCCCAGATGTTCAAAAAAAATCAATAATTATCAATTAATCGTGTACTTTAATAATCCATATATGAATCATTTAGGTAATTAGCTCTTTTTTGCTTGAAAAATTCATCCATTCGGCTCGCGTTGTCTAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1387

ACTGTAAGCACACAGAGCTATGGGATGTGTGGCAATGACTGTATATATATGTATATATATATATATATATATATATATATTTATTTATTTATTTATTTAAAATATAGCTACGTATGCGCCAGTTGTTTTTATCAGCTTTGCTTCTGGCCA

>linker\_sequence\_1388

AATACAAAGGAGAGTAAAGATGTGAAAATGAATTAAAAGGAAAAGTATTATGCATATATATATATATATATATATATATATATTTATATATTTATACACATAGAATTATTTTACAGTAAAGGATGCTACACCACCCCGGGCTAACTTTAT

>linker\_sequence\_1389

ATACAATACATGTCATTTTTAACAATGATGCAAATAACTTTTAAGGCCTTAACACTCTACATAATATGCTAAAAACATTAAAAAAAAAAAAAGGAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACGGGAGATTAACCGAATAGCAAACTCTT

>linker\_sequence\_1390

TGTACTCCAGTATGGACCTCTTAGGTGAGTGATCTTATTAAAAAAAATAAAAAAAATAAAAAAATATGAAAAAAAAAGAAAATTAAAAACTAAACAAATTTTATGACAGGAATAAAAACTATAAAAAATGAAAAGCAAAAAAAAAAAGGC

>linker\_sequence\_1391

GATTATAGACTGTGAATATTGCATATGCAACTTTGACTCAAATTTTTCCAAAATTTGATATATATATATATATATATATGTTTGTATGTATATATATATATACGTATATATATCATATATACGAAAAGTAGAAAAAAAAAGGTGATATTT

>linker\_sequence\_1392

GATCTTATTAAAAAAAATAAAAAAAATAAAAAAATATGAAAAAAAAAGAAAATTAAAAACTAAACAAATTTTATGACAGGAATAAAAACTATAAAAAATGAAAAGCAAAAAAAAAAAGGCTACTGGATTTTTAACATCTTGTCCTTTTCT

>linker\_sequence\_1393

TTCCTGAACTCGCATTTTTTTAATGATTTTTTATGACCTCTTATATATTCTTTCATTATATAACCTCTATATTACATCAAAAGATGGAAAAATATAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAGAAATTTTTTCCAAAAGAGTATATTTATATGT

>linker\_sequence\_1394

TTCGTATAATTGGTACATAGGTATATATCAAATAAAAATATGCATTATTCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAATGTCTCTCTAAAGGGTGATTATAAAAAACTTGGTTTGGGCAAGTTTTTAGCCTCCCTTGGA

>linker\_sequence\_1395

TTTTTTTTTCTTTTTCACCGTATTTTTGTGCGTCCTTTTTCAATTATAGCTTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTCTCGTACTGTTTCACTGACAAAAGTTTTTTTTTCAAGAAAAATTTTCGATGCCGCGTTCTCTGTGTGCAACGGATGGA

>linker\_sequence\_1396

AATATAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAGAAATTTTTTCCAAAAGAGTATATTTATATGTATGTATACATGTAGGGAAAATAAGAAACTTTATTAATAGTAAAAAAGCATATATACTTTATTATTAACTCTTTTGTTTTTCTCGAGAAGC

>linker\_sequence\_1397

TCAGTTAGATCTTCTATTATTTCCTTTTTTTTCTTTTTGTTTGTAATTGTTTTTTATTTTTTTTTTTGCGCGAAACTTTGCTATATTGGGTAACGCGTAAAATACTTTTTATTATTGCAGTAAGGCGGAAGGGTCTTCCCCTTTGCATGT

>linker\_sequence\_1398

AGAAAAAATGTGAACAAAAATAGTGTCATCTCCAGTAAGGCTTAAATGTATATTGATTTTCTATATATATATATATATATATATATATTTATGAAATAAACCATATAATTATAAGTAGTAGCTTGGAAAAACGCCAAAGTTGTACTTAGA

>linker\_sequence\_1399

CACAGTGCCCTTATGATCAGGAACTGTTTAAAAACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAATCTAAATATGTTGCTTGAATTATAAATACAATAACGGGAAAACATATGATGTGTCATGTTCAAAAAGCTTTGAATAGGTGTCTTC

>linker\_sequence\_1400

AAAAAAAATTGTCATCTGAGAAATTGCTTTGGATGACCAGATCCAAAACAGACATAAGCATTCGTATAATTGGTACATAGGTATATATCAAATAAAAATATGCATTATTCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAAT

>linker\_sequence\_1401

TTTCATTATATAACCTCTATATTACATCAAAAGATGGAAAAATATAAAAAAATTAAAAAAAAAAAAAAGAAATTTTTTCCAAAAGAGTATATTTATATGTATGTATACATGTAGGGAAAATAAGAAACTTTATTAATAGTAAAAAAGCAT

>linker\_sequence\_1402

AAAAAAATTGAAAAATCATAAATTAAAAAAAAAAAAATCAATTGAATTTTTTTTTTTCATGATTACGTTTTGACATTTTTCCTTTTTTTTTCTCTTATTACGATTTACCTTTTTTATTTATTTTTTTCATTTTAGTATTTTATTCTTCGT

>linker\_sequence\_1403

AATACAAAAAACTATTTTCTTTTCGGAAGGCAAAAACAAAAATTATAATAAAAATAAAAATATGTATAATATAATTTTTATCTTCTAACTTTTTATTTATTGAATTTTTATATAGTAAATATAACACGTGATATATTTGAAATGTGATTA

>linker\_sequence\_1404

TTAAGGCCTTAACACTCTACATAATATGCTAAAAACATTAAAAAAAAAAAAAGGAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACGGGAGATTAACCGAATAGCAAACTCTTAAACTATGAAAAGGCAATCAATCCACTGTTTTCTTTTTCC

>linker\_sequence\_1405

CACTTATTGAAGTCCACATAGATACACACAGATAAACATATATATATTATGTATATATATATATATATATATATATATATATATATGTATATATCAACGCCCATACCATTATCATTATCAATAAGTTTGCGAGGCGGGTACCCTCCCTCG

>linker\_sequence\_1406

TATGATGGGCGCTATCCTCATCGCGACTCGATAACGACGTGAGAAACGATTTTTTTTTTCTTTTTCACCGTATTTTTGTGCGTCCTTTTTCAATTATAGCTTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTCTCGTACTGTTTCACTGACAAAAGTTTT

>linker\_sequence\_1407

TAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAATGTCTCTCTAAAGGGTGATTATAAAAAACTTGGTTTGGGCAAGTTTTTAGCCTCCCTTGGACCATTAGTGGCGAAAGTGGAGCCTGCATAAGAGTGACTGAGTTTTTTGGC

>linker\_sequence\_1408

TAAGTTCTTTTAAGTATCACATTACAATAACAAAACTGCAACTACCATAAAAAAAAATTGAAAAATCATAAATTAAAAAAAAAAAAATCAATTGAATTTTTTTTTTTCATGATTACGTTTTGACATTTTTCCTTTTTTTTTCTCTTATTA

>linker\_sequence\_1409

CGGTTTCCATATTGGAACGGCACCTTCCTTTTTTGGAAGTCACGTTCCTGCAGCGCGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTTCGGTTTTTTTCGCACGTTTCTTTTTGGTGAGCGAGAAAGCTCGTTGCCTCCTAATATAA

>linker\_sequence\_1410

TCTTTAACTGGAAAAAAAAAGCTTTCACGACTCAAAGAAAAAAAAAAAAATTTTTTTAGGGTAAAAAAAAACTAAGGGCTAATATGAAAAATACAAAGGTTATGTTACTTTAAAATGAGGTTTGGAAGAAGGAGAAAGACAAAAAAGCAG

>linker\_sequence\_1411

TGAAAAAAGTTCATGTTTTGTTATTTCTTTCTCACATACTTTATAAAAAAAGATAATTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAATACAAGTGGAACATTATCAAATAAAAAGCATTATAGCGCCACATGCGATGAACCTGAGCTTTTATCTTCATT

>linker\_sequence\_1412

TTTTTTATTCTTCACAGCGTTTTTTCGACGGAGGAGGGAAAAAAAAAAATTGTATTTAAGGCATCAAATGCGCGACATCATATACCTTTGTCCGCTGTTATCATACCTTGAACCTCTACATTTCAGCCTAGCGCGCGCAAAAAGAAAAAA

>linker\_sequence\_1413

TTTTGGAAAGCTAAGGATAAAAACAATTCTTTTCATTAGATGTATTTTTTCATCGTATTAGGTGTAATATATATATATATGTATATATATATATATATATAATATATATGTAGTATACACACGTGGACGACCATTAACGAATGTTGTATA

>linker\_sequence\_1414

AAAATCGATGGGCTGGGAAAACGCGTCATCAATTCAACCGAATAAGGAAAACTAAGCCACTTCACGCGGTTCGCGATATTTGTCCAGCCTCTTTTTCCGAAAAAAAAAAAATTAAATAATAAAATGAAACGGACAGGAATTGAACCTGCA

>linker\_sequence\_1415

ACCTTAAGTTTTAGTAGGCAGGACAATTTCAGTGTTTGTAAAAATATATTTATATTTATATATTTAAATATACTAAATAAAAATAATACTATCATCGTTGTGATGCAAAAAAAAAAAAAAATGAACAGAAAATAATAGTGATGTGAATGG

>linker\_sequence\_1416

GCAGACATGACCCTTTTCTCGATATGTTTTTCTGTGATTTTTTTTTTTCAATTGTTCGAAATAACCTGTATTGTTCAATACTGGACAATTGTTCTGATATATATATATATATATAATTTTCAATGAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGAAAA

>linker\_sequence\_1417

ACCCACTTGTTTTACCGCAGAGGGCCCTTTTTTTGTTTACCGTCGCAAAAAAAAAACGCGAAGAATACGCGTTGGTCGTTAAATTTTGTGGTACGCGTAAAACTGCTATTTGGTATCCTCTTTAGGGACGCGCCCATTGTCTATACGGTA

>linker\_sequence\_1418

TATTGAATAGTGATGTTATGACCTTTTTTTTTACGCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTATCTCACTTTTCCCTTCTATTTTATGTACTAACAGATAATTTTATAATGATTTCATGTATTTTTGGTTCAGAATTTTGACAAGG

>linker\_sequence\_1419

CATCACTTTTCTATACTTTCTCTTCCCCGCGTGTTTTCCGTACACCAACAATATATGCCATAATACACGTAACATTTTTTTATAAAAAGAAAAGGTAAGTGATATATATAAAATAGCGCCATGAGTAGGAAACTTTTCTGTTACTGCAGA

>linker\_sequence\_1420

AAAAAAATCAATTGAATTTTTTTTTTTCATGATTACGTTTTGACATTTTTCCTTTTTTTTTCTCTTATTACGATTTACCTTTTTTATTTATTTTTTTCATTTTAGTATTTTATTCTTCGTTATTTATGTATAGAAATTTTCATTTTCATT

>linker\_sequence\_1421

AATTAAAAGGAAAAGTATTATGCATATATATATATATATATATATATATATATTTATATATTTATACACATAGAATTATTTTACAGTAAAGGATGCTACACCACCCCGGGCTAACTTTATGGCTTCTACTATTTCAGGTTCCCTTTCGCG

>linker\_sequence\_1422

TCGGCTATTACGTCAAGTGAGAAGAGTTTTGGCCTTCGCTTCAGTTAGATCTTCTATTATTTCCTTTTTTTTCTTTTTGTTTGTAATTGTTTTTTATTTTTTTTTTTGCGCGAAACTTTGCTATATTGGGTAACGCGTAAAATACTTTTT

>linker\_sequence\_1423

CTTTGACTCAAATTTTTCCAAAATTTGATATATATATATATATATATATGTTTGTATGTATATATATATATACGTATATATATCATATATACGAAAAGTAGAAAAAAAAAGGTGATATTTCGCTCGTGGAAAAGCTAATGCCACAGCTTG

>linker\_sequence\_1424

TAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTGTATGGCATACTAACTATACAAATATTTATATGTACATTTATACAGTAACCTATTATTTACCGATATTCACCGGTATTTTACTTTAATAGATGCTGGTAATAACGAAAAAAATTGATAACT

>linker\_sequence\_1425

AAATAAAAGAAAATCGACATAATGCACCTCAGTATAAATTGTAAAATATAACATAAATCAAAGAAAAACGAGAAAACGATATGATTATCCGATACCGACAAATTCTCATGTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTTTCT

>linker\_sequence\_1426

AAAAGAAGACTAACTAAGAGAAGAAACATACTTCAAAAAAAAAAAAAAGAAAAACAACAAAAAAACGTATAAAATGAAATAAATTTCGAACCGCTTTTTTTCCTTTTTTTTTTTTTTACTTTGTTTGACCTCCCCTAACTCTTTCTTTTT

>linker\_sequence\_1427

TGACGAAAGAAGACACGTCGCCTAAACGCGTAATGAATCGCAATATACGAAAAGCTAAACGGGTTTTTCAGAATCCTCTTACCCAGCCTTGGATAATAGTTTTGGCCGAAAAAAAAAAAAAGAAAGAAAAAAATTGAAATTTCGCGATCC

>linker\_sequence\_1428

AGAAAAGAAAGGGCCTAAAAACCTCGCCCCAGTGCATAATAAAAGTAAAAAAAAAAAAATCAAACTTTATTGGGATAAAATAAAAATCAGAAAAACCCTTATATATGTATATGTAGTTAAATGAAGCCAGTTTTTTTCGTCTGGTTTGTT

>linker\_sequence\_1429

TGAAAAAAAAAAAAGCTCAGTCGCGCGTGGCCTTTCTCTATGGAGATTTCTCAAACGATATTAATCCTGTATATCTCTATTAATTTAGTTAATACATACACGATATATCGTCGCTTTTATTTTTTTTTTTCAAATACTTCTTCTTCCTAA

>linker\_sequence\_1430

TTGACACCGCGGCGCAAATGTTAGAAGTTCAAAATGAAGCCTAAGTATCACGCTAATTGAAGTTTTTTTTGATCACTCCAATAGGCAAATCTATAGATATATAAAAAATATAGACAAGACTTTTTTTTACATTGCCAGTTTTCTTTTTTC

