

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```

Contig5      ----- 0
Contig2      ----- 0
Contig7      -----GTAAAATTACACCTTTAGAA 20
Contig6      ----- 0
Contig3      ----- 0
Contig4      ----- 0
ContiglRC    AGATGGAAGCAATATGTGGTGGTAGGCGGGCGGGGAGGGTGTATAGGCATTCTTTT 60
OK504623.1:1413-2943 ----- 0

Contig5      ----- 0
Contig2      ----- 0
Contig7      TTGCAGTCTAAAATCATTATTGAATATAAGGCCATGAT-AAAGGAAATTATATTCATGAA 79
Contig6      ----- 0
Contig3      ----- 0
Contig4      ----- 0
ContiglRC    TTTCAAGCAGAAGACGGCATAACGAGATCGTTTCACGTGACTGGAGTTAGACGTGTGCTCT 120
OK504623.1:1413-2943 ----- 0

Contig5      -----GCCACTTTATCGCAACGATGATTATTCTCTAC 32
Contig2      -----CTTTATCGCAACGATGATTATTCTCTAC 28
Contig7      AAGATTTACAATCTATCGCCTATCTTCAGCCACTTTATCGCAACGATGATTATTCTCTAC 139
Contig6      -----ATTATTCTCTAC 12
Contig3      -----ACGATGATTATTCTCTAC 18
Contig4      -----GCAACGATGATTATTCTCTAC 21
ContiglRC    TCCGATCTCAATCTATCGCCTATCTTCAGCCACTTTATCGCAACGATGATTATTCTCTAC 180
OK504623.1:1413-2943 -----CAACGATGATTATTCTCTAC 20
                        *****

Contig5      TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 92
Contig2      TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 88
Contig7      TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 199
Contig6      TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 72
Contig3      TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 78
Contig4      TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 81
ContiglRC    TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 240
OK504623.1:1413-2943 TAATCATAAAGACATTGGAACCTTTATACTTCATTTTCGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGG 80
                        *****

Contig5      TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 152
Contig2      TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 148
Contig7      TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 259
Contig6      TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 132
Contig3      TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 138
Contig4      TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 141
ContiglRC    TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 300
OK504623.1:1413-2943 TACCTCTTTAAGTATCTTAATTCGAACGGAACCTAGGACAACCAGGTTATTTAATTGGAGA 140
                        *****

Contig5      TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 212
Contig2      TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 208
Contig7      TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 319
Contig6      TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 192
Contig3      TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 198
Contig4      TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 201
ContiglRC    TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 360
OK504623.1:1413-2943 TGATCAAACATATAATGTTATCGTAACTGCACATGCATTTGTCATAATTTTTTTCATGGT 200
                        *****

