According				_	•		ccording to H				
General Process 150 100	GAAAAT - AGCGAA -	100 56	99 48	100 37	99 61	100 38	100 31	100 76	100 50	100 78	10
Section	GACTAG -	77		87	85		46	94			
SECANG 100 1	TGGGTG -	99	100	100	99	99	100	99	100	100	
Company Comp		92 92	97 96	62 60			68		97 97		
SAGE SOLUTION STORY AND ST	GCGTCA -	98	99	92	97	99	100	94	97	98	
GASCAC - 34		99 99						100 100	100 100	98	
GAMARA 100 99 100 100 90 100 100 100 100 100 1	CAACCC -	93	97	97	91	96	97	96	95	86	
GARGA - 09				100							
CACTICA 99 98 100 150 99 100 150 150 99 100 150 99 100 150 99 100 150 150 150 150 150 150 150 150 150	GAAGAA -		99					99		100	
ACMAC - 99	CAGTAG -	99	99	100	99	100	97	100	100	99	
SCCATA 99 100 100 99 100		99	100	100	99 99		100	100	100 100		
CTTTAA 99 99 99 100 99 1100 100 100 100 100 10	GCCATA -	99	100	100	99	100	100	100	100	100	
CACAGO 99 100 100 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 100									95 97		- 80
CCCCCT	CACAAG -	99	100	100	99	100	100	99	100	99	
ASCIGGA 100 100 100 199 099 100 199 1100 199 1100 100		99 97		100							
AMATIC 99 100 100 100 100 100 100 100 100 100	AGGGGA -				99	99		99	100	100	
CCTTGT 839 848 970 899 890 970 970 970 980 890 890 890 970 970 970 980 890 890 890 890 890 890 890 890 89		99	100	100	100	100	100	99	100	100	
CCTICA	CCTTGT -	89		97	89		97	92	87		
TOCATE - 98	GCTACA -	99	99	97	99	100	97	98	100	98	
TOTACT 94 98 98 92 93 100 97 98 97 95 TOTACT 16 88 99 97 95 100 97 100 9											
TTCCA - 89 92 97 96 74 97 99 100 99 100 99 100 CCCCCT - 91 90 90 100 99	TGTACT -	94	98	82	93	100	97	98	97	95	
GCCCCA 97 96 100 98 100 100 95 100 97 CCCCCC 100 97 SCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC		89	92	97	96	74	97	99	100	99	
ATRICAC - 99 99 100 99 100 95 99 100 99 - 100 99 CCCTTCA - 99 99 100 98 99 99 100 99 CCCTCA - 93 99 100 99 100 99 99 100 99 99 99 99 100 99 99 99 99 99 99 99 99 99 99 99 99 9	GCCCCA -	97	96	100	98	100	100	95	100	97	
ATTACT - 99 99 100 99 100 100 99 100		99	99	100	99	100	95	99	100	99	
GACCCC- 99 99 100 97 82 97 99 100 88							100				
ACCIONAL 95 98 99 100 98 99 99 100 100 99 99 100 100 100 100 100	GACCCC -	99	99	100	97	82	97	99	100	86	- 60
GCATTA - 40					98 98						
GATGGT 95 91 92 95 88 100 96 100 96 100 97 100 100 100 100 100 100 100 100 100 10	GGTTGC -	40	36	57	78	91	41	97	90	78	
AGGAT 99 98 100 99 99 97 100 100 100 100 100 100 100 100 100 10		93 95		95							
TCCATC	CTTAGA -	99	98	100	99	99	97	100	100	99	
\$\frac{5}{2}\$ \text{TCCAT}\$ = 98 \ 98 \ 91 \ 70 \ 78 \ 97 \ 92 \ 56 \ 57 \ 71 \ 18 \ 20 \ 100 \		52	90		83	93	48	93	85	83	
ACATAC 98 99 100 99 99 100 100 100 100 100 TAGTIGG 98 98 99 100 100 99 99 100 100 100 100 100 10	TCCAAT -										
TACTICG 98 98 98 100 89 100 100 97 97 95 GTGGGA 99 100 100 99 99 100 99	_	100	100	100	99	100	100	100	100	99	
GTGGGA - 99 100 100 99 99 100 99 100 99 100 99 GCCAT 37 29 37 36 17 14 29 15 51 GAGAGT 94 96 87 88 92 100 75 50 72 AATIACT 94 98 1100 99 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 66 64 CGCCTG 58 95 99 92 96 100 97 98 97 90 97 98 97 90 GACCCT - 96 81 80 99 91 100 97 99 97 97			99		99 89			100 97	100 97		
