

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
OlaBA _{AC} 3	4,855	21	AATTAATATTTTTTCAGTGCT
OlaBA _{CG} 5	25,610	37	AACCAGTAACTGAACTATATATAAGTCATAATAAATT
OlaBA _{CG} 6	19,300	16	AGAATAGTATTTAACA
			AAAAACATTTTCAGTTTGATGCAAAGAATTTTTGCAAATAAAAT TTTTCTATACTTTTTTGCCTCTAACCCAAAAGTATGTAATAATT AAAAAAAAAATAAAAAATTTTGCTTCACTGGATTTAGCCATTT TTGTGAGCATCAGCTGTGCAGCACAGCCTCGTTGTCTTTGTTG
OlaBA _{CG} 7	9,969	199	GAGCTTATTGTTGTGCTCCTTGCCTG
OlaBA _{CG} 12	8,237	23	GTTAGTTAGACCTCTGCATTCAG
			AATTAACGCGCTCTCTGGTTAGCAGCGAACCCAGCAGGGCGG AGGCCCCGAAAAATTAATAATCCCCGAGCTTTGCGGTCTG
OlaBA _{CG} 13	1,565	82	
OlaBA _{CG} 14	1,260	26	AAAGCGGGTTTTTTTTTCTTTTTTTC AGCAAAGCAGAAGAAAAGAAGAAAAGAGTGACGTAAATCTC ATAATGTCCCTCTTCTCTGCTTTAACAACTCGCGGCTGCAC
OlaBA _{CG} 15	101	101	GCGGATAATGTCCGAGA
OlaBA _{CG} 16	4,219	23	GTTTCAACATTTTTGTTTTTGT
OlaBA _{CG} 18	10,345	27	TTTGTGAGTGAGCACAGGGGATCAGT
OlaBA _{CG} 21	3,582	15	TGATCTCTCATATT CTGTTTTCCCTTTGTTGATGTTCTCGCTTATTATGCATTGGAT
OlaBA _{CG} 30	19,382	47	AAA AGAAAGAAACAGCATTTCTTTTCTTTCTTATTGAAGCACTTC
OlaBA _{GH} 39	9,226	63	CTTTATTGGTTATTATTG
OlaBA _{GH} 40	5,500	29	TGTAATAGCCTATAAATATAGAGAGAAAA
OlaBA _{GH} 42	7,066	26	ATGAAAGAGGATTCCAAACATGCAGA
OlaBA _{GH} 43	8,371	15	TCTTCCGTTTCTCAC
			GCAATAAAGAATATGACGGCAATAAAAAGTTTATAGCGTATA AATTTCTGAAGGTTAAGAATAAACGGCTGTAAAGCAAACA
OlaBA _{GH} 45	3,377	83	
			AACATGCAGTCGGATTATTTTGATTTTTCAAATTCAAGATACTT CCAATTTCCAAAATACCAGATTTTCTTTGTTTTGCGTGCGTAA AAGTGTGTTGTGGTCACGGGTCCAAGTTTTAGTGCCGAGTT AGACTTAAACAATTGCCCTGCAGTAGACCAAATTCTCCAGGCC ATAATCTGGAACGGAACGCAAGAAACACTTATGTTTGGGTAG GATATGGTCCCATCCATGTTTATTGGATGAGAAACAAAACATG TGTGTATATGTTCAAAAATGCAACAATTTATGCGTTAAAACAA
OlaBA _{GH} 48	1,753	318	TAAATTATGTAACT
			CGCTGTGGTTTGCTCTGGCTGCTCACCGTCTGCTTTAGCAGCC GGCAGCCGCGCGCTGTTGTGGCTGTGAGGGGAAAACACCACA ACGACGGTCAACGACACCGGCGGTAGACCTGCATTGCCTGCC ATCCCCACCCGCTTGGTCTCTGTGTGTTATTAGGCTGCTGCC
OlaBA _{GH} 53	235	212	ACAAAAAACAACAACACACACCTGAAAGCCACTCTGACTC
OlaBA _{HJ} 54	9,435	31	AAAAGACAAAAACATGACAAACGTCATCAG
OlaBA _{HJ} 57	24,265	37	ATTTCTAAGACGTGCGTCAGACGACTTTGTAAAACCTG