>linker\_sequence\_1431

TTTTGGAAGTCACGTTCCTGCAGCGCGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTTCGGTTTTTTTCGCACGTTTCTTTTTGGTGAGCGAGAAAGCTCGTTGCCTCCTAATATAAAGGATGAGATGAGATGAGCAGTGCCGCAAA

>linker\_sequence\_1432

GAGAGCCAAGTCTTTCTTTATAATGCATAGCAATAAATAGTCATATATATATATATATATATATATATATGTACATATATATGAACATATATATGAACAAATAAATGATAATGGTATGTGATAGTCATTATTAACGATTAAGCGTTTTTC

>linker\_sequence\_1433

CGCGCATACATGCGTATTCATATTTCCCTTTTGCATTTGTCTTCTTCGGTTTTCCTGGTAGAATTTCCCTTAATGGGAGAGTAGTAACAATGCAAAAAATGAAGAAAATTGAGAAAAAACAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1434

ATAACCTGTATTGTTCAATACTGGACAATTGTTCTGATATATATATATATATATAATTTTCAATGAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGAAAATTAGAAGCTAGAAAGAAATAAGGAAAAGGAAAAGCAAACAACAATAGGAAAAAAAAGCAT

>linker\_sequence\_1435

TTTTTTACTTTTGCCATCTTATACTCATCCTAATCATCTGTTTCATTTTCCTTCTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTTTCGAAGAAACTGCCTTTTTAGAATTGTAAAAGACGAAGTGAAGTATTCAGGAGT

>linker\_sequence\_1436

ATCGGTTATAACTGCCGATACCCGTATCTTTTGTGTTTGATTCAAGGAATACTTATTTAGAGTAGAAAGAATATATTTACTTAGATAACTTAATGTATAATATATAAAAAAAATCAAAAAAACAGGAAAAAAAAAAATCATGAGTGAGTG

>linker\_sequence\_1437

TCCAGTAAGGCTTAAATGTATATTGATTTTCTATATATATATATATATATATATATATTTATGAAATAAACCATATAATTATAAGTAGTAGCTTGGAAAAACGCCAAAGTTGTACTTAGAATGAGGTTTTAAAAAAAAATTATAAAAAAA

>linker\_sequence\_1438

AGTATAAATTGTAAAATATAACATAAATCAAAGAAAAACGAGAAAACGATATGATTATCCGATACCGACAAATTCTCATGTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTTTCTTGGGCCTTTACATTGAGTACAGGGGCATAA

>linker\_sequence\_1439

AAAAACATTAAAAAAAAAAAAAGGAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACGGGAGATTAACCGAATAGCAAACTCTTAAACTATGAAAAGGCAATCAATCCACTGTTTTCTTTTTCCATTTCTTCTAGCCTATTTGAACTGTCTGCT

>linker\_sequence\_1440

GAAAACATGGTCTTGCTTCACCCTATTCTCGCCGAGAGCTGTACAAGATATTTTTTACTTTTGCCATCTTATACTCATCCTAATCATCTGTTTCATTTTCCTTCTATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTTTCGA

>linker\_sequence\_1441

AAATTTCACAGTCATGCTCACCCTTAAGTTCTCAACCTTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTGTATGGCATACTAACTATACAAATATTTATATGTACATTTATACAGTAACCTATTATTTACCGATATTCACCGGTATTTTA

>linker\_sequence\_1442

AAATCATGTGTTACCCGTCCTGCACAATCATGAGTGCCTGCGGTTTCCATATTGGAACGGCACCTTCCTTTTTTGGAAGTCACGTTCCTGCAGCGCGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTTCGGTTTTTTTCGCACGTTT

>linker\_sequence\_1443

AGATTTTTGCCTATAAAGTTTAAAATACTTCCCCGCTATTTGTATATATGCATATCTTTATATTATGAAAGATATTTTTTTATTTACTTTTAGTCCGTATACTTTTATTTTGTTTTGTTAGACAATCTCGAAGAACAAAAAAAAAAGATA

>linker\_sequence\_1444

CATGATAACCAAAAATAGTCTTAACAAAATACATATAAGTAAATAATGCTAAATAAAAAAGCAAAAAAATAAAATTTATATCACACTTGTAAAACCTTTAAATGATCTTCTTTTTTACCTGTTTTATTCACTTGTTTTTTTTTTTCTGAG

>linker\_sequence\_1445

ATTCACAATAGGAAAAAAAAAATGGGTTTGGTGACTGCAGTAAAGACGTGCTAAAAAAAAAAAAGTTGTTTTTATCTGAACCTTAAATATATCATTTATGAGTGTATATATTATACAAACGCAATAACAGTGGCTCCCGCCCTCCACCTC

>linker\_sequence\_1446

CGTCGCAAAAAAAAAACGCGAAGAATACGCGTTGGTCGTTAAATTTTGTGGTACGCGTAAAACTGCTATTTGGTATCCTCTTTAGGGACGCGCCCATTGTCTATACGGTAATATAGGGCTTTCTTCATTACCTGCTTGCGTCAATTAGCT

>linker\_sequence\_1447

CAAAGGATGCTCCCGGTTGTGTGATTGAAAACGGAACTAAGCTTTACTAATCAACAATATTAACTTTATAATAGATTCATATATGCGCGTACATATATTATATACAATTTTTCTACACAAGAATGCTTAATAAAGATACGATAATTTTTT

>linker\_sequence\_1448

ATGGCGCAAGTACTTATTGTGACCTTTGGGGTACCGTTACCGTCAGTTTTCTTCAGCTAAGGCGCGCGCGCCAGATAACTAAAAAAAAATATAGTTGCTGCTTAAAAAACAATACACCCGTACTCTCTTGCCTGTAAAAACCTCGAAGGA

>linker\_sequence\_1449

ATAACTAATTGTGTGCGTTGCGCGGGGTTGTGTGGCTCAAAAAGATCTGTTTTTGTATTAGCAATTTTTTATTTCCCTTTTTAAATGAATTTTTTTTCTTTCTGTTTCGAGACAAGGCCTTTTGCAAAAAAAAAAAAAGTAAAAAAGTGA

>linker\_sequence\_1450

CACTTATGCAAATGATTAATGCTGATATGTTTATTTACATCACAGTGCCCTTATGATCAGGAACTGTTTAAAAACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAATCTAAATATGTTGCTTGAATTATAAATACAATAACGGGAAAACAT

>linker\_sequence\_1451

AAAACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAATCTAAATATGTTGCTTGAATTATAAATACAATAACGGGAAAACATATGATGTGTCATGTTCAAAAAGCTTTGAATAGGTGTCTTCCATCAAAAGGGTCACAGGAACATGAATTTC

>linker\_sequence\_1452

TCCACAGATAGTGCTACTTTAGTAAACGTTCACATCAAAAGGTAGTATTAATTAAAAAAAAAAAAAAGCCAATAATTTCGCGCAAGCTTTGCTCTACATAATAAAAATACAATTAGGATAGAAATGAATATTTTTTTAGCGGCAGTTTTA

>linker\_sequence\_1453

AGATAGTTATAAATCTATGATTGTATGGTTTCTTTGACATATTTATAGTTAATATATATATATATATGTGTTTAATTTTATAAAAATTCCATCGTTTATATTCGATTATTTTTATATGTCAACCTTTTTTTTAAGAAATGTTCATATTTA

>linker\_sequence\_1454

AATATGAAATCAAAATTAAACATTTTTCTGTAATTTCCGTAATACAAAAAACTATTTTCTTTTCGGAAGGCAAAAACAAAAATTATAATAAAAATAAAAATATGTATAATATAATTTTTATCTTCTAACTTTTTATTTATTGAATTTTTA

>linker\_sequence\_1455

AATTCAGGTTAATTCTAAAAACTATATTGCAATCTTTTAAATATATGTATACACGTTCATTACCACGTATACATATCCATATATATATATATATATATACATACTATTTATGATAAATTTTTAACAAGCAAACCCATTATTAAATGCTAT

>linker\_sequence\_1456

AAAGAAAAAAAAAAAAAACTGAAATTTCCACCTTACCCGTTTTTTTAATGGAACAGTGATTGTTACGACATTGAGATTTTAGATTTATATAATCACATACATATTAAATAGTTAATGCACCTTTAATTCTTTTGCACTTCATGTTCTATA

>linker\_sequence\_1457

TGTAATGTGACACAATTTTGCTATTGCGGAAACTGCAGCATAGTCAGTGTAATAATCGTACTGTTGCTTTTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCATATAGAAAAACTGTTATTGAATGTTTTGACTAGTCTCATGAAATAAACA

>linker\_sequence\_1458

ATAAAAATCATTAGATCCACATTACTAATTATTGAATATGGACAATAATATCAAATATATTATTATCAAATTGATTATTTTGTGACGCGGCGTCAAATTTTAATCGCGTCTGACGAATGAGCGGGTAATAAACTGTCTTTTTTTCATGAA

>linker\_sequence\_1459

TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTTTCGAAGAAACTGCCTTTTTAGAATTGTAAAAGACGAAGTGAAGTATTCAGGAGTATATTATTACATACATACAAAGCAAGACAAAGAAACATTTTTAGATCTAACATTTTACTT

>linker\_sequence\_1460

GAAAAAAAAAAATTAAAATAAAGTCACAGAAATTCAATGAATATTATAAATTTTTCTTGTTTGTTTCCCTAGTTGTTATTTTTATAAAAAAAATTCTTGTAGACAATAAAATAAGAAATGCCCATTTTGTAACTTAGCGAAAGATGCCCA

>linker\_sequence\_1461

GAGGCGCGGGTTCAAACCCCGCGGGTATCAATATTTTTTTGAATCTACGCACTTCAATAAGAATTAGGCTGTTAGGATAGCATTTTTTTTCTATGTACCAAAAGTATTCATACGTGGCTCCTTGTTACCCCACAAAACTTTTTTAGACTT

>linker\_sequence\_1462

ATATATGTATACACGTTCATTACCACGTATACATATCCATATATATATATATATATATACATACTATTTATGATAAATTTTTAACAAGCAAACCCATTATTAAATGCTATAAATAAAAGACAGCTTCTTTCTAATTATTATTCAAACTTA

>linker\_sequence\_1463

TTTCCTGGTAGAATTTCCCTTAATGGGAGAGTAGTAACAATGCAAAAAATGAAGAAAATTGAGAAAAAACAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAGCTATGTAGGTTGATTGTGTTGTTCTATGTAGTGCCCTTTATTTTT

>linker\_sequence\_1464

TTTTACTTTCCTGGAAAACGCCATCGAAATAGTCGCCAAAAAAATCGATGGGCTGGGAAAACGCGTCATCAATTCAACCGAATAAGGAAAACTAAGCCACTTCACGCGGTTCGCGATATTTGTCCAGCCTCTTTTTCCGAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1465

TGACATTTTTCCTTTTTTTTTCTCTTATTACGATTTACCTTTTTTATTTATTTTTTTCATTTTAGTATTTTATTCTTCGTTATTTATGTATAGAAATTTTCATTTTCATTTAGATTCAGATTTGGTTATCTTTTTTCATTATATATCTTT

>linker\_sequence\_1466

TATATAGAATTTAATAAAGACAAATGCAAAAGTTTTTTTAAAGTATGGATGTATAATAATAATAACGATAATACGAACACTATTGGGACTAATAATGATTTATAGTTTTTTTTACACAGGGGATTTAACGTTCCGCGACCCTTTTTCCTT

>linker\_sequence\_1467

AAAAGTCTTCAGCAGTAGTTGCAAAAGTGTCCTTTTTTACTTTTTGGGCTACATTATTCTTGAAAAAAGTTCATGTTTTGTTATTTCTTTCTCACATACTTTATAAAAAAAGATAATTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAATACAAGTGGAAC

>linker\_sequence\_1468

GGCAATGACTGTATATATATGTATATATATATATATATATATATATATATTTATTTATTTATTTATTTAAAATATAGCTACGTATGCGCCAGTTGTTTTTATCAGCTTTGCTTCTGGCCACATTTCAACCAGGTCTCAGAGGATATATGG

>linker\_sequence\_1469

TTCTCCATCACCCATTTTTCATTTCATTTGCCGGGCGGAAAAAAAAAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAATGAACACATGGAAATAAGTCAAGGATTAGCGGATATGTAGTTCCAGTCCGGGTTATACCATCACGTGATAATAAAT

>linker\_sequence\_1470

GTCTTTTATATATTATATTATTTGATACTTAACACAAAAATAAGTACGGATCACGTTTTTATTTTTTTATTTCATTTTTCTTGTAATGATATATTATTAATAAAAAACTAACAAAAGTTAATTATCTTAACGGGAAGTGGCGGCAACCTT

>linker\_sequence\_1471

AAAAACATTCTTTTGATCTCGAAGTAGGAAAACTGACATTAGAAAAAGAAAAAAAAAACAATCTGCGAATTATGCATTTCTTTTTTTCGCTTTTTTATTTTCTTTTTTCTTTTTTTCGACCTCCAATAGGGCTTTGGAAGCCCTATATGT

>linker\_sequence\_1472

GTGTGGGGCCCGTTCAAGAATGGGAGGTATTGGGACGGGTGGACGTTTAAGCATACATTTATGTGCACTGTAAGTAATTATATAGAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATATCTGTCAATACTTGAAAATGTTCTAGTTAGAGATTTA

>linker\_sequence\_1473

AAATGATCATGTACCTTCTTCTCGCGAAAGTTTTAATTAAAATTTACTGATAGTTTTTTAATGATGAACTTCTATAACTAAACCATAATAATGAAAATTACAGGTAATATTTATATCACAAGAAACGGCCCCTCTTTTCTGTTTTTATAT

>linker\_sequence\_1474

TATTCTTACTATCATAATTAAATATTTTTATCGTTATTAATTATTATTATTATTACTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTTATTATTTATTAATTATTAATTGTTAATATTATTAATTCTTGTCTATTGTCTTTTGA

>linker\_sequence\_1475

GATTGGGAAGTGCAGACAGCAACAGCTACACTTAAGTACTTTTAATATTGGATTGAAAATTTTCGTTCTTGCGATGAGCTGCCCTTGCAAATTTTTCACCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGGAGTGAAAAAAGAAACGAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1476

TAGCGACGAAAAATGCGAGATCTCGACCAAAAAAAGGGGGTAGGGTAATAAAATTAACCCTATTATTTTTTAACTTTAAAACCTATAATGTGCTAATATTTTATTATAAACCTCCTTTTTTTGCGTTCAAACCCTGACACATTTTAAGCC

>linker\_sequence\_1477

TACTCGAAAAGGAAGAACACTAAAAGTACTTACATTTTCACATGTATGTATACCTATATATATATATATATATACTCTTATAGATATATTTACAAATTAAAGGAAAAAATAATAAAATAACCTCCCTGTCACAAGTTAAAACACGGCCCC