GACAGT - 94 96 87 85 92 100 75 50 72 AATACT - 94 98 100 99 100 100 99 100 98 TACACT - 99 93 100 98 99 100 99 100 99 90 90 96 TACACT - 99 93 100 98 99 100 99 100 99 90 90 96 ACTGGG - 96 98 97 97 96 100 99 100	GTGGGA -	99	100	100	99	99	100	99	100	99	
AATATC		94	96	87	85	92	100	75	50	72	
TCCTGG - 96					99 98						
GGCGGG - 51 38 35 77 67 91 73 92 60 83 -40 GGCGGG - 51 38 17 66 11 21 88 67 85 FGCCAA - 72 95 92 96 100 97 99 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 75 93 90 97 90 97 91 FCATCC - 96 84 80 93 98 85 98 82 96 FCATCC - 96 84 80 93 98 85 98 82 96 FCATCC - 96 84 80 93 99 99 90 90 90 90 90 90 90 90 90 90 90	TCCTGG -	96	99	97	99	97	100	99	100	99	
GGCGGG- TGCCAA- TGCCAA- TGCCAC- TGCCAC- TGCCAC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACC- TGCCACCC- TGCCACCC- TGCCACCC- TGCCACCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCC- TGCCACCCCC- TGCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCC- TGCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCCC- TGCCCCC- TGCCCC- TGCCCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCCCC- TGCCCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCCCC- TGCCCC- TGCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCC- TGCCC- TGCCCC- TGCCCC- TGCCC- TGCCC- TGCCC- TGCCC- TGCCC- TGCCC- TGCCCC- TGCCC- TGCC- TGCCC- TGCCC- TGCCC- TGCC- TGCCC- TGCC- TGCCC- TGCC- TGCCC- TGCCC- TGCCC- TGCC- TGCCC- TG											- 40
TCATCC	GGCGGG -	51	38	17	66	11	21	88	67	85	
GACCCT 96 84 80 93 98 95 98 82 96 ATTACT 66 46 62 82 34 87 78 85 75 TTGTT 94 61 60 92 48 95 97 92 97 ATACT 99 77 100 99 100 95 99 100 100 100 TAGGCC 39 70 67 69 31 68 71 75 72 GCCCC 20 18 44 67 13 60 77 90 68 CTGTT 98 99 100 98 100 100 96 90 97 95 ACGAGC 95 99 92 97 98 100 99 97 95 ACGAGC 72 83 60 74 34 65 77 70 83 CCACTC 76 50 90 88 38 43 97 92 97 ATTTT 6 99 99 100 99 100			93	90	77	80	85	89	97	90	
TIGITT 94 61 60 92 48 95 97 92 97 ATAGIT 99 77 100 99 100 95 99 100 100 TAGGCC 339 70 67 69 31 68 77 90 68 CCCGC 20 18 44 67 13 60 77 90 68 CCIGITT 98 99 100 98 100 100 99 97 95 ACGACC 55 99 92 97 98 100 99 97 95 ACGACC 76 50 90 88 38 43 97 92 97 ACTITG 99 99 100 96 83 38 43 97 92 97 ACTITG 99 99 100 99 99 100 99 99 100 99 99 100 99 10 99 100 99 100 99 100 99 10 99 100 99 100 99 10 99 10 99 10 99 10 99 10 99 10 99 10 99 10 99 10 99 10 90 10 90 10 90 10 90 10 90 10 90 10 90 10 90 10 100 10	GACCCT -				93 82					96 75	
TAGGCC - 39	TTGTTT -	94	61	60	92	48	95	97	92	97	
GCCCCG - 20 18 44 67 13 60 77 90 68 CTGTTT - 98 99 100 98 100 100 96 90 97 TGGASC - 95 99 92 97 98 100 99 97 95 ACGANG - 72 83 60 74 34 65 77 70 83 CCACTC - 76 50 90 88 38 38 43 97 92 97 ATTITIG - 99 99 100 96 100 97 98 97 98 CATGTG - 99 99 100 96 100 97 98 97 98 CATGTG - 99 99 100 99 100 99 99 100 99 100 99 TGCCC - 89 36 100 82 100 95 94 100 76 TIGATC - 69 98 85 85 85 91 82 88 87 77 TAATGC - 79 93 92 99 100 92 91 97 99 97 97 TGAATT - 98 99 100 96 95 97 99 97 97 TGAATT - 98 99 100 96 95 97 99 97 97 TGAATT - 80 98 99 100 96 95 97 99 97 97 TGAATT - 88 99 100 96 95 97 99 97 97 TGAATT - 88 99 100 96 95 