OlaBA _{HJ} 60 _{ab}	28,111	24	CAACATGAAACTGCCTATTTATGC

			ATGAAGAAATGTAATAAAATTCCTTGTGTTTTATGAAAATTTA CAACTTTGTGATACAAGTTTATGAGTGGCCGCGCGTGGGGATT GGACGAGGGGTTGGTCATGTGGACGCGCTAACGTGAACATG
OlaBA _{HJ} 65 _{bc}	6,481	146	AACTTTTTATGATTTCCC CCAATCTGCGATAAACTAAGTGATAGCAGCAGTCGGACTGTC
OlaBA _{HJ} 70 _{ab}	256	66	GACTATAAAGCACAACAAATCATA CTGAAATGCATCCCGAGCCGGGAAATCAACAAATCATAAATC
OlaBA _{JK} 75	1,118	45	AGC TTTATGGCTTCTGGTCTCGGGCTTCTAATTTCCAGCCTCAGCAA
OlaBA _{JK} 76	676	71	AGGTCAATTAACAGGCCTGAGTGATGA TGACATTTACATGTCAAACAGATGAGGGGTTTTATCTCCGCGT CGGATCGTAAAGACCAGGCCGAGCCTCAGACTGACACATCTC ACTGGCTCTCCTCTGGTCACGTGTGGTCCATAAAGTTAGTTTT ATGGTTTTGGGGAGTTGACATTGTAATATATATTTTACATTTCTA GAAAGCAAGTGACGGTTTAAAC
OlaBA _{KL} 87 _{bcd}	10,515	193	CATTTTGTTTTTCA
OlaBA _{KL} 96	8,524	14	CAGAGCCCCTTCAGACCA
OlaBA _{KL} 91	6,950	19	GGTGAAGTGGAGGTCAGCGCTCTCACCGACATTAATAATGTG CACAGGGGAACGCGGGTGACACGCCTCGCCTGTTAAACAAA GAGTGTGCCAAAGTCGCAGATTAATTTGAAAAC
OlaBA _{KL} 102 _b	4,567	118	AACATTTGGGCATTTATTG TCTATATCTACCCTGTAGATCCGGATTTGTGTGACGGTCGATG
OlaBA _{KL} 103	1,050	19	AAACAATCACAAATTCGCTTCTAGGGGA
OlaBA _{KL} 104 _{abcd}	1,310	71	GTGATTTAGGAGGCCGTGCGCCAGAATCACTTGATGAATTTT CTATCGATCCTAAACAAGCCAGATTCATCTCTG
OlaBA _{KL} 105 _{ac}	682	76	ACACAAAGAAGTGGGTTTTTTGCGGCTTTTGCACACAGAATGC GCTCTGGCGCACAGGCAGGAGGGCGCGATGATGCGTCCGTCA CGGCCTTGAGTGATCGCGGTACATTACGCGCAGTAATCTTGTT TTAAATCACAAAGCCTTCCCCCGTTTCACTCCCGTTCTCCCGTT AATTTAACGGCAGCTCAG ATAGCTCAAACGTTGACAACCAATAGATAATCAACAAGACG AATGGCTTCTTTTGTGACGCGGGTCCCGTATTAATTCTCATT TTCTTTTCTGAGAGCAGG
OlaBA _{LM} 109	26,025	190	CTGACGTGGAAAATTCAACTGTCCTT TTATTTAAATATAAAACAAAACGTAATAT
OlaBA _{LM} 113 _{bc}	256,339	104	TGTAATGTTTCATTAATTTAAATG
OlaBA _{LM} 118 _b	18,643	26	GATGTGTAAGATGAGAACCAGAATCAATAAGAGCTCATATCG CTCCACTCAGCCTCCATCCTCTCTGCTGCTTTTTGCTTTTATT CCGGGAATAATCCAGGTCAGCAGTACCTGTCAGCGGCTGCTC CTGTCCCAACCTTCGATTAGACTACAAGAGGTTGGTGCTCC CTATCTGATTTTTCAGCCCCTGCATCTTTCTTCCCTTTCTTTTCC
OlaBA _{LM} 119	11,949	29	GCATTTTATC
OlaBA _{LM} 120	7,000	24	ACTCGTGTAAATGTA