>linker\_sequence\_1478

TTCTTCCGTCCCGTGCGTGAGGGGGGCGCGGCCATTCGGTTTTTGCAATATGACCTGTGGGCCAAAAATCGAAAAAAAAAAAAATAAGAGGCGGCTGCGGAATTTTATAAGACAAGCGCAGGGCCAAAGAAAAAATAATAATTGACGTGG

>linker\_sequence\_1479

GAACCGTACACGCTTTTAGCCAAAAAAAAAAGAAAGGTAGAATATAAAATAAAAACTCGTATTTCGTATTAAGACAAATATACAGAAATACAAATGAGATCATAAACGAACTAAAATAGGAAAATGAAAAAAAAAAAAAAAGATTAGCGA

>linker\_sequence\_1480

CAAAAACAAAAATTATAATAAAAATAAAAATATGTATAATATAATTTTTATCTTCTAACTTTTTATTTATTGAATTTTTATATAGTAAATATAACACGTGATATATTTGAAATGTGATTATATTATATATATTGATGTTTACATATTTTT

>linker\_sequence\_1481

AGAATCATTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGCCTCACATTATATTCTTGGCATCTGCCTAGCTTTCGACTTTTTCGTTCAATTCCTAAAGCGCTAAAAAAATAGTCTCCCCCTGAAAGTGGAGTAGGATAGTAGTATATGAAGTG

>linker\_sequence\_1482

CGGCATCTTTTCTTTTTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTCACTCTCCCTTTTAATGCCTCCACGGAGGTTCGAATGGGTTATACTAGAAAGAAAAAAAAATAGTGATAATTAACAATGAAAAAAAAAAAACAGCAACAAAATGTGGTATTGGG

>linker\_sequence\_1483

AAGAAAAACGAGAAAACGATATGATTATCCGATACCGACAAATTCTCATGTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTTTCTTGGGCCTTTACATTGAGTACAGGGGCATAAGTGCGAGGAGTTACCAGACGACAACTAGCA

>linker\_sequence\_1484

ATAATAAAAAAACTCCTTTATTAAGAGCGGAAGAATTTAATAATGAAGATGGGAATAAGCAAAACAAAAACAAAGAAGGGAAAAAAAATAAAAAATCGTATTTATTTATTTAAAAAATCATGTTGATGACGACAATGGAAAAAAAAAACC

>linker\_sequence\_1485

CTGGACTGAAAAAAAGGCAATTCGCGTACAATTTTCGTTGATCGTTCTTTATATAACCTTTGCATTAAATAAATTTAACAAAAAAAGTTCTTTCTAAAATAATATTATGGTGATACATGAATGTGCTTTAGTTTTTTCGTAGGCTCATCC

>linker\_sequence\_1486

CAAAATTTTTGAAAAACGAAATAAAGAAGAAAGATTATTATTATTAGTTACTTTTTTTATTGTACTCCAGTATGGACCTCTTAGGTGAGTGATCTTATTAAAAAAAATAAAAAAAATAAAAAAATATGAAAAAAAAAGAAAATTAAAAAC

>linker\_sequence\_1487

CACATCAAAAGGTAGTATTAATTAAAAAAAAAAAAAAGCCAATAATTTCGCGCAAGCTTTGCTCTACATAATAAAAATACAATTAGGATAGAAATGAATATTTTTTTAGCGGCAGTTTTACCATAAGTAGCAAAACCCTAACAATACAAT

>linker\_sequence\_1488

TTTTTTCTTTCTTTTGAATGTGTGTATAAAAGAGAGAAAAAATGGTTATTTTCCAATTAATTAATTATTAACGATTGTTAAAGAAAAAATTTATCAACGAGGTTGATAGAAAAAAAAAGTTTTTGTAGATATAGAAGAAAAAAAGATTTT

>linker\_sequence\_1489

CTTCAAAAAAAAAAAAAAGAAAAACAACAAAAAAACGTATAAAATGAAATAAATTTCGAACCGCTTTTTTTCCTTTTTTTTTTTTTTACTTTGTTTGACCTCCCCTAACTCTTTCTTTTTACCTTCACAATTGTTTATTTTAATATATGA

>linker\_sequence\_1490

ACAATGTGTATGATGAGGAGGAATGTACCTAAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAACAGCTTTTGCATATTCAATCCAGGCATAGGGCGACTATTTAGCACTCAACGATTTTTAAGCTTGTGTATTGCTGACATAA

>linker\_sequence\_1491

TGCTTATCCAATTTTAGTTAGGAACTTTGGCATAATTTCAGTATTACATACTACCTAATCGACATAAAATAATATTACATATTCATTTTTTTAAAAAATAATCATAATCAATTTATCCTTTTTATTCCTTTTTTCTCCTGTGCAAGGTTG

>linker\_sequence\_1492

AAAAAAAAATTGTATTTAAGGCATCAAATGCGCGACATCATATACCTTTGTCCGCTGTTATCATACCTTGAACCTCTACATTTCAGCCTAGCGCGCGCAAAAAGAAAAAAAAATCATAAGCAAGAGTGGTACGGTAACCACAAGGCAATG

>linker\_sequence\_1493

CCGTCCACGAAAAAATGTTAACATAAAATGCAAGAGAACAATTAATCGAATAATGTTAAATTATTGTAAAACAATGTGTATGATGAGGAGGAATGTACCTAAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAACAGCTTTTGC

>linker\_sequence\_1494

TCGACTCCAACAGGAATGTATATTCTACGAAAACGAGATGTATTGAATAGTGATGTTATGACCTTTTTTTTTACGCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTATCTCACTTTTCCCTTCTATTTTATGTACTAACAGATAATTTTA

>linker\_sequence\_1495

TTATAACTATATTAATAAAAAATTTTATTTTCTATTGAAAACCAATTTTTTACACCAAATATCAGACACGCTTTGTCTATTTCTATCATATAGCGACTGTGATATAATGCGCGCGTGTTTTGAACGGCATTTTTTTAGCCTGCGAATATG

>linker\_sequence\_1496

TGCCAAACCCATTCTGCTTCTTTGTTTAATGGTGTAAGCTGCCTATATGTTACTATTGAGTACTCATCTCATCGCTTCTTTCAGAACAAAATTTTTCATATTTTTTTTTTTTCCTTTTCTTTTTTTTTTTTTCTTTGACTGTTACCCGGT

>linker\_sequence\_1497

CTTTATTTTAAACATTATACAAGTTTTTCATTTTGAGGGGTCTTTAACTGGAAAAAAAAAGCTTTCACGACTCAAAGAAAAAAAAAAAAATTTTTTTAGGGTAAAAAAAAACTAAGGGCTAATATGAAAAATACAAAGGTTATGTTACTT

>linker\_sequence\_1498

TCCAAAAATGTTTCTGACGGCATCGAAGAGCCGAACTCTTATACAATACATGTCATTTTTAACAATGATGCAAATAACTTTTAAGGCCTTAACACTCTACATAATATGCTAAAAACATTAAAAAAAAAAAAAGGAAAATAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1499

AGATAATTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAATACAAGTGGAACATTATCAAATAAAAAGCATTATAGCGCCACATGCGATGAACCTGAGCTTTTATCTTCATTAATATATAGTAATTACAACATGTTATTTGAAATGCACAGCACTTATCCAG

>linker\_sequence\_1500

ATTTAAATTTCAATTAAAACAGTAGTAGTATGTGGGGAAGATATGGGATAAAAAAAAGTAAGGGAAAATAAGGAATTATTATAATTATAATGCGGAAAAAATGAATAAATTATTAGTTGCTGCAACAGCAATACTATTTTCTCTTGGATG

>linker\_sequence\_1501

CGCTAATTGAAGTTTTTTTTGATCACTCCAATAGGCAAATCTATAGATATATAAAAAATATAGACAAGACTTTTTTTTACATTGCCAGTTTTCTTTTTTCCTTTTTAGTATCTATTCAAATGGGCGACCCTATTGTCTAATTTCATTAGC

>linker\_sequence\_1502

ATGACGTTTTCAACGTAACGCAGATTTCTATTGTATCACGGTCTTTTATATATTATATTATTTGATACTTAACACAAAAATAAGTACGGATCACGTTTTTATTTTTTTATTTCATTTTTCTTGTAATGATATATTATTAATAAAAAACTA

>linker\_sequence\_1503

ACTTTTTTTTCCCTTTTTCTGTCACAGGTTTCCCAATTTTTTTGACGACTAAATAATAACATAACCACTACGTTCACTTCCCCGTATATATACATATATACTTAATATTATAAACGCATATACTTTTATAAACTTGGAATAAGTATTATA

>linker\_sequence\_1504

ACTTTGCTGCTTAGGCTTTTAATGAGGTATGCTTTTAAAGATTTATATATTTTTTATACACGCTATATACACAATTTTCGCTGATGATTTTGTTTTATTATTGATTTTTAAATTAACCGTAGAAAATACTAAGTGGAAAGATCCGATAGT

>linker\_sequence\_1505

GTTTATAGTCATCTGTGAAATTTCTCAAAAACCTCATGGTTTCTCCATCACCCATTTTTCATTTCATTTGCCGGGCGGAAAAAAAAAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAATGAACACATGGAAATAAGTCAAGGATTAGCGGATAT

>linker\_sequence\_1506

TAATTGTTGTGATATTTGCATCTTCATCTTATGATGATGAGAATATAAATAATTTTTAATCGTATTAAGTGTATATATGAATAAGCTATTAACCCTACCCATTAATTTCCGGGCGGGTTGTTATTTTTATCAGTATTGGCCTCTGCCGGG

>linker\_sequence\_1507

AAAGAGTATGTAGAAATGTCCGACGTTTTTTTGAGAAGTTCCTAATATAAAATATTAAAAATTAATTTTTCAGAATATATGTGGAAATTTGTTATTTTTGTATCGTATATATGAATGACTAGAACATCATTATTTTTACCGGAAACTTGC

>linker\_sequence\_1508

GTCATACGCGCTACCGATTGCGCCAACAAGGCTATTTCGTTGAAAAATTCAGGCTTCAAAATTATTATATGTATCAAAAATATTTTTTTGAGAAATTTCAAATCATTATCTACGCTAGCCTTACTATTTTTTCACCCAGAAGATAGTAAC

>linker\_sequence\_1509

TTGAGGGTTTTGTTTTTTTTTTTTAATGCAGATGTACGTACATATTTTCTTTATCAAAAGGATGTGTAGAGAACTATGTATATATGTATATGTGTAGGTTTTTTTTTTTTAGGATGACTAGAAAAGGAAATCGAAAAAGAAAAAATAAGC

>linker\_sequence\_1510

TAATGAAGATGGGAATAAGCAAAACAAAAACAAAGAAGGGAAAAAAAATAAAAAATCGTATTTATTTATTTAAAAAATCATGTTGATGACGACAATGGAAAAAAAAAACCGATTTCACTTTCTCATCCTTATATTTTTCAAAGGTTGATG

>linker\_sequence\_1511

CTTTTAAACTTTTTTCCATTCTGATGGAATAATGGTCTTGATCCCCTAAATATTTCCTTTTTTATTGCAATTATGATAGAAATTAATAGTAGTCTATGCTGGATGATATATATATCTCTTTTGAGCTTGCTTCAAATTTTTTCCCGTTAT

>linker\_sequence\_1512

ATTAAGTGAGAATAAACTTTTCGAAAAATTTTTATTTATGATAATTTTACTAATTCTTACTTATTTCTTTTATATTCGATAAAAAAAATTCAAAATAAAAAAAGATTAATCCTTTGATAGGAACTAAAGGTACTAGGTATTTTGGGCGGC

>linker\_sequence\_1513

TAATGAATCGCAATATACGAAAAGCTAAACGGGTTTTTCAGAATCCTCTTACCCAGCCTTGGATAATAGTTTTGGCCGAAAAAAAAAAAAAGAAAGAAAAAAATTGAAATTTCGCGATCCGAACAAACAATGAACAGAAAAACAGAATAT

>linker\_sequence\_1514

ATTTTGTTATCTAATTTTTTCCTTCCCACGTCCGCGGGAATCTGTGTATATTACTGCATCTAGATATATGTTATCTTATCTTGGCGCGTACATTTAATTTTCAACGTATTCTATAAGAAATTGCGGGAGTTTTTTTCATGTAGATGATAC

>linker\_sequence\_1515

GGGCAGCCAGAAAAGGCATACTTGAGGGGTGAGTTTGCCCAGGATTTAATGAAGTGTACATATAAGATATAAGTTTTTTTATTTTTATTTCTAAAAAAAAGAAAAATAGTAAAACATGGACTGAAGCTAACGCTTTTGGAGTAATTAGTA

>linker\_sequence\_1516

CGGCGGGAAAAATTATTAAAAAAAGCACTTCCTGAACGCGACGCTGAATAACTTATAATACGTTACATAATTGTATACCGTCTAGTAAACTTACATACGCTTGTCTATCTTGTATGCTGATGCATTTTATCAAATAGCGTTATTTCCCGC

>linker\_sequence\_1517

TCTTTTTTCCTCTTTATCGCTTTCGTACTATGGTCAGTCATTCATTCATTATATACGCGCTCTCCATAACCCGTAACTTTTTATTATATATAGACTCGTTTACAATACAACGATAGCGATACCATTCAATTGAAGTTGTGAGACCAGGTA

>linker\_sequence\_1518

TTTTTCCAATACTTGATTAACCTCTTTTTCGTTTCTTGTCTTTATTTTAGATTTGTTTTAATATCGCCTAATTTTTCCTTCTTTACTTTATATTTTTTTTATTTTTCGCCTAAAGATTTGTATCAATTAATTAGCCAACAAAAACAAAAA

>linker\_sequence\_1519

GTAGTAACAATGCAAAAAATGAAGAAAATTGAGAAAAAACAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAGCTATGTAGGTTGATTGTGTTGTTCTATGTAGTGCCCTTTATTTTTCTTTGGATTTAAATTTACAGACACATTATA

>linker\_sequence\_1520

TTACTCTGGAAAGAAAACACAACCTTTTCAGTTGCGGTGCAAAAACATTCTTTTGATCTCGAAGTAGGAAAACTGACATTAGAAAAAGAAAAAAAAAACAATCTGCGAATTATGCATTTCTTTTTTTCGCTTTTTTATTTTCTTTTTTCT