97 99 97 98 ACTTTGT - 85 92 72 90 67 92 97 ACTATA - 86 91 75 69 94 95 51 44 69 ACTATA - 86 91 75 69 94 95 51 44 69 ACTATA - 86 90 64 72 82 79 92 97 97 TGGAAC - 68 48 55 85 86 22 39 80 30 30 46 CTGCCA - 68 48 55 85 86 22 39 80 30 30 30 46 CTGCACAC - 86 48 55 86 22 39 80 30 30 30 46 CTGCACAC - 86 48 55 85 52 96 63 30 30 30 46 CTGCACAC - 86 48 55 85 52 96 63 30 30 30 46 CTGCACAC - 68 48 55 85 52 99 43 26 25 25 ATCGACA - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATCGG - 17 16 22 33 15 20 21 4 9 9 4 10 5 ATCGGT - 34 15 20 21 4 9 9 4 10 5 ATCGCC - 3 15 20 21 4 9 9 4 10 5 ATCGCC - 17 16 22 33 23 7 31 14 25 5 52 ATCGGT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 9 4 10 5 ATCCCC - 17 16 22 33 23 7 31 14 25 5 52 ATCGCT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATCCCC - 17 16 22 33 23 7 31 ATCCCCC - 17 16 22 33 23 7 31 ATCCCCC - 17 16 22 33 23 7 31 ATCC	ATAGTT -	99 39		100	99 69			99 71			
TGGAGC - 95 99 92 97 98 100 99 97 95 ACAGAA0 - 72 83 60 74 344 65 77 70 83 CCACTC - 76 50 90 88 38 38 43 97 92 97 ATTITIC - 99 99 100 96 100 97 98 97 98 ACATTITIC - 99 99 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 97 100 99 10 9	GCCCCG -	20	18	44	67	13	60	77	90	68	
ACGAGA C 72 83 60 74 34 665 77 70 83 CCACTC 76 50 90 88 38 838 43 97 92 97 97 ATTTTG 99 99 100 96 100 97 98 97 98 CATGTG 99 99 100 99 99 100 99 100 99 99 100 99 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 97 71 ATTGC 79 93 92 92 89 89 87 97 100 97 CACACT - 94 94 100 92 91 97 99 97 97 97 CACACT - 94 94 100 92 91 97 99 97 97 97 CACACT - 94 58 15 52 85 34 46 37 45 TTGTTC - 44 58 15 52 85 34 46 37 45 TTGTTC - 44 58 15 52 85 34 46 37 45 TTGTTC - 44 58 15 52 85 34 46 37 45 TTGTTC - 45 59 92 72 90 67 92 97 97 80 ACTATA 86 91 75 69 94 95 51 44 69 GTGCCA 50 17 30 29 12 21 29 10 52 ATCGAG - 11 11 10 33 23 7 34 15 31 GTGGCT - 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GGTGGC - 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATA 86 45 85 55 86 22 39 80 90 94 GGTGGC - 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATA 86 45 85 52 96 63 30 30 46 CGGGAA - 44 68 35 32 74 75 23 30 33 30 46 CGGGAA - 44 68 35 32 74 75 23 30 33 30 33 TTTTCC - 69 62 50 29 43 26 25 25 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 4 9 4 10 55 GGTGGC - 44 13 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGGGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GGTGGC - 17 16 22 33 12 24 2 21 12 24 2 11 ATGGGC - 35 15 20 21 4 9 4 10 5 GGTGGC - 17 16 22 33 12 24 1 25 55 7 ATCGAT - 35 8 10 14 4 9 4 10 5 5 GGTGGC - 17 16 22 33 23 7 31 TTTCC - 69 62 50 22 33 12 24 2 2 11 ATGGGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 5 GGTGGC - 17 16 22 33 23 7 31 TTTCC - 69 62 50 22 33 22 74 75 23 30 30 33 TTTCC - 69 62 50 22 33 22 74 75 23 30 30 33 TTTCC - 69 62 50 22 33 22 74 75 52 33 30 33 TTTCC - 69 62 50 22 50 22 43 26 25 52 52 50 ATCGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 5 52 52 50 ATCGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 57 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 22 1 ATGGAT - 35 8 10 10 14 53 56 9 20 20 21 A		95	99	92	97	98	100	99	97	95	
