

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
			TCTGGGAGGGATCACCATTGCCCTTCTCTTTCTAAGCTGTCA TTCTTAATGGTGCCTCGTCATTACAGTACTGCTGGTGACGC CACTCATTGATTTC AAGTGGATAAACAGAAACAGCTACTAC
PseA _{AC2}	100,256	140	CGAGAAGATGAAAGG
PseA _{AC1}	97,071	16	CTGTCCTTTTGGCGCC
PseA _{AC6}	64,905	27	TTTTGTAAGGAAGCTGTAAGGAATGAA
PseA _{AC7}	55,564	39	TTTAAACAAAAACATTTAAAATGTGCAGGACATATAGA
PseA _{AC12}	4,958	41	ATATTTTCTATTGTTTGGCATGTCATGATACTAGAATTTAA
PseA _{AC13}	4,536	12	ATGGATAAATGT
PseA _{AC17}	3,796	23	TAAATTC AAGAACAATTCCCAT
			CAATAAACAGTTGGTAAAACCTTGTGCTTAAATATTGCAAAT ACAAATCTCAAACGTATCTTAGCATACTATATTTTGGCTGTA AGCAATTCCTCATGTTGAGCTAACATAAACAGTTATTCCAAT
PseA _{AC19}	2,233	155	TTAATTTCAAAGTATAATCACGGCAATGA
PseA _{AC22}	55,617	16	TATTATATTATCTTTT
PseA _{AC25}	6,478	13	CATCTAGTGGGAA
PseA _{AC30_{ab}}	1,561	35	TGGCTAGACTGCAACTTCAACTTGACCTTGGCCT
			CTTTGCATATCACGTGGCTTGCCTCAGCCAATGATTTCTTCT CCCTAATGTACACAGGCGCTCAGTGTGGTAAGTCCCTGA GATTCAGTATCTCTTTTTTTCAGTCTTGAGGCTTTTTAAAAAG
PseA _{AC31_{abcdef}}	153	147	AGCCAGAAGTCTCAATGTTGGA TTAAACCTTGACCTTGAATGAAAAAGAGCCTTTGACCTTG ACTGTAATAGTAGTTAATGAATAGACATAGCAGGGATTGTT GAAGCAAGCTTGCCACCT
PseA _{CE43_{ab}}	8,641	100	AATAAGAAATGAAATGAA
PseA _{CE44}	4,335	18	AGTGTATTGAAGTAACAAAAATGTAA
PseA _{CE45}	3,752	26	ATAAACAACTATGAAATTATTA
PseA _{CE55}	2,656	24	TTTTTAAGAAATGATTAATTAATTGATTTTATTTCATTTT
PseA _{CE56}	2,400	41	AAGCTGAAGTTGATTGCCAAAAGTGAATAAAACCGCAGGT CAGTCCAGTCTGTTTTTGGGTTTTGTTGCAGCCCTGTGTT AATTATGGCTTGAAAGCAAGAATACAAGTGAAGAATGTGT TTGCAGTCAAAAGAGGCGG
PseA _{CE57_{abc}}	1,892	144	TGTCATTTCTGCATCTGGTCACATGACCCGCACCTCCCTGT AATGGATGGAGATGGATCTCCACGTCAGCTTACGTCTCCAA ATTTTTACTCCGCGGATCTGCTTCAAAGAG
PseA _{CE60_{abd}}	176	113	TTGAACTTCAATATTCCTATGAACATCACCTATAACCTTG
PseA _{EF62}	3,875	40	GATTTCTCCAACACTACAGAATGAGAT
PseA _{EF63}	5,604	25	ATGGAAACACATGTATCAATGTAAAATATTG
PseA _{EF64}	4,293	31	CCTAATTACAACACATCCTCCGTGTTGCTGTGGCAACTGGT CATAAAAACGTCTGAGTCTGGTGCATTTGTAGAATTGGAG AGCCTGCAATAAAAATGTCTGAGACCAAGTTAT
PseA _{EF65_{bc}}	3,532	116	CCACTGGGTGGCAGTCTTTAGATCAATGTCA
PseA _{EF66}	3,271	31	

			GCACAGTGAAAAGCTGTTACATGTAAATAATAATAATAAT
PseA _{EF} 67	1,257	47	AATAAT
PseA _{EF} 68	936	15	AAAGTAACAACAAAA
PseA _{EF} 74	1,110	19	CACTGAACTCTTCAGTTAT