Contig5      TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC 272
Contig2      TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC 268
Contig7      TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC 379
Contig6      TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC 252

```

Contig3	TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC	258
Contig4	TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC	261
ContiglRC	TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC	420
OK504623.1:1413-2943	TATACCAATTATAATTGGTGGATTTCGGAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGTGCACC	260

Contig5	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	332
Contig2	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	328
Contig7	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	439
Contig6	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	312
Contig3	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	318
Contig4	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	321
ContiglRC	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	480
OK504623.1:1413-2943	CGATATAGCCTTTCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGACTTTTACCACCCTCACTAAC	320

Contig5	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	392
Contig2	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	388
Contig7	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	499
Contig6	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	372
Contig3	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	378
Contig4	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	381
ContiglRC	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	540
OK504623.1:1413-2943	CCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTCGAAAATGGTGCAGGGACAGGATGAACAGTTTATCC	380

Contig5	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	452
Contig2	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	448
Contig7	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	559
Contig6	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	432
Contig3	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	438
Contig4	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	441
ContiglRC	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	600
OK504623.1:1413-2943	ACCTTTATCAACAGGAATCGCCACGCCGAGCATCTGTTGATTTAGCCATTTTTTCATT	440

Contig5	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	512
Contig2	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	508
Contig7	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	619
Contig6	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	492
Contig3	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	498
Contig4	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	501
ContiglRC	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	660
OK504623.1:1413-2943	ACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTCTGGGAGCCGTTAATTTTCATTACAACATAATCAA	500

Contig5	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	572
Contig2	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	568
Contig7	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	679
Contig6	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	552
Contig3	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	558
Contig4	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	561
ContiglRC	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	720
OK504623.1:1413-2943	TATACGAGCACCTGGGATGTCATTAGATCAAACCCCATTTATTTGTATGAGCTGTTGGAAT	560

Contig5	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	632
Contig2	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	628
Contig7	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	739
Contig6	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	612
Contig3	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	618
Contig4	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	621
ContiglRC	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	780
OK504623.1:1413-2943	CACTGCCCTCCTCCTATTATTATCTTTACCTGTTCTTGCGGGTGCAATCACAATATTACT	620

Contig5	AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT	692

Contig2 AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 688
Contig7 AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 799
Contig6 AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 672
Contig3 AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 678
Contig4 AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 681
ContiglRC AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 840
OK504623.1:1413-2943 AACAGATCGAAATCTGAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGGGTGATCCCATCTT 680

Contig5 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 752
Contig2 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 748
Contig7 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 859
Contig6 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 732
Contig3 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 738
Contig4 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 741
ContiglRC ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 900
OK504623.1:1413-2943 ATATCAACACTTATTTTGATTTTTTGGACATCCAGAAGTTTATATTCTAATTCTACCTGG 740

Contig5 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 812
Contig2 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 808
Contig7 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 919
Contig6 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 792
Contig3 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 798
Contig4 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 801
ContiglRC ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 960
OK504623.1:1413-2943 ATTTGGTATAATTTACATATTATTAGTCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAGCATTGGTAC 800

Contig5 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 872
Contig2 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 868
Contig7 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 979
Contig6 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 852
Contig3 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 858
Contig4 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 861
ContiglRC CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 1020
OK504623.1:1413-2943 CCTTGGTATAATTTATGCAATATTAGCTATCGGCTTACTAGGATTGTGCGTATGAGCCCA 860

Contig5 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 932
Contig2 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 928
Contig7 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 1039
Contig6 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 912
Contig3 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 918
Contig4 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 921
ContiglRC TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 1080
OK504623.1:1413-2943 TCATATATTTCACTGTAGGCATAGATGTAGACACCCGAGCTTACTTTACTTCAGCAACCAT 920