>linker\_sequence\_1521

TTACGCCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTTATCTCACTTTTCCCTTCTATTTTATGTACTAACAGATAATTTTATAATGATTTCATGTATTTTTGGTTCAGAATTTTGACAAGGCAACTCTTGAATAATTGTCGTATGCAAAAA

>linker\_sequence\_1522

TTCTTTTTGTTTGTAATTGTTTTTTATTTTTTTTTTTGCGCGAAACTTTGCTATATTGGGTAACGCGTAAAATACTTTTTATTATTGCAGTAAGGCGGAAGGGTCTTCCCCTTTGCATGTTAAATAGCATACATGGCACCACTCAGGTCC

>linker\_sequence\_1523

ATGCTTTTGTTGTTTGCTTGATATTTTTTGTTTTTAATGAACTGTAAGCACACAGAGCTATGGGATGTGTGGCAATGACTGTATATATATGTATATATATATATATATATATATATATATTTATTTATTTATTTATTTAAAATATAGCTA

>linker\_sequence\_1524

GGTACCTGCAATCTTTATTTATTTTATTTGAAGTAATAGGAATTATTTATATTATTGTGATAAGAAGTAGTATTCTATTATTATAACTATATTAATAAAAAATTTTATTTTCTATTGAAAACCAATTTTTTACACCAAATATCAGACACG

>linker\_sequence\_1525

AAAATATGAAAAAAAAAGAAAATTAAAAACTAAACAAATTTTATGACAGGAATAAAAACTATAAAAAATGAAAAGCAAAAAAAAAAAGGCTACTGGATTTTTAACATCTTGTCCTTTTCTTTCCCTTTATCATTTTTTCTCATTTACTTT

>linker\_sequence\_1526

GTACCGTTACCGTCAGTTTTCTTCAGCTAAGGCGCGCGCGCCAGATAACTAAAAAAAAATATAGTTGCTGCTTAAAAAACAATACACCCGTACTCTCTTGCCTGTAAAAACCTCGAAGGACCAAAGATACCCTCAAGGTTCTCATCTGTG

>linker\_sequence\_1527

ACTTATTTATTTACCAATCAAATGATTTTTTTAACTTTTCACGATCTATATAATTACGTTAATTTCGAGTATATAACAATGAAAATATATATCTACGTTGTTTTAAATTGAAAAAAGAAGAACGGAAGTTCTATTAATGAGCCGAGACCG

>linker\_sequence\_1528

ACTTTCCCCAAAGAATAATAATACGAGTACAATACATATATATATATATATATAATATACACATGTAAGTGATGACTATTCTTAATACAAAAAAATTTCCCTTTTATAATAACTATTCTTAGCATTAAATAACCCGTTACTGACAAAAAG

>linker\_sequence\_1529

TTTTAATATTTTTTTTTTGTTTTTGGTTGTCATTACTGTCATTACTATCATTATTATTACATTTATCTTCTAATGTATTGGAAGTAATAGTATTATCATTTATATTTAAATTTTTCATGGCTTTCTCTAGTGAGTTTTGATCAAGAGTGT

>linker\_sequence\_1530

AATTCAACCGAATAAGGAAAACTAAGCCACTTCACGCGGTTCGCGATATTTGTCCAGCCTCTTTTTCCGAAAAAAAAAAAATTAAATAATAAAATGAAACGGACAGGAATTGAACCTGCAACCCTTCGATTGCAATCTTATTCCGTGGAA

>linker\_sequence\_1531

CATTTACTTTGTTATTAATTTTTTTTTTCAAGTTCTCCACATATACATATGTAAGAATTGAGTCTATCTCTTTCTAATATTTAAGAAATACATAAAAAAACCAATTTTTTTTTTTTATTACTAGCAAATTTATTTTTGTGAAGTGAAATT

>linker\_sequence\_1532

AAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAACAGCTTTTGCATATTCAATCCAGGCATAGGGCGACTATTTAGCACTCAACGATTTTTAAGCTTGTGTATTGCTGACATAAATTCCGGCTTTAGAATCCAATATTGAAAAA

>linker\_sequence\_1533

GCGATGAGATGAGTTTAAAATTTTCATTTTTTAGCCGATCAAGCAAAAGAAAAGAAAAAAAAAAAAAACTGAAATTTCCACCTTACCCGTTTTTTTAATGGAACAGTGATTGTTACGACATTGAGATTTTAGATTTATATAATCACATAC

>linker\_sequence\_1534

TTTTTTTTTTGCCATTCTTATACATTTTCTTTCCTTCTGAAATTAACTGTACACCCATACCCTATATACACCCATACCCTATTTTTAAATATAAAAAGTAAACTTCATTTTGAAAGACCACTCTGCATCAGCACGCGGGCTCTGGAAGGA

>linker\_sequence\_1535

CAAAACCCTAACAATACAATGTGAGACTAAAGTAAATCCGGGTAATACAAAATACAATTTTTTTTTATTCTTCACAGCGTTTTTTCGACGGAGGAGGGAAAAAAAAAAATTGTATTTAAGGCATCAAATGCGCGACATCATATACCTTTG

>linker\_sequence\_1536

ATAAAAAAAAAGTAGCATTAAATGTTATGGATGATTGGGATATATATGCAAATAACCCAATCTTACATATGTTTCTTTCAAATATATGAGTATATATAACGATTAATTGTTTTTTTTTATTGGGTTTGTTGATTTTTCCAACGCACCATA

>linker\_sequence\_1537

TGGCAAATATTGTCATAATAAATATAAAAAAAAACTGTAGTTTCTTTTTAAATTTTTCTACTTAAGTTTAGTTATACTGTACCTAGGTATATATAAATATATATAAATAAAAGTGGCCAAGAATAAAAGAACGCACCCCGTCGTTGACTT

>linker\_sequence\_1538

TCTATCTATATATATATGTATGTTCTTTATTGTTTGTCTTTACCTTTATATATAAACATATATAGCCATATAAGAATATAATATTACCACTCCACTGTATTTTGTATCCTGCCTATTTTTGCTAGATTACAGGACGCGCGAGCCTTTCAG

>linker\_sequence\_1539

CCCGTTATTATGATCGCTCGTGACGGATCGTCTTTGCCCTTTTTGGTAAAACGTAAACAAAATAACAATAGAAAAAATAACAACTTTATCAATGTTTATTTTTATTTATTAAGTATTTGATGTGAAGTAGTTTTTCTAAATGCTACTTCA

>linker\_sequence\_1540

ACAAAATATATAGGTACCAAACCTCATTATAATTTCTGCCATTTAATAGTTTAAGATGCTATTCCGTTTCGTATTTTTTCAATTTTTATACCTACTATTGCGCGAAATCAAAATAGCATACTAAGAAAAAGCAATATCATGAATTGCTGA

>linker\_sequence\_1541

TCGTTCTAACGTTGGTAAAATGAAAAATATGAAAAACAGTTATCATGGCTACTATAATAACAATAATAATAATAATAATAATAACAATAATAATAATAACAGTAATGCTACCAACAGCAACAGCGCGGAAAAACAACGTAAAATTGAGGA

>linker\_sequence\_1542

ATGTCTATTTCAATGCAATTACGTGAAAAATAAAAGAACGCTACCATAAAAATGTTAAAAACTGGTTAAAAATGTCAAAAAATGGTCCGAAAACTGAAAAAATATTCGTGATACAGTTTGCATAAAAAAAAACTATTGTGCGCGATTAAT

>linker\_sequence\_1543

CGCGGTTGCGCGATATTTCCCTTGCTTAATGCCGAAGTAATTCTCTTCGTTTACCCATACTCGAATCTATTGTGTTGTTGAAAAATAAAAAAAAAAAGAACCAGGTTATATAATTGTGAGTTGATCAGTATATAAATGAGAGAAAAGAAG

>linker\_sequence\_1544

GATAAGCGCGGGCTTTTTCGCCCTATACGGCTTGGGCCTGACTAAAATGTGATTCTGTGTTTTACGTATATGCGCGTATATAGAGCAATTGATTGACTTATTACGCAGTTTATCAAGATAAATTCTTTGTTCTTGCTTACGGGAGTGTGG

>linker\_sequence\_1545

AAAATGAAAAAAAAAAAAAAAGATTAGCGAAGGCAAACCAGAAAGCAGTCCTTTGATATAACAGAGAAAAAGAAGATTATCAAAGCCTTAATTTAAAGTTAAAAATATTGGGTATCGTTTTTTAAATCAAGATTTTTTTTGTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_1546

ACAACCACTAAACAATCTCGTTCAAAAGCTCTAATTACTTGTATATTATTTTATACGTTTATGTCTATTTCAATGCAATTACGTGAAAAATAAAAGAACGCTACCATAAAAATGTTAAAAACTGGTTAAAAATGTCAAAAAATGGTCCGA

>linker\_sequence\_1547

CTACCATAAAAATGTTAAAAACTGGTTAAAAATGTCAAAAAATGGTCCGAAAACTGAAAAAATATTCGTGATACAGTTTGCATAAAAAAAAACTATTGTGCGCGATTAATATAACCTACTAGACTTAAATGACGACACTTTAATATGAAG

>linker\_sequence\_1548

TGAAGAAAAAAAAAAAAAATGGATGAGCCTTCCAGTTCATTGAAATTCTTCAGTTCTTATTTTTTTTTCAAAAAGAAAAGTTTCAGTACCCTGTTCCAAAAAAAATGAAAAAAATGAAAATCCAGTATCCTTCCCATAAAAATTAAAAGT

>linker\_sequence\_1549

TGAAGCCATTCCTGGGTTATCTGCGGGAGTGAACAATGATAATACAAAGGAGAGTAAAGATGTGAAAATGAATTAAAAGGAAAAGTATTATGCATATATATATATATATATATATATATATATTTATATATTTATACACATAGAATTATT

>linker\_sequence\_1550

AATAAAAAAATATGGGAGTATAATGATAGAGAAGTGGATGGTAGATTATACCTCGCGAATGAATTATACAGAAAATAATACTAAATTGAAATATTTAAAAATGATTTAAAAGAAAAATATTCATTGTACATAATAAGTTCGAGCATAAAT

>linker\_sequence\_1551

GAAACTAACTAAAAATATACGCCATTTTTTTGGGGAGGGGGGGCCGCACTGAAACGCGAAATGCCAAAAAAACGCGAAACGCCGCAGTAAAAGGTCAGTACCGCGCAAAAAATACAAAAATGACAACAATATTGGCCTTTCTTTTCCTAA

>linker\_sequence\_1552

TTTTTTCGGAATTACCTAAAATGGGTTTACGGCATAGAAGATAGATAGATTAAGAGGTAGGTTGACTTTTCCTTTGAAATTTGTAATTTTAATAAAAATTCCAAAAAAAAAAAAAAAAAATTCAAAGTAAAAAGACAAACTTTGGTGAGA

>linker\_sequence\_1553

TACTAGGTATTTTGGGCGGCGAAGCATCATTCCGTTCTTAAACATCTATATATATATAATTATATTGCAAATGTATAAGCATTTAAAAACATAAACATGCACCTATGAAGAAGAATTTAAGACGTTTTATTTTTATGTTCCACGCGTTTT

>linker\_sequence\_1554

CTATTGCATCCAACCAGGTACCAGTTAAGAGTACATTGTATATGAAAATATATATATGAGTAATATATATATATATAGTTTTATTAATAACTATTAGCACATCATAATCGTATCTGGAGACACATACATAGTGGGCCAAACGGAAACCCC

>linker\_sequence\_1555

CCTTCGTTTTTTTGTCTTCGCGCGTTACAGGGTAAATGAACCTCTTTATGGGTGAATGGGTTACACAAATGCACGGATGCATATATAAAATATAGAATTTTGCTTTATATTATTTTGAGCGGGCTAGAATCCACTCAGTGTACAAAGTAC

>linker\_sequence\_1556

CCGCTTTTTTTCCTTTTTTTTTTTTTTACTTTGTTTGACCTCCCCTAACTCTTTCTTTTTACCTTCACAATTGTTTATTTTAATATATGATTTTTAAATTAATTCAGGTTAATTCTAAAAACTATATTGCAATCTTTTAAATATATGTAT

>linker\_sequence\_1557

AAAAAAATTGAAAAATTTGAAAAAAAAAAATCTAGAAACATATTTTCCTAAAATGAAAATCGGAAGCTAACAAAATTTTTGAAAAACGAAATAAAGAAGAAAGATTATTATTATTAGTTACTTTTTTTATTGTACTCCAGTATGGACCTC

>linker\_sequence\_1558

TTTTTTTTTTTTCGTTATATAGGTTCTGCGCATGTGAAAAAAAAGAGAAGAAAATAAAGCCAATTATAAGTCATTACTGACGAAATTATAAGATAAATTAGAGGTACAATATACAAACTAGTGAATAACAGAACTATATAGGACTTAGAT

>linker\_sequence\_1559

CACGGGTAAAAATTTTGCATCGTGATGATACCAAGAAGTAGTAAAAGCTCATGGCTTCTTATATATTATATATGGAATACATTTATAATAAAATAATAAGAATTATATATTTTATGATTATATTATTACATAAAGTATTCCCCATTATAA

>linker\_sequence\_1560

TTTTTTTTCAAAAAGAAAAGTTTCAGTACCCTGTTCCAAAAAAAATGAAAAAAATGAAAATCCAGTATCCTTCCCATAAAAATTAAAAGTTCCATTATTTATGGGTAAGTAAGTACCACTGATTATATACCATATTTATAAAGTGCATGA

>linker\_sequence\_1561

TTTGACGACTAAATAATAACATAACCACTACGTTCACTTCCCCGTATATATACATATATACTTAATATTATAAACGCATATACTTTTATAAACTTGGAATAAGTATTATATATTTATTTTGACCATCCGGAAATGCTTTATTTTACACTT

>linker\_sequence\_1562

AGGATCGAAAAATATCAAAAACATAAATCAGAAAAGGGGATCAAGGGGTTTTTTCATAGAATTTTCGATTAAGTGGCATAGCAACATTTAGTTCGCAATGCGTTTACTTCAGAATCATTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGCCTC

>linker\_sequence\_1563

TGGACTCTTTTTTATTACCGTTTTTACCATTGGGATTGTTCTTGATGCGATCAAAAATATGATTTTTTTTATCATACCTGATACTTCGCGAAAACCTTAGAATAGCAAATAAGGCCATCGCAACATTAATAGACAAAAATTAGAGTCACT

>linker\_sequence\_1564

CTCCCGGTAGCGGGCCGTCGTTTAGTCATTCTATCCCTCGGATTATAGACTGTGAATATTGCATATGCAACTTTGACTCAAATTTTTCCAAAATTTGATATATATATATATATATATATGTTTGTATGTATATATATATATACGTATATA