			GGGAGGAGCTGCTGCTTCGTCGCCGTTTTCATTGGCCCTCCG
			CTTCTACCGTGCAGTGGGGTATCTGTAATGATATTCAGCAT
			GTTTTGCACAAGAAATGTCAGCCAGAAAGGGCTATCTTCTT
PseA _{EF} 75 _{acde}	149	136	CCTTCGCCAAA
PseA _{FG} 76	3,390	12	AGTTTTATGACT
			ATCTATTTAAATATTACCTAGGCAGTCGTAATTTGCTAGGC
			CATATAGCAATGGTGCTGTAAGGTTTGTCTCCTTTTGTAAAG
			TTTTATGACTTGCTAGTATATCTAGACTATTGCTGTCTTGGG
PseA _{FG} 78 _{ab}	3,472	144	CGAGTGGTTTCTGTGAG
			AGGTAGTTTCATGTTGTTGGGGCTCCATTTTCAATCCCTACA
PseA _{FG} 79 _{bde}	2,848	71	ACACGAAAGTGCCTTAATTGCTCCAGTTA
PseA _{FG} 80	1,633	28	AAGCAGGGTGTAGGGCACCGATATTTTG
PseA _{FG} 83	1,392	22	AAGAATTGAAATCCATAATTT
PseA _{FG} 84	1,260	23	ATATTTTTATATTAATAGCACT
			CATAAAATCATATGGCTTTACAATAAAAAATTATGACTGAA
			AAATGCTGACCCCATTTTTACTGGTTTGGCGACTGATTTAT
			ATTTTATTGTTCTGCTTGGCGATCACGTGTTCTGCACCAGCC
			AATCCGAATGCAGACGCTTTTAACTTATTAGGTGTCTGTAG
PseA _{FG} 92 _{abcdf}	254	209	TTCTTTGTGAAGCGAACTTGCTACTTGATTGTACAGTTTCAT
PseA _{GI} 94	3,806	20	ACTACCTTTATGGCTGCACA
PseA _{GI} 100	3,592	25	GTA AACCGCAAGTTCTGTGAGTATT
PseA _{GI} 101	2,865	37	AATATTATCTCATACGTAAATCATATTCAGGTTTCAT
PseA _{GI} 102	1,725	39	TGCTGTATATGCAGTAGCTTTGTTAGATCCACTAAATAA
			ACGCCCTCTGTTGCAGATGGAAGAAACATCAAAGACTTGTC
			CAGGGATTGTGCCATAAAACGAAGGGTCTGACAAACTGTCT
			GGAATCTGACTTTTAAATGAGTTTACAACGTGCAGCTACAAT
			TAAGTTGTTTTTCAGGAAAGACCATCCGTTTGTCTGCTTTTTG
PseA _{GI} 103 _{abcde}	1,952	207	GTGTTTAAACAAAAGGCCAGCGAAATGCGAGTTTTTATTG
			AGTATATTTGCTGCCTAACTGGCTAACAAATTACCACCAAT
PseA _{GI} 108	944	44	AAT
PseA _{GI} 109	461	13	TGGCAATTCATCT
PseA _{IJ} 112	4,935	24	TATATTTTTGTTCGGTTGTTAATG
			TTAATGTTTTAAGTTGTTTTTAGAAATAAACATGCCACTGTA
PseA _{IJ} 113	4,041	55	AATGTGTAATTTT
			ATGGCGCTATCTGTGACCTGCCCTCGGAGAGAAGGAAAA
			GGCCATAAATCCGTTGTTGTTTATGAAAAATTACAACCTTTC
			AATACAACCTTACGAGTTGTTCCGGTATTTCCATTGGCCACTC
			TGGTCATGTGGATTGTAACCATGAACATGAACCTTTTTTATA
PseA _{IJ} 119 _{abcd}	3,100	189	ATATCCCTATCGAGAATAGAGC
PseA _{IJ} 121	1,266	15	TTTTTATGTTAATTT
PseA _{IJ} 128	1,680	23	ATTTTTGAGGTGAAAGTTTTAAA

PseA _{IJ} 130 _a	140	60	GATCAGCTGGTTATATTTGCTGCTGTCCTTCTTGGCGTTTAG CCATCTAGAAAACAAACCA
PseA _{JK} 131	1,077	63	CAATATGCCCACTTGATAATTAATTAAGTAGAGCTCCTAAA CAATTAACACAATTTTTGTGTTA