Contig5 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 992
Contig2 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 988
Contig7 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 1099
Contig6 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 972
Contig3 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 978
Contig4 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 981
ContiglRC AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 1140
OK504623.1:1413-2943 AATTATTGCCGTACCCACAGGAATTAAATTTTCAGTTGATTAGCTACCTTACACGGATC 980

Contig5 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1052
Contig2 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1048
Contig7 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1159
Contig6 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1032
Contig3 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1038
Contig4 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1041
ContiglRC TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1200
OK504623.1:1413-2943 TCAGTTATCATATAATCCATCTCTACTTTGATCATTAGGATTTGTATTTCTATTACAAAT 1040

Contig5	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1112
Contig2	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1108
Contig7	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1219
Contig6	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1092
Contig3	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1098
Contig4	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1101
ContiglRC	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1260
OK504623.1:1413-2943	TGGAGGCCTAACAGGAATTATCTTAGCAAACCTCATCAATTGATATTATCCTTCATGATAC	1100

Contig5	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1172
Contig2	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1168
Contig7	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1279
Contig6	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1152
Contig3	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1158
Contig4	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1161
ContiglRC	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1320
OK504623.1:1413-2943	TTACTACGTAGTAGCCCACTTTCATTATGTTCTATCTATGGGTGCAGTATTTGCTATCAT	1160

Contig5	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1232
Contig2	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1228
Contig7	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1339
Contig6	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1212
Contig3	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1218
Contig4	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1221
ContiglRC	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1380
OK504623.1:1413-2943	AGCAGGATTTATTCACTGATACCCTTTATTTACAGGATTAACAATAAACCCCAAATGATT	1220

Contig5	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1292
Contig2	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1288
Contig7	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1399
Contig6	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1272
Contig3	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1278
Contig4	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1281
ContiglRC	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1440
OK504623.1:1413-2943	AAAAATACAATTTATAGTAATATTCATCGGAGTAAACTTAACATTCTTCCCTCAACACTT	1280

Contig5	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1352
Contig2	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1348
Contig7	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1459
Contig6	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1332
Contig3	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1338
Contig4	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1341
ContiglRC	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1500
OK504623.1:1413-2943	CTTAGGATTAGCTGGAATACCACGTCGATATTCTGATTATCCAGACGCTTATACCTCATG	1340

Contig5	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1412
Contig2	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1408
Contig7	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1519
Contig6	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1392
Contig3	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1398
Contig4	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1401
ContiglRC	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1560
OK504623.1:1413-2943	AAATATTTTATCATCATTGGGTTCAACTATTTCAATTAATTGGAATTATTATACTAATTTT	1400

Contig5	CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAATTCCTTATTCCTCCATGAATTTAAATAG	1472
Contig2	CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAATTCCTTATTCCTCCATGAATTTAAATAG	1468
Contig7	CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAATTCCTTATTCCTCCATGAATTTAAATAG	1579
Contig6	CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAATTCCTTATTCCTCCATGAATTTAAATAG	1452
Contig3	CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAATTCCTTATTCCTCCATGAATTTAAATAG	1458

Contig4 CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAAATTCTTATTCCCCATGAATTTAAATAG 1461
ContiglRC CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAAATTCTTATTCCCCATGAATTTAAATAG 1620
OK504623.1:1413-2943 CATTATATGAGAAAGAATAATTTCTCACCAGAAAATTCTTATTCCCCATGAATTTAAATAG 1460

Contig5 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1532
Contig2 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1528
Contig7 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1639
Contig6 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1512
Contig3 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1518
Contig4 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1521
ContiglRC ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1680
OK504623.1:1413-2943 ATCACTAGAATGATACCAAAATTTACCTCCCGCAGAACTCATACTCAGAACTACCAAT 1520

Contig5 TCTTTCTAATTAAAA----- 1547
Contig2 TCTTTCTAATTAAAAA----- 1545
Contig7 TCTTTCTAATTAAAAA----- 1660
Contig6 TCTTTCTAATTAAAAATTGGAATATTAAAGTTTGAATGAGCATTTCATTCATGCAAGAT 1572
Contig3 TCTTTCTAATTACTAATATGGCAGAAAAGTGCAATGAATTAAAGCTTCATTAATAAAGGA 1578
Contig4 TCTTTCTAATTAAAAAGCCTCTTCCTCTTCTTCTGTCAACTTGGCAGTCTTCTTGCGAC 1581
ContiglRC TCTTTCTAATTACTAATATGGCAGAAAAGTGCAATGAATTAAAGCTTCATTAATAAAG-- 1738
OK504623.1:1413-2943 TCTTTCTAATT----- 1531

Contig5 ----- 1547
Contig2 ----- 1545
Contig7 ----- 1660
Contig6 CTTTGTCT---TCTCTGTCAAGCTTGATAAAAGATACTCAGCCCTTGTACTAAAAATGTTA 1629
Contig3 ATCCTTTT--TTTAGTATATGGCTACAT-----GATCCAATTTAA--ATTTACAA 1624
Contig4 CCAGAGGTAGAGCATAATGTGCCTCATACCACTGTCTG--GAAGGGAAGTGC--ATCAATAA 1638
ContiglRC GAATCCTTTTTTTAGTATATGGCTAC-----AT--GATCCAATTTAA--ATTTAC-- 1784
OK504623.1:1413-2943 ----- 1531

Contig5 ----- 1547
Contig2 ----- 1545
Contig7 ----- 1660
Contig6 CATTTTCGCACTCTTTGAAGGGTGAGTAAAG----- 1660
Contig3 AATAGATCATCTCCTCTAATAGAAC----- 1649
Contig4 CAACAATGGCATTTTTCACAAGAGTCTTGGTTCTCACCAATT 1680
ContiglRC ----- 1784
OK504623.1:1413-2943 ----- 1531