ATITICG - 99 99 100 96 100 97 98 97 98 CATGTIG - 99 99 99 100 99 99 100 99 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 99 100 95 94 100 76 115 15 15 15 15 15 15 15 15 15 15 15 15	ACGAAG -		83			34		77	70	83	
TGCCCC - 89 36 100 82 100 95 94 100 76 TTGATC - 69 98 85 85 85 91 82 88 87 77 TAATGC - 79 93 92 89 89 89 87 97 100 97 CACACT - 94 94 100 92 91 97 99 97 97 TGAATT - 98 99 100 96 95 97 99 97 96 TGAATT - 44 58 15 52 85 34 46 37 45 TCCTCA - 70 97 99 91 99 97 98 AGCTTG - 85 92 72 90 67 92 97 97 80 ACTATA - 86 91 75 69 94 95 51 44 69 ACTATA - 86 91 75 69 94 95 51 44 69 TTGGGCT - 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC - 68 48 55 86 22 39 80 90 94 TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC - 68 48 55 86 22 39 80 90 94 CCTATAT - 86 45 85 85 52 96 63 30 30 46 CGTGGC - 43 75 35 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT - 86 45 85 85 52 96 63 30 30 30 46 CGGGGAA - 44 68 35 35 32 74 75 23 30 33 33 TCTTCC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 ATCGAT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	ATTTTG -	99	99	100	96	100	97	98	97	98	
TTGATC - 69 98 85 85 85 91 82 88 87 77 TAATGC - 79 93 92 89 89 87 97 100 97 CACACT - 94 94 100 92 91 97 99 97 97 TGAATT - 98 99 100 96 95 97 99 97 96 TGATT - 44 58 15 52 85 34 46 37 45 TCCTCA - 70 97 90 91 99 97 93 95 88 AGCTTG - 85 92 72 90 67 92 97 97 80 ACTATA - 86 91 75 69 94 95 51 44 69 GTCCCA - 50 17 30 29 12 21 29 10 52 ATCAGG - 11 11 10 33 23 7 34 15 31 GTGCC - 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC - 68 48 85 55 86 22 39 80 90 94 GCTGGC - 43 75 35 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT - 86 45 85 52 96 63 30 30 46 CCGGAAC - 68 48 85 55 29 66 63 30 30 46 CCGGAAC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCTICC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGGCT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM					99 82					99 76	
CACACT 94 94 94 100 92 91 97 99 97 97 96 TGAATT 98 99 100 96 95 97 99 97 96 TTGTTC 44 58 15 52 85 34 46 37 45 TCCTCA 70 97 90 91 99 97 93 95 88 AGCTTG 85 92 72 90 67 92 97 97 80 ACTATA 86 91 75 69 94 95 51 44 69 GTCCCA 50 17 30 29 12 21 29 10 52 ATGGGG 11 11 10 33 23 7 34 15 31 GTGGCC 43 75 35 86 22 39 80 90 94 GTGGCCA 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGCA 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGCA 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGCA 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGCA 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGCA 68 44 68 35 32 74 75 23 30 30 33 TCTTCC 69 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATGGAT 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGGGC 14 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGGGC 15 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	TTGATC -	69	98	85	85	91	82	88	87	77	
TGAATT		94	94	100	92	91	97	99	97	97	