>linker\_sequence\_1565

TTAGAATGGCTAGTAAGAGAGGTGAAATCTACGAAACTGGTAAGTTCTTTTAAGTATCACATTACAATAACAAAACTGCAACTACCATAAAAAAAAATTGAAAAATCATAAATTAAAAAAAAAAAAATCAATTGAATTTTTTTTTTTCAT

>linker\_sequence\_1566

TACTATTGAGTACTCATCTCATCGCTTCTTTCAGAACAAAATTTTTCATATTTTTTTTTTTTCCTTTTCTTTTTTTTTTTTTCTTTGACTGTTACCCGGTTGTTTATATTTGTAGGAAAACAACAACGACAGAGAAAATATCCTTGCAGT

>linker\_sequence\_1567

ACCCAGTTCTTTGGAAATAACAGGAAAGTGCAGAAAGTTCATTAGAAATCAACGATGATCTGATATACATATATATATATATATATATATATATATATAAAGGTTATTAATAGCCTTCGAACAACTCATCTATCTGTGCGATGACGTTAA

>linker\_sequence\_1568

CTAATCTATCATTTTATTATTTTCTCTCATGAGAAAACAGAATTTCGAAACAGATATAATAAAAAAATTGAAAAATTTGAAAAAAAAAAATCTAGAAACATATTTTCCTAAAATGAAAATCGGAAGCTAACAAAATTTTTGAAAAACGAA

>linker\_sequence\_1569

AATTGAAATATGATAAAAACCCAAACATATTAAAAAACCCAGACATAAAGAAAAAAACTTTGAAAAAAAAAGTATTATGCCGCTGAGCGCGCCACGTTAAAAGCTCGAATTCTTCGCATTGGTAGTAGCGCAAAGTCCAATGAGCGCACC

>linker\_sequence\_1570

TTTGACATATATATAGCTCGCAGTAGAAGAATGCAGCGTAACATAATATAATATAATATAGTACGGCGCCGCCCTCCATTAGAACGCGCAACACAATAAAGACAAATAAAAGAATCAGCTATAAAGCTGGCCATTGCATGGTTCGCGCTG

>linker\_sequence\_1571

TTTATAATGTATAATATACCCGAATCTTATTTATTTACCTTTCCTATTTTTTGACGACCAGTAAATACTAATACATAATTAGGAACAAAAGTTAAATAAAAAAAAAAATAATAATTTAACGCATCCAATTAACGTGTCCTTTTTTCATCA

>linker\_sequence\_1572

TGTTCTATTTCTTGAGGTGATTTCAAATTGTGGCTCCAACAAGTAATCTCGGCAAGCTATCCCTTTTTAAATAATATTTTGCATTCTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCATCTCACAGCCCTTCTTTATTTTTTCAATAAGGTAA

>linker\_sequence\_1573

ACATATAAGTAAATAATGCTAAATAAAAAAGCAAAAAAATAAAATTTATATCACACTTGTAAAACCTTTAAATGATCTTCTTTTTTACCTGTTTTATTCACTTGTTTTTTTTTTTCTGAGTTGTTGCGCCTTGGAAGAATGGAAAAGCAA

>linker\_sequence\_1574

TTTTTTTCATTTTAGTATTTTATTCTTCGTTATTTATGTATAGAAATTTTCATTTTCATTTAGATTCAGATTTGGTTATCTTTTTTCATTATATATCTTTTGCACTAAGTTTCAACTTAAGTTCTATTTTTTATTTTTTTTTTCTGGGCC

>linker\_sequence\_1575

GTTTTTTTAGTGGTAGAACGTTCTATCTGTTAAGCGTGTTATGGTTATCTGCGATGAGATGAGTTTAAAATTTTCATTTTTTAGCCGATCAAGCAAAAGAAAAGAAAAAAAAAAAAAACTGAAATTTCCACCTTACCCGTTTTTTTAATG

>linker\_sequence\_1576

TGTGGCTCAAAAAGATCTGTTTTTGTATTAGCAATTTTTTATTTCCCTTTTTAAATGAATTTTTTTTCTTTCTGTTTCGAGACAAGGCCTTTTGCAAAAAAAAAAAAAGTAAAAAAGTGAAATTTGATAGTGTAAGGGGACAGAGGTGGG

>linker\_sequence\_1577

AACGAGCTAAGAAATAGTACACAGGGCAAGGTCATTAAATAGCGTATATAATCATTTAATATAGTATGTTCTCGAAGCTGATCGCGTAAGGCGCAGAGCGAACTAAAAAAAATACCGGCACCCATGCACCTCACACCGCCGCACGCGAGT

>linker\_sequence\_1578

GGATGCGCTTCACAAGAATAGAAGCAAAAAGTCCGGTTAAAATTGAAATATGATAAAAACCCAAACATATTAAAAAACCCAGACATAAAGAAAAAAACTTTGAAAAAAAAAGTATTATGCCGCTGAGCGCGCCACGTTAAAAGCTCGAAT

>linker\_sequence\_1579

AGAAAAAGAAAAAAAAAACAATCTGCGAATTATGCATTTCTTTTTTTCGCTTTTTTATTTTCTTTTTTCTTTTTTTCGACCTCCAATAGGGCTTTGGAAGCCCTATATGTAATCTAGGGTAATGACATATGTCACGTGCTTTAGGGCTTG

>linker\_sequence\_1580

CTAAACTCGAAAAAAAAAAATTGAAAAATTGGAAAAAAGCGAGAGGTACTGAAAATTGTGAAGAGATTCCCGGGTAAATATAAACATAATTAATACAATAATAGCAATATATGTGACGAACTGTGTTCTACTTTTTAGTATTTACAGGTA

>linker\_sequence\_1581

ATAGTTTCACCTTAAAACACATCTCCTTTTAAAACTTATTGTAATTATTCATTAGAATTTTTATATTTAATTAATCTATCCTTTTTACTAATGAAAAATTCTTTAAATAAAAAAATCTATACATCCACTAGAAAGTATATATAAATTTGG

>linker\_sequence\_1582

TCGCGATGGTTAATGCTTTGTATTCGCGCTATCTCGATTTCTACCTATATAGTTAATCTCTGTACAAAAACAATCTTTCCAACTATCCATTAATCATAGTATATTATCAGCGTCGGCGATTTTACCACGCTTGACAAAAGCCGCGGGCGG

>linker\_sequence\_1583

AGGGTAGTAGTAAGAGCTTACGGAACAGCCCGAAAGGCTGTAAAAGTTTAATATACTTACTGTTCTTGAAATTCTGTCTATATACTTGACTATTTAAAGTTACTATCTTTGGATTTGAACCTTATAAAAAAAAAAAAAAAAGGTACATGC

>linker\_sequence\_1584

TTTTTGATACAGGGCGCTATGATTTTAGTACAAGCAGCTTTAGGTTACGTGTACCTATTTCTAGTTGAATTTTCTCTCTATGAAATAGTCCTATAAATTTATATAAATCTATTTTTTTTTTTTTTTCGACACAAAATGTCTATTTCTTGG

>linker\_sequence\_1585

TCCCCATCTATCCTTCGCCTCTCCTTCGCTCTGTAATTTTTTTTACTCGCGCGCTTCCGACTTTTGAAAGAAGGAGCAATAAAGTTAAATAAATGTAATTAAATTATGCTTTTTTAGGCAAGTTCGGGACTTTGTTGCCACGTATTGCTC

>linker\_sequence\_1586

TGTGCATACTGATATATGTTCTATTTTACCCATTTGAGGGGCCTAAATTGTCTATTAATTTTTTTACTTTAATACAGTTTGTATAGAAACATGTGGCACTAACAGCTTTATCCGCCCGCAGAAAAGATAAAAAAAAAGGGTTTTTACCCG

>linker\_sequence\_1587

ATACCAAATATTTTCAAATCCTACTCAATAAAAAATTAATGAATAAATTAGTGTGTGTGCATTATATATATTAAAAATTAAGAATTAGACTAAATAAAGTGTTTCTAAAAAAATATTAAAGTTGAAATGTGCGTGTTGTGAATTGTGCTC

>linker\_sequence\_1588

GCCATTCGGTTTTTGCAATATGACCTGTGGGCCAAAAATCGAAAAAAAAAAAAATAAGAGGCGGCTGCGGAATTTTATAAGACAAGCGCAGGGCCAAAGAAAAAATAATAATTGACGTGGCTGAACAACAGTCTCTCCCCACCCCTTTCC

>linker\_sequence\_1589

GACCTGGTATTATCCGGTTTTTTTTCTTGTTGACCAATAGGAAAAAAAAAAATTAAAATAAAGTCACAGAAATTCAATGAATATTATAAATTTTTCTTGTTTGTTTCCCTAGTTGTTATTTTTATAAAAAAAATTCTTGTAGACAATAAA

>linker\_sequence\_1590

AGTGCATAATAAAAGTAAAAAAAAAAAAATCAAACTTTATTGGGATAAAATAAAAATCAGAAAAACCCTTATATATGTATATGTAGTTAAATGAAGCCAGTTTTTTTCGTCTGGTTTGTTTCAGCCTATATGCCCTCTTTGCTTTCTTGC

>linker\_sequence\_1591

ACAGCAAACAGTACCTCACGTCTTTTTTTTGAATAGTTTTTTTTTTTGTTGAAACAGAAAAAAAACTTTCTTCCGTATATTACATTGTACATTATTTTTATTGTATTTTAGTTTCCAACGTTAGGATTTGAGCCGTCATTAATATTATTC

>linker\_sequence\_1592

TCGCTCGGCGCCATACCGAAAATCCTCAGGAAAGTGTTAGTGTTATATATTATATTATATTATATCATATTATATTAAGTTTATTGTATACATAATGGTCATACATCAATAGTGTACATCCTCTCTTCGCTTGTCTCGCAAAAAATGTTC

>linker\_sequence\_1593

CTTTTATTAAGGATGCGCGCAATAGAAGACACAGGCAATAATAGAATTTATTAGGGTATTATTGTAAGGATAGGCATTACAAAGATAAAATAAGTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAATAAAAATAAATATGGA

>linker\_sequence\_1594

GCATTCGGGTTAGCCCCGTTATAGGGAAAATGAAAAAAAAAAAAATAATAAAAAAAAAAAAGACTAAAAAAATAGAAGAGCACGGCAACTTAAAAAGAAAAAAAAAATTTATGATAACTACAAAATAGTAAAGAACCCTGGCAAAAGAAA

>linker\_sequence\_1595

CGCGCAGGCACGCCGCGCATCTCTTTTTCTCGAAGAAAGCGGAAAAATAAAAACGAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAGTATAAATAGTGAAGACTTTTTCCATTTGATATTTGGTAAAAATTTCGGCTGGAAGTTTTTTGCTGAACATTTA

>linker\_sequence\_1596

TACATATTCTTTGACGTAATAATATCGGAATAATGCATGCGCATTCGGGTTAGCCCCGTTATAGGGAAAATGAAAAAAAAAAAAATAATAAAAAAAAAAAAGACTAAAAAAATAGAAGAGCACGGCAACTTAAAAAGAAAAAAAAAATTT

>linker\_sequence\_1597

ACAGGCAATAATAGAATTTATTAGGGTATTATTGTAAGGATAGGCATTACAAAGATAAAATAAGTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAATAAAAATAAATATGGATGGAAATCATAGGTTTACTCCAGATTCCAA

>linker\_sequence\_1598

GTCTTTTCGCGAATTCGCGTCGCGATTCGTGGATTGTGATGATAATAGCGATGTCTACTACCCGGGTACGTATTTAATTATCATTTATACATTATATGTTATAGGTTAGCGTATCGTTTTAAGGCTTGTGTCTTTTGGAAGCATGGCCTA

>linker\_sequence\_1599

TGCAGCATGAATAAGATATAGGTGAGAGCTAGCGATTTGACATTTAGTACATAGATATTTATATATATATATAAGGGAGTTTTTTTTTATTTTTTTTTTCAAAATACGAAAATAGCAGTTCACGAGGCACTCACTTACTGGTTTTTAAAA

>linker\_sequence\_1600

CAGAACTTGCGACCAGCTGTTAAATTCACAATCAGACCAATTTTTTACTCGACTTTTATTATATAATAGATTATATATATATATATATATATATCTCTTTTGCAGCTAAATGAAAGAAAAAAAAAGAAATGGCACATATCAAAAATAATC

>linker\_sequence\_1601

TGAAAAAAAAAAAAATAATAAAAAAAAAAAAGACTAAAAAAATAGAAGAGCACGGCAACTTAAAAAGAAAAAAAAAATTTATGATAACTACAAAATAGTAAAGAACCCTGGCAAAAGAAATAAATCCGGTAAGGGAAGATAGACCGGCTT

>linker\_sequence\_1602

ATTGTAAGGATAGGCATTACAAAGATAAAATAAGTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAATAAAAATAAATATGGATGGAAATCATAGGTTTACTCCAGATTCCAAAGAATTTAATACTGTTGTAAAAAGTAAAGA

>linker\_sequence\_1603

AGGGTTTTTTCAGTTGGTCAACACTCTTTAGAGGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCTTCATGTAATTTACCATGATTCTACGTTTTTGCAAGCAAAAATGAAGATAATCCGAGCGCATGCGAAGTAGTCCCTGCCAT

>linker\_sequence\_1604

AAAAAAAAAGAAAAATTGTATGTATAATGCTTGTCACTTTTTTTATAATTGATATATGTATATGTATATGTATACATACATATATATAGTTGATTTAGAATTTATTTATATTAAACAAAAGACGAAGAGAGGGCAGATAACAATATTTAA

>linker\_sequence\_1605

TGTGTATACCATGTACAATTGCTAAATGCTCATTGATTAATTTTAAATTTTTCATTTTTATCGCCTTAGACGAAATTGAAATTTTTCACTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTAGACGAAGAAGCTCATCTCATCGCGATATTAGTTCGA

>linker\_sequence\_1606

TTTTTTGTCTATTCGTTGTTTTCCTTCTCTATGGAAATCGTCGAAAAATTTCTTTGTTTTTTTTTTCCTTTATTGTTGTTGTCTTTTCGCGAATTCGCGTCGCGATTCGTGGATTGTGATGATAATAGCGATGTCTACTACCCGGGTACG

>linker\_sequence\_1607

TACTTTTTTTTTATCATCACTAGCTTCGGCTAAGCCCTTGCATTTTCAATATTCAATTACCAAATAATATATATATATATATATATATATGTATGTATGGTATACCTTGTGTTACTGATGTGTTTTTTGTTGACGTCATCCTTTTGATTT