PseA _{JK} 132 _{ac}	328	292	TGGCGCACGATGACAAGGCAAATAGAATTTGAAGCAGGGG CGCCTCTCCAGCGCGCTTCACTTGTTTCAGGCATCCACCCA GTTTTTTTCTGTTTGTGCACGAGTTTACCTCTGGAGGTCATC AAGCAGGATTTACGACTGGACAACAAAAGCACGTGATCCTT AGCCGTACCCCATATTTGGGTGCCTACGTAGGAGGGAACCA AGTACATGTCCAGTCATTTCCATAATTCATCATAAATTGTG CAGGGGTGCTATAGACGCACAAAACGACTAAGAGCCACAA ATCAA
PseA _{KL} 133	6,532	50	AATAGCTCCAAGCCACCAGAAAAGAAACAAACATTGTTTTAA AACTACCTA
PseA _{KL} 134	6,356	72	GTGCCTTGTATGACTTTTTGCACGAACTCCAATAAGTTGCT CTTAAAAGCGCAACTTCATTGATGTATGTT
PseA _{KL} 135	5,900	31	ATTTTCAGCCTTTGTCTAACAAATTTTACTT
PseA _{KL} 136 _{ac}	5,599	207	AAACTTTATTAGCCTCAGTTCGGCTATATGACATTTGGGTG CCAAATGAATAGGGTTTTGTCTATGAATTAGATCGTAAAATC ATCCATAGAAGAAGCAGATAGGCTTACTGGCTATAAAAAGT CACGTGATGCCATTAAGTAAAGTTTTATGGTTTTGGGGAGTT GACATCCAACACTATATTCCACATAACATAATAGCACTGA AAGATAAATCTGCACACACTCGGAGTACCAGCAGAGCTCG CTTTAGGCCAAGTTC
PseA _{KL} 140 _{bcd}	4,268	56	CTTTAGGCCAAGTTC
PseA _{KL} 142	3,911	30	TTAAGAAAGTAGACAAGATGTTTTAAAAAT
PseA _{KL} 143 _{bc}	3,707	56	ACAAAAGATTAAACAACCTTGCATCATTAGATATCTCTCTG GACTCGAGGTGAAC
PseA _{KL} 144	3,034	36	TAGCTATATCCTGGGTAAGAAAACAAACTGATTTGT TCCAAGGCCGAGGTGAACCTCAGGTCCTGCGTCTCACAAA TATGAAAATGTCGCCTCCTGAATGACACGCCTTGTATTGAA CAAAGACTGTCAATGCTTAAGATTAATAAGAAAACAAAATGC ACAAGGTGTC
PseA _{KL} 149 _{bc}	2,084	135	CCATTGGCGCGTATGCTTACACTGTTGGCAGCTTGTTTTTCTG TGATTGGTAGAGAAGGGCACGTGATTATACAACCTTCTACA TTTGACAGTGAATGGGAGGGCTTTACTTGGAGCAGAAAAAA AGACAAAGAGAGAAAAATTAGTATTTGCCTCCACAAATTA AACATTACCTTATTCTATTTACTGGATGTAAACAAAATATA AAATAAAAC
PseA _{KL} 157 _{abc}	165	165	AAATAAAAC
PseA _{LM} 159	7,636	51	CAAACAGAGGACAGTTTTTCACTTCA
PseA _{LM} 170	10,595	26	GTTTGAGTCTAGAGCACGCCTTAATTCAATAGCGGTTTGAA GAGGCAAGTATAGTGAGTATAGTAATGAACCTACCGTTAG GGGTTTCCCTTGCAAGAATGATCTCTCGTCGGAAAAATATGTTA CGTTTAAAGACTGTGTTACAAATATGCACAGAATAAAACCCA GATTTAATGCCAAATAAACAACTATTAACATGAGATGCA TGCGTATATTGCGTATGAAGGTATAGAACATCCAGCTTACCT CCAAACCTTCAAATTTCTCGGATGTGGCTGTATTAAGAA AGACTGGTGGGATTTCTTATATAGGTTTTGCATTTAA TTAATGATTCACAAATTCAAATAAAAAGGATTTAAGTTGACG TATGACCACGTGAGC
PseA _{LM} 171	5,653	326	
PseA _{LM} 172	5,260	56	

PseA _{LM} 176	5,876	42	C TTAGAAACCCATAATTGCAAGCCGCGAGCCTATAGGAAATG AAATAAAAGGATTTAAGTTGACGTATGACCACGTGAGCGCA
PseA _{LM} 179 _{abc}	5,111	70	TAATACAACGCATTATTGTGGCATTGGGA ATGGATTTAATATTTTGAGGTTCTTCTTTGATTTTCGCTTT
