

**** * * * * *

Ag1-10 --CGTCGATTTAGTCTCAACCCACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GA-AFTTA-----ATTAATAACAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGGGCAATTG--TAAACAGCGG---- 109
Ag2-10 --CGTCGATTTAGTCTCAACCCACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GA-AFTTA-----ATTAATAACAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGGGCAATTGTTAAACAGCGG---- 109
DmAn-10 --CATCAGTT--FGCTCCACCTACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--TAACTAGC-----TTAAGGCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGTCAAA--ATCCATCGAAAA-- 110
Dp-10 --TCATCAGTT--FGCTCCACCTACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--TAACTAGC-----TTAAGGCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGTCAAA--GTAACAAGAAAA-- 110
Bm-10 --CATTAATAGTCCCTCAACCTACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAGTGA-----GCGCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGTGCACCGCAACAATC-- 105
Tc-10 --TCACGTTAATGCTCAACCTACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAATCAG-----GCGCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGGGCAATCATCTGCAACGGT-- 105
Am-10 --GCCAGTAAATGCTCAACCTACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATTAAGAG-----GCGCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TGTGGGGCAATCATCTGCAACGGT-- 53
Ac-10 --AGAAAACCTGCTCAATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAA--GTC-----ACACGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ATAA--AAAACGCAAGGTC-- 110
Ps-10 --GAAAACATGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAAC--GAC-----AAGCGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTAG-ATAA--ATAACGTACCGTC-- 110
TrBb-10 --GATGACCTGCTCATCTATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAAC--GAC-----AGA--CGT--GCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ATG--ACCTTCAACCGGAG-- 110
Sn1-10 --TGATGACCTGCTCATCTATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAAAATCAITTA-----GAC-----AGA--AG--TCAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACG--ACCTTCAACCGGAG-- 103
TnBb-10 --TGGTCACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAAC--GAC-----GGA--AGCT--GCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ATG--ACCTTCAACCGGAG-- 110
DrBa-10 --AAGAAAACCTGCTCATCTATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAAC--GAC-----GCA--CACT--GCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ATG--ATAAGCTACATTC-- 110
TrBa-10 --AGAGCCACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----GAG-----AAGCAATCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ATTT--ATAACGACGGCAG-- 113
TnBa-10 --AGAGCCACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----AAGCAATCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ATTT--ATAACGACGGCAG-- 113
MmB-10 --GACCTGCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
RnB-10 --GACCTGCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
Cf-10 --GATCTAATCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
Ss1-10 --GATCTAATCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
HfB-10 --GATCTGCTGCTCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
Bt1-10 --GATCTGCTGCTCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
HsB-10 --GATCTGCTGCTCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
Ptl-10 --GATCTGCTGCTCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
Ph1-10 --GATCTGCTGCTCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--AAGGAAATTT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCTCCGCTCA-- 110
DrBb-10 --ATGATGCTGCTCATCTATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAAT-----TACAGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAT--AAAACCAACCGCAAT-- 106
HfB-10 --AATAAGCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GCAAAAGT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAC--AAAACGTCGCAAT-- 110
LmB-10 --GATGGAATACCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAACAGAT-----TGTGGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAC--AAAACCTACAGTAT-- 112
XtB-10 --GATTTGCCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAGCCGAA-----CATAT--CAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATA-GTTG-ACAC--AAAACGTCAGAAA-- 109
Fc2-10 --GGTAGTAACCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCAC-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
Ss2-10 --GGTAGTAACCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCAC-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
Bt2-10 --GGCAGTGACCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCAT-----GATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TANN-GTNNAGTGC--AAAAACTTCACTTT-- 110
HsD-10 --GGTGTAACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCGT-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
Pt2-10 --GGTGTAACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCGT-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
Ph2-10 --GGTGTAACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCAT-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
MmD-10 --GGTGTAACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCAC-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
RnD-10 --AGTGTAACTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGTATCCAC-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCACTTT-- 109
GgD-10 --CGTATTACCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATATCAT-----ATAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTCA-- 105
XtD-10 --TATTAACAAGCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GGT--TCGT-----ACAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAATCTTCGATTT-- 107
TrDa-10 --CCACTTCCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATGGCTC-----AAAATCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAATCTTCGATTT-- 109
TnDa-10 --GCTCTTCCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATCAAGTC-----ACAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTTCGATTT-- 109
Ga2-10 --GCACTTCCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATGATACC-----ATAATCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAAACTTTCGATTT-- 111
TrDb-10 --AGGTGGAATGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GCAGCTGAC-----TTGATCACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--ATAATCACTGATGAAA-- 109
TnDb-10 --GAGGTGC--TCGTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GCAGCTGAC-----TTGATCACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--ATAATCACTGATGAAA-- 109
Sn2-10 --AGGTGGAACCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GCAGCTGAC-----TTGATCACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--ATAATCACTGATGAAA-- 109
DrD-10 --ATATAGCCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAAATAA-----ACATTCAGAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--ATAATCTTCGAAAA-- 109
HfD-10 --TTGTAACCCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATGTT--TC-----GG--TCAGAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--CAACACTACGAAAA-- 106
LmD-10 --GATTTGTCCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GATGTTATC-----AGAAATCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--CAAAAATTCGAGTTT-- 111
LmC-10 --AATTAACAGCTGCTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAGCTTCG-----ATAATCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--AAAGAGTCTCTG-- 110
XtC-10 --TATCAAGAGGCGCTTATGCAACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAGTTC-------GAACCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--CAACACTACAGATCTCTC-- 106
TrCa-10 --AACACGTTAGTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAGTTCAG-----ACAGTCCAGTACGTTCTACAGGAAATCAATG--GGCA-ACGT--CAAAAACACAGCAG-- 109
TnCa-10 --TACACGTTAGTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAGTTCAG-----ACAGTCCAGTACGTTCTACAGGAAATCAATG--GGCA-ACGT--AAAAACACAGCAG-- 109
Gal-10 --CACGCAATAGTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAAAATCAA-----ACAGTCCGAAATAGTCTCTACAGGAAATCAATG--GGCG-ACGT--AAAACACAGCAG-- 109
DrCa-10 --CTGTCAATAGTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--CCAAAAATC-----AAAATCGCAAAAATAGTCTCTACAGGAAATCAATG--GGCG-ACGT--AAAACACAGCAG-- 110
Bf-10 --GCTAATGTTCAATAGTCTCTGATATAATACCCCTGAGAACCGAAATTGGTT--GAGGTACCCA-----AGTCAAAAATCGGTCTAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--ACAGGAT-- 109
Sp ----ACTTTTGGGCTTACCAACCCCTGAGAACCGAAATTGGTTCCGAGTTTCGCCCCTGGTAGTCAACAGATCGATTCAGAGAGGTT--TATG-GTGC-ATGC--CACTAACCAGGACTTACAACTGCTGGATG-- 118
ruler 1.....10.....20.....30.....40.....50.....60.....70.....80.....90.....100.....110.....120.....