>linker\_sequence\_1608

AGTGCTTCTTTTATTCAAAATTATTGGTTTTCGTAACCGCCGCGCAGGCACGCCGCGCATCTCTTTTTCTCGAAGAAAGCGGAAAAATAAAAACGAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAGTATAAATAGTGAAGACTTTTTCCATTTGATATT

>linker\_sequence\_1609

TGATGGCGGGTATGAAGCAGGTTTTTTTTTTTTGGCTTTTTCTTCTAAGAAAAAATTTATAGAGAAAAGATGTCTTTAATTATAACCTATTCTTTTTTTTTTTGCCAGCTAATACCAGTAAGTTTTGTTTTTTTGCGACACTAGATTGGA

>linker\_sequence\_1610

TTTTACCACTACAGTAAATACTTCTGATAAGAACGGCATGAATAATCAAGTAGGTTTTATAATACTGGTATACATTAATATAATCAACTATTTATACTATCAAAAAAAAAAGCTTTTTTTTTTTTGTTTTTTTAAGTTTTATGGAATTTC

>linker\_sequence\_1611

ATCACTCTTTTAGATAGACCTCTACAGCTTTTACATAATGGCACCAGTAATAAATGATGAACGATTTCGTTACCCTCGGTAAAACCGGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGTTCTCAAAGTGTAAACTTAATCAAAAGCTTA

>linker\_sequence\_1612

TAGCGCGGCGTCGCGGATTAAACAAGGTAACAATGGTTAAAGGAAAAATTATTTGTTAAGGTGGGTATATTATAGATTGCTAATTGTAAAGTATTAATAGTTTATTAAGTATTAAACTAGAGTTCGCACATGCTTTTATTTTTTTGTTGC

>linker\_sequence\_1613

TAAGTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAATAAAAATAAATATGGATGGAAATCATAGGTTTACTCCAGATTCCAAAGAATTTAATACTGTTGTAAAAAGTAAAGAGTCTTCCACTGGCAGAAATCCGTATCAGAC

>linker\_sequence\_1614

CAATTTAGCGTCTTTTTTTTTTTGCGTTGGTTTTTCCAATTTGTTTGCGTCGGTTATTATTTTTCAATAAAAATAAATAAGAAAATGAGAAAAAAATGAAAAATGAAAAAAAAAAAATCTGATGGCCTAGATATGTTTGGGTGTTTTCTT

>linker\_sequence\_1615

TACCGCAATAAAATGGACCCTTGTCGGTCACGTGAGCAAAAATACTATTGCCGCCGACGGCCGTAGATAATAACAAAGGAATAAAAAAAAAAAAGCGGTAACTCGCGGAAGCATTGCCGATGCTTACCGAGATTTGCCGCGGATAACCGA

>linker\_sequence\_1616

TCGAAAAATTTCTTTGTTTTTTTTTTCCTTTATTGTTGTTGTCTTTTCGCGAATTCGCGTCGCGATTCGTGGATTGTGATGATAATAGCGATGTCTACTACCCGGGTACGTATTTAATTATCATTTATACATTATATGTTATAGGTTAGC

>linker\_sequence\_1617

CCGCAATTTTGAGAATATTCCCTTTTTTTTACCGGATTAAAAAAAAAAAAAAAAATTCTGTTATAGATGCACATCATATCTCTCTCCTTTTTCCCGCTTTTATATATTCGTTCGTATTAGTCACAACAAAAACCAAAAGAATACTCGAAA

>linker\_sequence\_1618

TTTCCTCTTCGAGCTGCAAAAAAGTTTATCGCTTCGCGAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAAAGAATTTCAAAACGTGTCAGGGCTACTAAATAATTGAACGAGGTCTATGAAATAAAATGGGCTGAGAAAATTTCAAGAAAAAGGAAAT

>linker\_sequence\_1619

TACTAATATTGGCAATAATGCTAACACATTACTAATAATAGCAATAATATTAATAATAATAATAATAATAATAAATTATAATAATAGCAGTAATAAAAATATCAAATAATAATAATAGTAATAGTAGTAGTAGTAGTAGCAGTTGTAGTA

>linker\_sequence\_1620

GCACCAGTAATAAATGATGAACGATTTCGTTACCCTCGGTAAAACCGGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGTTCTCAAAGTGTAAACTTAATCAAAAGCTTATTTGTTTGTTATCTGTTTCTCATCGGTTTCGTTTGTTGCT

>linker\_sequence\_1621

TACTGAAAATTGTGGCATTTTTTTTTTTTATTTTTTTGACGTAAATTTTTTATGTATATAGCAGTAAATGTATCGATAACGTGTTGGCTAATACTATAGTGAATAACAAAAAGTACTCTTAGTCTCCTTTTAGCATTTGTTTTCACCAAA

>linker\_sequence\_1622

GAGGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCTTCATGTAATTTACCATGATTCTACGTTTTTGCAAGCAAAAATGAAGATAATCCGAGCGCATGCGAAGTAGTCCCTGCCATGCCGCTTCGGAAAAACTTTCGAAACCAATA

>linker\_sequence\_1623

CTTAACCAATTTTCTAAGTTCGGAACACAAAACCCAATGTTTAATCATTTTTAATAAACAATTTAGTATATATATTATTTTAATTTTATTAAATTAATTAAAATTAAAAGAATTATTAGTCATGTGATTACCATCCTACTTATTATACTA

>linker\_sequence\_1624

CTCTCAAATTCACTCTCATTTCTTTTTTCTTTGTTTTTCTTATATTTACTATATATATATATATATATATATATATATAGCCAAAAACAATAACAGACACAGTAATTTAGTATGCGTTTATCTCTTATCTTTCATCCACTGCGACCGAAA

>linker\_sequence\_1625

CTTTCGAGTTTTGATTACAAGTCACTCGAAATGTTTTTTTCCTTTTATATATTCTTCCTTTTGTCTATTCTTATATACACATATTTTAATTTTTGGTAGATTTTTTTTTTTTTACTTACATTTTGTTACAATAGAGAGATTTACCAATGG

>linker\_sequence\_1626

CAGAAATAACGAAAAATGAACACTTTTATTTTCTTTTGGCTTGTTAACCTAAACTTGTACATATGCCCATATATCCTTAAATATATATATATAGCCAACCCGAAGACGCTAAATAAACGCATTTTTTTTTTTTTTTACAGAATTATTACT

>linker\_sequence\_1627

GAGTGAATACGTAGCACATAGAGAAAACATCGCTTTCCCTCCGCAATTTTGAGAATATTCCCTTTTTTTTACCGGATTAAAAAAAAAAAAAAAAATTCTGTTATAGATGCACATCATATCTCTCTCCTTTTTCCCGCTTTTATATATTCG

>linker\_sequence\_1628

TTTTAAATTTTTCATTTTTATCGCCTTAGACGAAATTGAAATTTTTCACTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTAGACGAAGAAGCTCATCTCATCGCGATATTAGTTCGATATCTGGGTTTGAGTGAGTAGTATGTTTAATAATAAAAGA

>linker\_sequence\_1629

ACAGATACGAGTTTAGCGAATAATACCGTTCGCAATCATAACTTTATAAAACTCATCCTATTACTTACTATTCGACTGGAAAATTTTCGCAGGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGAAAAATCGATGAGCCTGCCGTACACAGA

>linker\_sequence\_1630

TATAAGAAAAAAATTAAAAAAAAAAAGAAAGAAAGTATAATACTAATATTGGCAATAATGCTAACACATTACTAATAATAGCAATAATATTAATAATAATAATAATAATAATAAATTATAATAATAGCAGTAATAAAAATATCAAATAAT

>linker\_sequence\_1631

CTATCAATATATTTCACACTACGCAGCTTAATTAGTAACTGTATAATAGCATTTAAGTTCATTACTTCTTTGTAATTTTATCTTTTTTTTTTTTTATATAGTTTTCAGCGCGCAGCAGAGTTTCATTGGAACGCTTCGCACGTTGGAAGA

>linker\_sequence\_1632

ATCAGACCAATTTTTTACTCGACTTTTATTATATAATAGATTATATATATATATATATATATATCTCTTTTGCAGCTAAATGAAAGAAAAAAAAAGAAATGGCACATATCAAAAATAATCAATTCTCTCGTCTTCACACTTGTAGATATT

>linker\_sequence\_1633

TTTTTCCTAAAGATATTAGAAAAAAAAATGTTATGTATCAATATTACTAGGTAAAATACAAAAATGCGCTTTTGAAGTATAAATAATACAGTTTTGTTTTAAGAAATGCTATATATGAATTAATAATAAATGAAACGAAAAAAAGCACTA

>linker\_sequence\_1634

TTGTTGTCCTTTTTTTATTTGTGGAAAATTCCTCAATTTGAAATAAGATTCGTATTTATTTTGTAAAACGATTTTAGTTTTTATTTTTTTTTTTTCTTCCCTTTTACCTTATTATTTGTTTTACCCTTTATGGATATTCATCCACTCAGA

>linker\_sequence\_1635

TGCTGACAATAGTCCCATCTAGGTCAAAAAGACAAAGATCTACTGAAAATTGTGGCATTTTTTTTTTTTATTTTTTTGACGTAAATTTTTTATGTATATAGCAGTAAATGTATCGATAACGTGTTGGCTAATACTATAGTGAATAACAAA

>linker\_sequence\_1636

TGTCTAATAGAATGGGTGAACTTTTTTTATTTCTTGGCTCATGATTATATTGTAAAATACATAGCATTTTATATAATTGTGGTGCTAACCCTAAGTACTTTTTTTTTTCGCCCTTTCCGGGTTTCTTTTTTTCACCTTTTCGTTTTTCTA

>linker\_sequence\_1637

CTGAAAATGTTGAAAAATAAGCTGAATGGGGCATTACATGTTTTCATCCAAACATGCCTTGTCAATAACGAGATTCGCGACGTATTCTTTTAGTATTCTGTTCCTTTTTTTTTTTGCTCCGCGCGCACTTGAACATCTTGCATATTTTTC

>linker\_sequence\_1638

TAGAGCAAACAAAAAGCAAGAAAAAAAGGTAATAAATGTAACAAATCTATTAACGTTAGAAAATAACAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGATAATATAATATAATACCTTTATATATGTGATTTATCTAGCGTCACAGTATGTAATATAAATA

>linker\_sequence\_1639

TAAGACTAAAAAAATTTCAAGATTAATTCCCAACCTATATATATATATATATATATATATACTGTTTAGATCAAGTATATCTTCCTGCTAAATAATTAATATGCTCGTATGTAGAAAACAAAAAAGAGGTCTTTTCTCTTTTTTCTCCCG

>linker\_sequence\_1640

GCCAACTATTTTGCACAGGAAAGAAAAATCACCAATACAATACTACTATATTTTACCCAAGTTAATACGGGAAAGTATATTTTCTTTTCCATATTTTTCTTTTTTATTGACGTTTGCATTTTTTAGAGCAACTAGTAAACAAAAAACCAG

>linker\_sequence\_1641

TCGAATTCCCTCTCTTGGCCGTGTTTCGGGCCACGAGGCGAAAATTTTTTTTTTTTAATCGAAAAAAAAAGGAAAAAAAGATTAACGTTTCTTTTTCGTTCTATCGTCTTCTACGATATCGCATGTAACACAATGCAGCTATCTGATAAT

>linker\_sequence\_1642

TTCTTTTGGCTTGTTAACCTAAACTTGTACATATGCCCATATATCCTTAAATATATATATATAGCCAACCCGAAGACGCTAAATAAACGCATTTTTTTTTTTTTTTACAGAATTATTACTTTCGTACTTGGGTTTATGCTTCTTATAACA

>linker\_sequence\_1643

ATAAAAAAAAAAAAGCGGTAACTCGCGGAAGCATTGCCGATGCTTACCGAGATTTGCCGCGGATAACCGAACCATCATTGGGGTAGGAAACATTATAAATATTTGATATATATAAAGGAAAAAGCTTGATTTGGTCTTGTAATATCCCAG

>linker\_sequence\_1644

GGCTACAATTAGCCTCACCGATGTAACGTTATATAACGCTGCGGTCGTAGAATATGATTTTTCTGAATTTTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTCTTTAACATCTAAAATAGATTTTAGAATCAGAAAAGTGAAGAGTATTCCACAT

>linker\_sequence\_1645

AGAGAATTTTGAGATGAAAAAAAAAAAAATGAATCTGTACTATTTCTTTTTTTAGTGCAAAAGTTTTGTTTTAATATAGAGATAAATAAAAAAATGAACATATTACTATAATATCAACAAAATATGATGTAATGTCTGCAATAAAGATGA

>linker\_sequence\_1646

ATTAAAAAGATTAGTTTACTTTTTCTGTAGAATGTTAATTAGTTTATTGCATAGAAAATCTTTAATACTGAATGACAAAATTTCCACAATTTTTTTTAAAAAAATTATCGACAACTGCAGGACTCGAACCTGCGCGGGCAAAGCCCAAAA

>linker\_sequence\_1647

CGGTTCTTTTCTTTTCTTTTTTTCTTTTTTTACGATGCATGTATATGTATTTTAATAGTAAAATATATTATTAAATAGGGGAGTGTGGTTGTGTGATTTAGTAGAGTAGTTAGAATAAAAACGACACAGTGGAAAAAAAAAGGTATTTTC

>linker\_sequence\_1648

TCAGATAATACCTTAAGCGTCGAAACCTCATACCCCCTCATCTGGCTCGGGAGCCAGTATACTATATATATATATATATATATATATATATATATATAAATTCCTAAAATACTCTCACACAGAAGCACAATAATGAGTGACGCAAATGCA

>linker\_sequence\_1649

GTTTTTTTAAGGGAAAACGTATATCACTTAGAGATTATATTAATGAAAAAAGGTGTATACAAATGTATAATAATAATAGTATATAAGAAAAGTATTCGCTATTTATAGTGATTTTAGTTTGTACAATGTACTGTATTTTTTTTAAATGTA

>linker\_sequence\_1650

TTCCCGCTTTTATATATTCGTTCGTATTAGTCACAACAAAAACCAAAAGAATACTCGAAATGTTAGTTTATATATATATATATAGTGTGCGTTCTTTGCGGATATGGAAAATCTTGATATCTGCTGCATTCACGACTATGTCGCGCGGCA

>linker\_sequence\_1651

TCCGGCGGTATTGAAGGAGAAAAATTTGGGCGGGAGCATATTATTGTAATTAATATATACATATATATATATATATATACATCAACCTTACAACTATGCGTTTAGAATCCTAAACTTTGATCTTACCATCAATAACGGTAGTGGCATGAC