PseA _{LM} 181 _{bd}	4,986	58	TGATGTTAGTTATTG ATATAAAATTGCATCCCAGAGTGAGTCCAGCTTTGAAAAGGG
PseA _{LM} 180	4,313	68	TCATAATGCTGAGATTTGATTTATGTT
PseA _{LM} 189	3,359	14	GGATTTGTTTTTC GCATAATTTTTCTGTCTACAGTGACGCTGTTTCGGGGGAGT TCACACAGTGCCTGTACAAGACTTCTTGAGTGAGACTGTCTT TTAAACAGAAGCTGTATGTTTAAATTCATACGATACATACC CATTTGTTTGCCATTAGATAAGTGCGGACCTGAGGGCTGAT
PseA _{LM} 193 _{bcd}	2,573	178	AGTCTTATCT ATCGATTTTGCTGCTGAATGAGAAAATATTATGTCGTGTTCT GCATTTGTCGTCAGAGGCTAAGGTAAGCAGGCCAGAAAATAG GCTATCAGTTGTAATGGCGGAGTTTATGTCCAGTGATTTA TGACCATATGACTTAAATCTCGGTTCAAGAAGAGTTCACAA GCTAGAGGCTTCTTTCAAACACAGAATGATAC
PseA _{LM} 194 _{abcde}	2,216	198	
PseA _{LM} 195	1,039	26	TGATTTGCTTGCTCAGTAAACATTAA TGACCCCTATACATCAAATCTGAGCAATTTTAAAGACAGAT ACCATTATTGCTAAAGGTTGGAAGAAAAGTTCAAACGTGGG
PseA _{LM} 198 _{ab}	955	105	TCATGGAGATGAAGACTGTTTTT AAAGTTCAAACGTGGTCATGGAGATGAAGACTGTTTTTCTT
PseA _{LM} 196	889	70	TCTTCTTTCTTTCTTTCTTTCTTTCTT TGTCAGTTGCCTATTCAAAAGTAAGATGGATCTGTCTGTTGC CTTATAACAGTCTGGTTGTTTTAACCTAGGTCTGTTCCAGG TAGCCATTGGTGGAGAGGAGTCACGTGACAGAGGGGTGCCA ATGTTATCCATAAGGGTGTCAAGACCCTGTCAGTTTATGAA
PseA _{LM} 199 _{bcd}	189	183	ATAAATATTGGGAAAC
PseA _{MN} 200	3,484	34	CATTCCATGCTGCTCCGGTTTTTCAGAAATAAATA AGAAGCTGTAAATGTGTTCTTAAGGCTAGAAGCTGTCAGAC CGTTTGCAAACAAGATTGATAGCACACATGCTTCCTTGCT
PseA _{MN} 204 _{abcd}	1,532	91	GCTTTGTTT
PseA _{MN} 205	1,273	22	AAAATATTTACAGAAATGTTT
PseA _{MN} 206	1,215	33	CCACAATCTAATCACGTACACTTTATCCAAAAT
PseA _{MN} 207	954	18	GTATTTTTGATTAATCAA TTCTCCTTGTTGTAAATCCTTAAGTAGTTGATATCTAGAGT TCCTTGTTGCAAACTTTGAAGATTAATGGATTACTTTGTTA ATGACTCCAGGCGTCAGATTTAGGTTACTGGAATGATTTGTG
PseA _{MN} 210 _{ab}	594	126	A GAGGCGTTCCACAGCGAGTTTTTTGGATCAATCACGCAGACA GTGCCCTCTTTTGATTAAGCCCAAATTGTCATTGGGCAGAA GTAATCATGTGACAACCAATTCGGTCCAATTTCAACCTTGTC TCCATGAATTCAATAGTTTAAATAGTAGCGCGGTCCCCATAC
PseA _{MN} 211 _{bcdef}	290	178	GGCTGTAATCAG
PseA _{NO} 212	4,226	16	TACAATTTGTTTGCTA
PseA _{NO} 213	3,553	20	AAAATATGAAATAGAAAGTA

			AGAAAACAAATTAAAGTATAAGTTACAGTTTTTCGAGATTTA
			AAAAGTGGTCAACATTTTTCTGAATAATTTAATCAGTTTTGA
			TTGACTGTGAATTAATATGTAAAACAATAAAATTATTATGCT
			TAATGGTTCGTAAGATAAATCGAACGGCAATTTCCAAGCG
			ATTTGTTAATATAATGCAAATCGCGTTCTAAATATGTTATCA
PseA _{No} 214	2,881	219	GTTTAGCATT
PseA _{No} 222	237	36	GCGTCACCTTGATACAACAGAGCGTGGAATTTAAAT