TCCTCA 70 97 90 91 99 97 93 95 88 AGCTTG 85 92 72 90 67 92 97 97 80 ACTATA 86 91 75 69 94 95 51 44 69 GTCCCA 50 17 30 29 12 21 29 10 52 ATCGAG 11 11 10 33 23 7 34 15 31 GTGGCT 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGC 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT 86 45 85 52 96 63 30 30 30 46 CGGGAA 44 68 35 32 74 75 23 30 33 TCTTCC 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGAT 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	TGAATT -						97		97		- 20
ACTATA - 86 91 75 69 94 95 51 44 69 GTCCCA - 50 17 30 29 12 21 29 10 52 ATCGAG - 11 11 10 33 23 7 34 15 31 GTGGCT - 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC - 68 48 55 86 22 39 80 90 90 94 GCTGGC - 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT - 86 45 85 52 96 63 30 30 30 46 CGGGAA - 44 68 35 32 74 75 23 30 33 TCTCC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGGCC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 23 23 12 41 25 52 MEA		70	97	90	91	99	97	93	95	88	
GTCCCA - 50 17 30 29 12 21 29 10 52 ATCGAG - 11 11 10 33 23 7 34 15 31 GTGGCT - 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC - 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GCTGGC - 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT - 86 45 85 52 96 63 30 30 46 CGGGAA - 44 68 35 32 74 75 23 30 33 TCTTCC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 GGCGTT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 23 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	AGCTTG -		92	72	90		92 95	97 51	97		
GTGGCT 92 68 90 34 95 85 52 42 36 TATGAG 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GTGGC 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT 86 45 85 52 96 63 30 30 46 CGGGAA 44 68 35 32 74 75 23 30 33 TCTTCC 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGAT 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG 17 16 22 33 23 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	GTCCCA -	50	17	30	29	12	21	29	10	52	
TATGAG - 90 64 72 82 79 92 92 97 77 CGCAAC - 68 48 55 86 22 39 80 90 94 GCTGGC - 43 75 35 38 80 73 14 40 35 CTATAT - 86 45 85 52 96 63 30 30 46 CGGGAA - 44 68 35 32 74 75 23 30 33 TCTICC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 23 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM				90							
GCTGGC - 43	TATGAG -	90	64	72	82	79	92	92	97	77	
CTATAT - 86		43	75	35	38	80	73	14	40	35	
TCTTCC - 69 62 50 29 29 43 26 25 25 25 ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 23 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	CTATAT -	86	45	85	52	96	63	30	30	46	
ATCGAT - 35 8 10 14 53 56 9 20 21 GGCGTT - 44 13 12 6 6 6 21 24 2 11 ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 23 12 41 25 52 14 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	TCTTCC -	69	62	50	29	29	43	26	25	25	
ATGCGC - 3 15 20 21 4 9 4 10 5 GCTTCG - 19 13 40 25 11 68 23 7 31 TGCCCG - 17 16 22 33 23 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	ATCGAT -		8 13			53			20	21 11	
TGCCCG - 17 16 22 33 23 12 41 25 52 AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM	ATGCGC -	3	15	20	21	4	9	4	10	5	
AFR ASI CRB EUR FUS MEA NAM OCE SAM					25 33	11 23				31 52	
		ı	ı	l l	I	ı	ı	ı	ı	ı	