>linker\_sequence\_1652

CAAAAAAAAAAGAATGAAAGTACTATCAGCTTATAAGTCCTGATTAATTAAAAAAAGAATGCAGAATAGCACCTTATAGTAAAAAAAGTAAATTTAAGTAATTAAATATAACTATACTGTAACTTTTTTGAATTGTATTTTCCCTGGCAT

>linker\_sequence\_1653

ATCTTGAACAAAAGTAATACTATTTAAGGGTGGGCGCGGGTTGTTATACCGTTTTGAGACGATCTACTATAACGTTATATTTAATTATATAAGTGATGAATTTAATGTCCCGTCCACAACACGAAATCGCACCTCATTTCAACGCGGCAA

>linker\_sequence\_1654

TTGTAAAACGATTTTAGTTTTTATTTTTTTTTTTTCTTCCCTTTTACCTTATTATTTGTTTTACCCTTTATGGATATTCATCCACTCAGAAACTAATATATCAAAATCAACGATAAGATCACAAGAGGTGAAATAAGAAAAGTAAAAGAA

>linker\_sequence\_1655

ATTGCATTATGGTCAACCAAAAATCAAAAAATTATTAGTAATATCAACATATGTATATTTAATGTATGTAAACAATGATTAAATATTAATAAAATATATCTACATATAAGTATACGCAAATGGGGTTTTTCTTCAAAAAAATTGTTTGCT

>linker\_sequence\_1656

GAACTTTTACTTAATCCGCGGGTGAAATTTCATTTTTATATTTTCCATTTTATAACAGGCCGTCCCCTAAAAACACCGCGTAAGAACATAGTTTATACACTTATATAAGTAAAAGGTGTAGTAGGTTGGAATGGTAAAGGGCGTATTGTG

>linker\_sequence\_1657

TTCCTCGATATACCTCTGTCTTACTATCAGTGGTTAAACCTTATGCAAATATAATATATATATATATATATATATATATATCTCATACTTTTGTTGATTCTTGTGTAATTATTGGAAAAGACAAAACAAAGCAAGCGTTTCTATTCATAT

>linker\_sequence\_1658

GCTTGTTCTCCTCTGCTTATTGTTCGAGATGATGTTTATTTACATATTCTTTGACGTAATAATATCGGAATAATGCATGCGCATTCGGGTTAGCCCCGTTATAGGGAAAATGAAAAAAAAAAAAATAATAAAAAAAAAAAAGACTAAAAA

>linker\_sequence\_1659

ACTTCCCATGGTCCAAGTATCAAAGCTTCAACAAAGCAATCACCTTAAAAGGTTATTTAAGGTCATTATTATATTAAAACGTTTGAAAATTAATATTATTATTAAAAAATAAATTTTTTATGCAAAATTTCTCATTTTCAATTTAAGCGG

>linker\_sequence\_1660

GAATCTTGGTATATATTGCTTCTAAGATATGTCACAATTCTGTGTATACCATGTACAATTGCTAAATGCTCATTGATTAATTTTAAATTTTTCATTTTTATCGCCTTAGACGAAATTGAAATTTTTCACTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1661

TTTAGAAATTTCCTTTTTTTTTTTTTTTTCCCCTTGACTTTCTTTTCTTTTATGTACCTATAATGAAAGACTATTTTATAATTAGAGCTATTTAAAAATTATTAATGAGGTTGATGAGTGGATAGAATATTATATTTTGAAAGCTAAATT

>linker\_sequence\_1662

AACGTTACTATTATTGTCTTAGGCAACAAAAATCCATGAAAAGAATTTTACCGTTATCGATACCATTGTATTTATTTTATTTATTTATTTAATTTTTTTTTTTTTTGGTTTATATCCTGCAAACAACACTTCGAATTCAATTCGATATTT

>linker\_sequence\_1663

AAGAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAAAAGAAATATATAGATTTAGGTATTCGTTAAATATATACACATTAAATGGCCTCAGAAATTTTAAATATATAAATAAATAAGCTCTTATATGTACAAATTTGTGCATATACTTTTCTT

>linker\_sequence\_1664

AGGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGAAAAATCGATGAGCCTGCCGTACACAGAGATATAATAAATTTAGAATGCAAGAATGGTATGGCGGTGATGAAGATAATCATTTCCCTGCTTTTTTATTTTTGTTGCGCTTCTTCTTGC

>linker\_sequence\_1665

ATGAGATATCTGAGATACATGTGTATGTATATATGCACGTTTTCTTTTATTATCTAAAAATCATATTATATTAAGTAAGAGAAAAAAATGTACAACTATATAAATATATATTTATTTAAAATGGTTTTGAATTTTTCCTATTCTGGTTGA

>linker\_sequence\_1666

AGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCTGAATGGATAAAGCGAGAGTCGTAAAGACCGAATGCAATGTCAGTTTATACATTTTTATTCTATTGGTATTATATTATAAAAAGATATATGATTAGAAAACTAGAATGTAATGCAATATTACA

>linker\_sequence\_1667

AGGTAGAGGAGACGATGTAATGTAACTGCCGCCTTTCAGTTTGGCCCCATATATATATATATATAAACAGACGGATAATTATATCATATTAAATGCGATAGCATAAATTTCTCGATGCGCATTGGTAAATTGTAGCATGGCGCGAAGTCT

>linker\_sequence\_1668

GAAAAATTACGCCAAATAGGCAGGTTTTCAATATTAAAGAGTTAAGTATGCAAAATTTACAAAAAGTTAATGGTCAAAGTATAACTATAAAAATATAATAAAACAATAAACAATAACAACTCTCAGAATTGCAAAGCTTGACCCTTTTGC

>linker\_sequence\_1669

CTATAAAAGTTGAACAGTGAAGATTAAACCTATGTGTTATTTGCATATCATATATAAATTGTAGTTTTTTGTATAAAAGTTGGGAAAAAGTTATAGTCGCGTATATTTTAAATTACTCTAAGCAACTAAATGGTCACGGTTTAGAGCATG

>linker\_sequence\_1670

ATTTTTCACTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTAGACGAAGAAGCTCATCTCATCGCGATATTAGTTCGATATCTGGGTTTGAGTGAGTAGTATGTTTAATAATAAAAGAGTATAATCCAGATATAGCAGACAATAAAATTTCAAGATGG

>linker\_sequence\_1671

GAACGGCATGAATAATCAAGTAGGTTTTATAATACTGGTATACATTAATATAATCAACTATTTATACTATCAAAAAAAAAAGCTTTTTTTTTTTTGTTTTTTTAAGTTTTATGGAATTTCATTCGTAAAGGCGTTTGTCTCTAGTTTGTG

>linker\_sequence\_1672

AAAAGAAAAAGTGGAGGAAGGTTGGTTGTATTGTCTTTTTCGGTTCTTTTCTTTTCTTTTTTTCTTTTTTTACGATGCATGTATATGTATTTTAATAGTAAAATATATTATTAAATAGGGGAGTGTGGTTGTGTGATTTAGTAGAGTAGT

>linker\_sequence\_1673

ACAGGTACAATGTAACAGAATATGCCTTGGATCCCCAAATTTTTTTGTCTATTCGTTGTTTTCCTTCTCTATGGAAATCGTCGAAAAATTTCTTTGTTTTTTTTTTCCTTTATTGTTGTTGTCTTTTCGCGAATTCGCGTCGCGATTCGT

>linker\_sequence\_1674

TCTATCATTTTGGAAGAGGAATTAATGCAAAACACATTTGTATTTTTTTTTATTTTTGCATATTCTCGATTATCTATACATATTTTTAAACTGGATCATAAAAGGTATAAAAAGTAATTGATCCATACAACATTTTTAAATATTTACCCC

>linker\_sequence\_1675

AATAATCATTTTTTTATTTTTCGCGTTTTTAAGATAATGTCTTAACCAATTTTCTAAGTTCGGAACACAAAACCCAATGTTTAATCATTTTTAATAAACAATTTAGTATATATATTATTTTAATTTTATTAAATTAATTAAAATTAAAAG

>linker\_sequence\_1676

TAACGTTAGAAAATAACAAAAAAAAAAAAAGAAAAAGATAATATAATATAATACCTTTATATATGTGATTTATCTAGCGTCACAGTATGTAATATAAATATCAATGAGTTTCTTAACATGACCTCCAAAACTACATGATCGCTTAGTATT

>linker\_sequence\_1677

AAAATTTTTTTTTTTTAATCGAAAAAAAAAGGAAAAAAAGATTAACGTTTCTTTTTCGTTCTATCGTCTTCTACGATATCGCATGTAACACAATGCAGCTATCTGATAATATGGTCCCAGAATCGCAATAGCCGGGCAGGCACGCTACTA

>linker\_sequence\_1678

TAAATATTTTCCCTGGCCGCCACTTTTTTGAGAGGTATGACGACTCTATGTTATATATATATATATATATATATATATATATAGCACAAAATTTCATGTGATCAATCTACTAGGCGAACACCTAAATTGTTATTTATTTCCATGTCTATA

>linker\_sequence\_1679

ATTGTTGTCTAAACTGCAATTGTTAGATGATTCATAATCCGGTATATTTATTGCCCTCTTTTGTATTTTACAAATAGTAAATATATATAATATCTTGTGATCTACATAAGCTTTCGCGGGGTCTTCAGAAAAATAAAAAGTTTTTAAAAG

>linker\_sequence\_1680

TTTTCATCCAAACATGCCTTGTCAATAACGAGATTCGCGACGTATTCTTTTAGTATTCTGTTCCTTTTTTTTTTTGCTCCGCGCGCACTTGAACATCTTGCATATTTTTCTTTTCTGTTTTCATCCAGAGGTTGTGTTCTAGGACTTTCT

>linker\_sequence\_1681

CCTTGTCTTTTCGATGAACTTTCCTATTTGGGTGAGCAGTTTTCCTCTTCGAGCTGCAAAAAAGTTTATCGCTTCGCGAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAAAGAATTTCAAAACGTGTCAGGGCTACTAAATAATTGAACGAGGTCTAT

>linker\_sequence\_1682

CGTTTTATTACTTATGTAGGAAAAGAGAATGAGGTTTACTAAATTAAAAGAAATATATAAAAAGCTGATTTTTTTCTTTTTTTAAATATTTCCCAAATGCTAATAAATATTAAAATATGGCAAAAAGAAAATAAGGTGTTGTTGCGCAGT

>linker\_sequence\_1683

TAATAAAAATATCAAATAATAATAATAGTAATAGTAGTAGTAGTAGTAGCAGTTGTAGTAATGATAATAATAATATAATAATAATATAATAATAGTATAATAATAGTATAAGTAGTTGTAGGTAAAAATCTTTGATTTATCTTATCTGGT

>linker\_sequence\_1684

GTCGTTTGTTTAACTACGGCGGCTTCTGGTATTACTGAATTTCTCTTTTTTTCATTTTAAATCAATTTATTACAGGTAAATCAATCAAACAAATATATATATATATAGTATACAGAACAAACGGTAATTTCTTTTTTTTTTTTTCGACGT

>linker\_sequence\_1685

ATTCCTTTTTTGCGTCACCTTCATTTTTTCTTCTCTGTTCTTTTCTGTATTTGTCGAAAATTTTATATTGATGTATCTTAATTTTATTTTTAGTATTATTATACTGTAAATGTTTCTTACTGTGTCAAGATTTCCCGTTGCGCTATCTTC

>linker\_sequence\_1686

AATTGGCCGGATTTCCAATGGAAGCGTTAAAAGAAGCCCGCGAAATATTGGGATAACTTTTGAATACAACTATTAATTGTATATAATTTGACATGTAATATAATAAGATGTGGAATCAATTTCCCTGTCTTTTTTTTCAAAAGCGACTGT

>linker\_sequence\_1687

CGTCAGTGTAAACATTCAAGTGATTTTAACTTTACGCGGTTGAAGAATGCTGTGTTCGAACTATAAAGCGTCAGAAAAGATGGTTTAGCGAAGGCACCATTATGAAGATAGACACATTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT

>linker\_sequence\_1688

CCTTTACAAAAAAGCTTATGGGATAGAATTTTAAGGTTAATTCAGGTATTATTTTTATGGCGGTTTCAGGTATTTTACGTAATATTATTATTATATCATTTTTGTAGCAATATATTATTTTTAGCGGTGCTTTATAAAACAATGGATACT

>linker\_sequence\_1689

GGCCAAGACGGTTGCTTATACATCTATAATCAATGAGCATTATCTATCGCTTTATTATTTATTATTTATTATTATCATTATTATTATTATCATTATTATTATTACTACCAATACCTTCTATATCCCTGTGATCAGCTAAAATGATTCAAA

>linker\_sequence\_1690

GGGACAAAAATTAATAGTGTTAACCGTACTTTGTAGCACCATTTCTTTTTCTTCTAATTTATATAATTAATGAATATATATATTTGGGATAAATAGCCTTTAATGAAATATTAACAGAACTTTTTTGCTTGGGCAGCAACAGATTTATAT

>linker\_sequence\_1691

TATCTACATCAAAATGTTTGAATTTTATTTCTTTCTGCCGCTCTCAAATTCACTCTCATTTCTTTTTTCTTTGTTTTTCTTATATTTACTATATATATATATATATATATATATATATAGCCAAAAACAATAACAGACACAGTAATTTAG

>linker\_sequence\_1692

GCTTTTTTGTGTTCTATTTCAGGAAAGAAGAATGGGAAAAATAATAAAACAATAAATAACTATATAAAAAACAAAAACCTAGAATATACCATTAAAGAATTACTATTCTATTCTGTGCTTCACCGTTGCGTCAATAAATGTGAAGTTGAT

>linker\_sequence\_1693

TCAAGAAAAAGTAAGTAAATAAGAGGGTACGTGATTATAAACAGATACGAGTTTAGCGAATAATACCGTTCGCAATCATAACTTTATAAAACTCATCCTATTACTTACTATTCGACTGGAAAATTTTCGCAGGCAAAAAAAAAAAAAAAA

>linker\_sequence\_1694

CTCAATCGCTCCTCTTGCCCTTCCTCTTCTTTTCCTTTTCTTTTTATTTTTTTCTAATTTTTCTATCTTTTATTTCTACTTCTATTATTAATTTGTATCTTCTAATCGTTTTTCCCACTTTATCGAAACATTTCTTCTATTTATATATGT

>linker\_sequence\_1695

AGAAGAGGAAAAAAAAATTTTTACCTCATCGCGGATTGTAAATAGTAAATATAAACTGGCAATTTACTTAGTTTTTGAATAAATAATTGTATAGGAATATTATCAGTCGTATAATACAGACGCTTTAGATCTCCGTAGCATCATATCAGA

>linker\_sequence\_1696

GGTATATTTATTGCCCTCTTTTGTATTTTACAAATAGTAAATATATATAATATCTTGTGATCTACATAAGCTTTCGCGGGGTCTTCAGAAAAATAAAAAGTTTTTAAAAGAATATACGCTTAGCAAAGGAATAGACAGATTTAGTTTGTA

>linker\_sequence\_1697

ATAGTAGTAGTAGTAGTAGCAGTTGTAGTAATGATAATAATAATATAATAATAATATAATAATAGTATAATAATAGTATAAGTAGTTGTAGGTAAAAATCTTTGATTTATCTTATCTGGTTGCAATGCTTCTCCCCTCTGATGCCTAATA

>linker\_sequence\_1698

GGTTTTAGCCGCCCACTTTTCACGCGTTAACAGGGTAAGCTATATCAGATGTGACTTTTCTTTTTCACTCATCTAATGTTGTTTTTCGCGTCACATTTTTTGCCAATAAATAAATACATCACAATGTTCTATATTGTATATTCAATGGAA

>linker\_sequence\_1699

TCATTTTTTTCTTCGGCGATGAAAAATTTTCAAAAAAAAAAACAGACCTAACAAAAGGGCAAAAGACCTATTATACTATATGACCGAAAAAACTTACGCCCTATTAAATAAAGAAGAAACCTAAAGAAGATAAACTAAAAACCCTTCTAA

>linker\_sequence\_1700

TCTTTTTTTCTTTTGAATAAGTCGCGTTATAAGGACAAAACATTAAAAAAAAATATGTATTGATTCACTGATTTATATATACAGAAGTAAGTACCGGGGTACCTAAATATACGCATAAAAGTCTCTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTA

>linker\_sequence\_1701

TAAATCTCAGCCTAACCCTTTTACACGAAGTTTTCCCAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGGCGGTTGTCTTTGGCATATCGCGAAAATAATAGATCTTATCAAGGGGTTTTTAAGTCATCCTCTGATTATTGGAAG

>linker\_sequence\_1702

TGTACACACGTACACGCACAAGCTACAGACGCCACGCGGCCCGGCATTCATATATGTACATACATTTATGCACATATATATATATATATATATGTATATGTAAATGTATATATACAGCTTGTGATTTCGCGCGCCGAATGGGCTGAAAAG

>linker\_sequence\_1703

CTGTAAAAAATATATATACATATGATTCACGTGAAAATTTTTATATTTTTAATTAAATTTTTATAATATTATAAATTATTATAATATTGATATTTAAAATTAAAAACAAATTATTAATGGTTTTGTTTTCCGAAATGTTTTTTATAATTA

>linker\_sequence\_1704

TTAAAGAAGAAAAAAAAAGGTTGGTTTTATCACTTCATTAGTCTATTTGAATAATTCATAAAATATTTCTGATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATATTATTTTAAACGTGACTTTGGCTGCGATTCATGGTTTTTGCCCTTATATCT

>linker\_sequence\_1705

GTACCGGGGTACCTAAATATACGCATAAAAGTCTCTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTTCCTACATTTCGTTAATAATATTATATAGATTATATTTATATTTAAGAAAAGTAATATCAGCATATTATGAATAGACAAAAAAGTCT

>linker\_sequence\_1706

TCAAAGTAAATGGAGAATTTCGAAGGCTAGCGTCTCTAGATAAATCTCAGCCTAACCCTTTTACACGAAGTTTTCCCAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGGCGGTTGTCTTTGGCATATCGCGAAAATAATAGATC

>linker\_sequence\_1707

TTATATAACTGTAGAACCAGTTTAGTTTCTTGTTGTTCTTTCCTCTAATTAGAGTCATCTTAAGAATATTTTTCCACGGGAAAAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGTGGGAATTTTCAGTGCAGTTGAAAAAATCGAG

>linker\_sequence\_1708

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAGGGCGGTTGTCTTTGGCATATCGCGAAAATAATAGATCTTATCAAGGGGTTTTTAAGTCATCCTCTGATTATTGGAAGTCATAATCACGTTCAATGGTGGGAGGCCTTCGGAAAAGAA

>linker\_sequence\_1709

CAATTTTTTTAAAAAAAAACTCAATACCTACATCACCGCGAAATGCCTGAAGTAAAAGCATATAACAAACGCGACCCTTAAAATTACGTATATATATGTATATTTCTTTATACTAAGTTTTACTGGGCAGAGTATCATACAGTTCTTCTA

>linker\_sequence\_1710

GCCACGCGGCCCGGCATTCATATATGTACATACATTTATGCACATATATATATATATATATATGTATATGTAAATGTATATATACAGCTTGTGATTTCGCGCGCCGAATGGGCTGAAAAGCACAGTATAGTGGAGAAGAAGAGAGAGGAG

>linker\_sequence\_1711

GTCTCTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTTCCTACATTTCGTTAATAATATTATATAGATTATATTTATATTTAAGAAAAGTAATATCAGCATATTATGAATAGACAAAAAAGTCTAAGGTCAAGATTTATTAAATGTTAGATTAT

>linker\_sequence\_1712

GGAGTGGGACGAAAAGATCTCGCTTTTGTCTCACGCGCAATGCTATAAATAATAAATATACATATATATATATTTATATGTAGATAGATGTGTGTATATATATGCTAGGTAAAGAAACGGAAAAATCGAAAAATCGAAGTTGGAGAGGAA

>linker\_sequence\_1713

TATTTTTACGCGTCACTGCGAACGGATGAATATTGCCAATGACTGCTGCGCACTCTTAAAAAATATAATGACAATTATAATAAGAAGTATGATACTTTTTCTGTAAAAAATATATATACATATGATTCACGTGAAAATTTTTATATTTTT

>linker\_sequence\_1714

ATTCATACAATATACTTAAGAAAACAATATACTTTTCTTAGTTTCATAACTTTGGAATCTATAATGTTGTTTTTTTTTTTTTAAGTATATTTGTATATTATGCATATAAGTCAACGCGTAGCGGTGGTATTACGCGCAAGCTTTTGATTT

>linker\_sequence\_1715

TAAGAATATTTTTCCACGGGAAAAAAGTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGTGGGAATTTTCAGTGCAGTTGAAAAAATCGAGGTGGAATTTGAGAACGACAATTACTTAGCACTACATGTGTTGTTCTCGTTTGTTTTTAAT

>linker\_sequence\_1716

GTATCAAGAGAGAAATATGTGAATGACGAGCAAACTAGAGGTGTTATTAATAATAATGGCATAAAAACTAGATTTTATTCTATATATATATATATATATTTCTTCGACTTTTTTTTTTTTTACCCGCACACCCTGAATTTTGTGCTATTT

>linker\_sequence\_1717

AAGGACAAAACATTAAAAAAAAATATGTATTGATTCACTGATTTATATATACAGAAGTAAGTACCGGGGTACCTAAATATACGCATAAAAGTCTCTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGCTTCCTACATTTCGTTAATAATATTATAT

>linker\_sequence\_1718

GTGAAAATTTTTATATTTTTAATTAAATTTTTATAATATTATAAATTATTATAATATTGATATTTAAAATTAAAAACAAATTATTAATGGTTTTGTTTTCCGAAATGTTTTTTATAATTATTACTTCAGAATAGTTATTTTCACGAATAC

>linker\_sequence\_1719

ACTTTTCTTAGTTTCATAACTTTGGAATCTATAATGTTGTTTTTTTTTTTTTAAGTATATTTGTATATTATGCATATAAGTCAACGCGTAGCGGTGGTATTACGCGCAAGCTTTTGATTTCTCTTACTATTCTTGGTTGTTCATTTGTTA

>linker\_sequence\_1720

AAATATAATGACAATTATAATAAGAAGTATGATACTTTTTCTGTAAAAAATATATATACATATGATTCACGTGAAAATTTTTATATTTTTAATTAAATTTTTATAATATTATAAATTATTATAATATTGATATTTAAAATTAAAAACAAA

>linker\_sequence\_1721

CTTCATTCTCTTTCATTTGGTAGTGAGATGGCAGTTCGAGGTTTTTTTATTCAAAGTAATAACTTCTTCCTTTTCGCTTTTATGTAGCAGAAAAAAAAGCCGCCGAAGCGCGCGCGTTCGTGCAATCTCATGATAGAAAAAGGGCAACAA

>linker\_sequence\_1722

GTATTCCAAACCAATTTAAGTAAGTATTGATATGTAGTTATTTTTAAAATAAATATATGTAAGTATATTTGGATGCTTTAATTAGGAATGTTCTATTTTTTTTTTATTTTTTATATTATGGAAGAAAATGGACGTGACGAATCAATAAAA

>linker\_sequence\_1723

AAGTACTTCAAGGAGACGTTATATAAGCTGGCCAATGAATAAATAGATTAATTTAAACAGTATATGTACAGTTTTATATATATATATATATATATATACATATATAAAGAAACCTGTGCGTTTTTTGTATTTTCAAATACATTTAGTTTT

>linker\_sequence\_1724

AATATAAACAAAAAACCGCAACACTTCATGATTGCGTCGAACAATATACCTTAAAGAAGAAAAAAAAAGGTTGGTTTTATCACTTCATTAGTCTATTTGAATAATTCATAAAATATTTCTGATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATAT

>linker\_sequence\_1725

TTAGGATATACCTCGAAAATAATAAACCGCCACACTGTCATTATTATAATTAGAAACAGAACGCAAAAATTATCCACTATATAATTCAAAGACGCGAAAAAAAAAGAACAACGCGTCATAGAACTTTTGGCAATTCGCGTCACAAATAAA

>linker\_sequence\_1726

CCTCAGAATAAACAAGGTCATCTAGTGCGATGGCAATGCTTCAAAGTAAATGGAGAATTTCGAAGGCTAGCGTCTCTAGATAAATCTCAGCCTAACCCTTTTACACGAAGTTTTCCCAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAG

>linker\_sequence\_1727

GATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATATTATTTTAAACGTGACTTTGGCTGCGATTCATGGTTTTTGCCCTTATATCTTCGTTGTCATTATTATCAGCATTATTAGGATAATCCTTTCCATGTAATAGAAAACTTTTATTTTTCAACA

>linker\_sequence\_1728

GATAGTCGCGTATACATAAATAACAAAAAAACAAATTCAATAACATAAAATAAAAATACTTTTACATACAGAAGAAGAAACTTTATATATTCGACAAAGGAAAATGTAAAAAAAAAAAACACATTATTTTAAAAGAACTGCGCTCATTAT

>linker\_sequence\_1729

CAAACTAGAGGTGTTATTAATAATAATGGCATAAAAACTAGATTTTATTCTATATATATATATATATATTTCTTCGACTTTTTTTTTTTTTACCCGCACACCCTGAATTTTGTGCTATTTTGAAGCAGAGCGTACTGAACAAATTGGCAG

>linker\_sequence\_1730

CATTTTTTTTTTGTTCATGATGTTAGCATCTGCTTAGTCTTTTTAAAATTATTTAATTTAACGTTTTATTTATGTGAACCTTTTTTTATTAGTTGTATTTACTATTTATTCAAGAATCATTCTTTACTTTATATTGATATCGTTTTTTTC

>linker\_sequence\_1731

ACGGAGCTTTATAGTAATTAGTCAAGGTTTTTTTTTTCTTATTTTTTTCTATTTCATAACTTAGTCATATCAAAATATATCTATTAAATTATTTTCCATATATACGTAGATATTCTTCATTTGCATAATTCTTTGGGAAAAAGGAAAACA

>linker\_sequence\_1732

TGGCTACAGCACTTGCTGAACATAAGCTTAAAACGTTTATGTGTGTATTTATATATGATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATGGTGATAAACTGCAATAACAAAAGAAAATAGTAC

>linker\_sequence\_1733

GCCAATGAATAAATAGATTAATTTAAACAGTATATGTACAGTTTTATATATATATATATATATATATACATATATAAAGAAACCTGTGCGTTTTTTGTATTTTCAAATACATTTAGTTTTGGCGCCACTTCTATAAAAGGTCTCATGATA

>linker\_sequence\_1734

TAAAATGTAGTGAGTTGGCTTTTGTTCGTGCTGTTTTCGATGAACTATTAATCCCAAATTTATGTAGTAATAATCACTAAAAAATGCGAAGAGGAAATATTAACGCGCGGCGCAAAAAGATCGGGTAATTTGGGCGTTTAAGTACATGAA

>linker\_sequence\_1735

TTGGCAGAAGAGGGAACCATTTCATCCAAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAAATCCAAATATTAAGCTAAAAAAATACTTAACTGTTTACACAAAGCGTATATAAAATGCATATTAAGAACCTATCTCGTTTCAGAGGAATAAACTTTTAA

>linker\_sequence\_1736

AAAATAAAATAAAAATGTATGATTTCCCTCCATTTCCGACCAATTGTATAATTTTATATCTGCATGACTTAATAATATAATATAATACTTATAAAATACGAATAGAAAAATTTAAACCGATGTAATGCATCCTTTTCTTTGTCGTCTTCG

>linker\_sequence\_1737

GGACATTATCTCAAGGTACCGCTTACTATGCCTATACATTCCTGCAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTGATAAGTATTACTGGGTAATGGGAAGTATAATCACTAGGCATATTATTTTTGACGCAGAGGAGTGGCAGCCTGTCTACTATGTA

>linker\_sequence\_1738

GGGGCCAGTCAGAAGATAAGAAAAAAGGAAAATGTTATCATTGTTAAAAACATAAAGTTGTTGAAAATGTATTAACATGTGTATTATATATATAAATTATTTACAGTTAAATTTGACTACAAACTAAGTAACCCCGAGTCGCGAAATAAA

>linker\_sequence\_1739

TTTGGATTTTTCTTGTTGCTTCAACGGATTATCTTAAAAAAATCTATCATATTTCAAAATATAAATTCTTATTTTTACAAAGAAGATATAGATTATGCATAATATTATTTTGTTACATTTTTTTTCTTTTACTTTTTATTTTCTTTTCTT

>linker\_sequence\_1740

GCAGTTCGAGGTTTTTTTATTCAAAGTAATAACTTCTTCCTTTTCGCTTTTATGTAGCAGAAAAAAAAGCCGCCGAAGCGCGCGCGTTCGTGCAATCTCATGATAGAAAAAGGGCAACAATGTTGGGCTATTTTAGACAAAGAAACTCAG