OlaBA _{LM} 121	5,846	227	GGAGAACC GCGGGGACGATCAGGAGGAGGACGGCTGATCAC AGAAAATGCGATGGGGTAACGGTTCCGTCTGGATCTTTGTCTG AGATTCTCGCCCCGATGGCTGCCGGCAGAGCCGCTCAAGCC AGAGAAATTCGAGGCCATTGTTATCAGCCAGCAGCGGCTGCA GCCAGAGCTGGTGTGCGGGCGGAGGTTGAGGTGAGGG
OlaBA _{LM} 122	5,232	14	
OlaBA _{LM} 123	3,199	207	

			CCGTTTCATGCCGCAGGGAGTCCGGCGCGCCGCCCGGTCTG CTGCTGCTGCGGCTCCAGGAGGGGTGGTGTCTGTCTGTCTGCT
OlaBA _{LM} 124	2,850	107	GGTGGTCGCCAGCAGCCGTGCT
OlaBA _{LM} 125	2,564	24	CCACCGGTGCTGAGGAAGGTAAGG
			TTAATGGCTTTTCTGTCTCTCCACCTGCAAAGCTCCTCAT GGCAGGGGCCATTTGTAATTTTATATCCCGGGATAAATCGCAG AGTGGACACCAAGGCCGAGCTCGTCCCCCTCCCTGCCTCC CTTCTCTCTGTGTGTTGTTGTTGGGCGGCCGTCTCTGTACC GGCTGTGTGAGTCGATTATTCAGGGAGGCGTCTAGTAAAGTT GGTGATTGTATTAAGCTGTAGTCCTACATGCAAGGGGCAGGG CATTACGCGTCGCGTTAATGGCGAAACAGCGTTATGATTTAA TAACATATTCTCCACTCCCGCCGCTCGTCTCCCTCCCGCT CCCTCTCTGTCTCTCTCTGGACTATTCCTCAGAGTAAAT AATTAGGATTCCAGCTTGTCTACGAGAAAGATAAATGGCTGAC
OlaBA _{LM} 126	2,068	442	ATGTGTGACG CTATTTCATGTCACGGAGCCTTTCAGGGGAGGAAGATGGATTTA ACTCTGTCATTTCTTTATTCTGTCTCTTAACCTTTAAGGTCAG ATTGCAGGGGACCGTTGAAAGACACCGTCACGTGACCTCCG
OlaBA _{LM} 127	203	146	GTACCAAATGGTCTTCC
OlaBA _{LM} 128	12,880	22	TCCTCTGCCTACCTGCAGCCT
OlaBA _{LM} 135	204	41	CCTATTCATGTCACGGAGCCTTTCAGGGGAGGAAGATGGAT
OlaBA _{MN} 136	9,069	20	AATCAAGAGCTATCTTTTCT
			AGCTCTCTGCCTGGTAGATGAAATAGTTGAGATTTAATGGG CAGTTAAGGAGGTGGTTGTATTTATTATGCCGGGTTTTCTCCCC CTGCAGGCAACACATGTTGTTGTCAGCAGAGCTGAGCTGTGTG CTGGGCTCAGGCCCTCCATCAGCTGGAGAGCGACAGAGAAAT GCAACGCTGTCCACAAAAGCACAGAGAAAAACCCTGGACG GCCTCCCACTCGCTGTCTACTCTTTTTTGCTTCTGCAGTACCC
OlaBA _{MN} 137	8,843	270	GTCTGTGTCTGT
			AACAGGGTTTTATAGGCTTAACTCTCAGTCATGCCTACATGCA ACATTAAGCTCACTTCTTTCACAAGCAGAGTTGCCAGCTGTT GACGTGTTCAAACAACCTGTGAGAGGACATGCAAGGCGCAT TTTAGTGTCTTACCTTTGGCACATCATCGACACAGGGTAAAT
OlaBA _{MN} 138	8,486	199	ACCAAGAGTTGAGAGAACTATTTATTTA TCTTGACTTTTTAATGTGGAAACAGGGTATATATATTTGAACAA
OlaBA _{MN} 139 _{acde}	8,186	54	AATGCATGTCC
			TCTGGGCATCATTGTTGCACTTAGAGTTTACATTTTGTATGGTTA AAGGTTAAAAAATAATAATGAAATCTTATTTGAAGACGGAA GGCCTTCCAATCAAAGCGTCTTTCACCAATGCGTGTCAAGGG AACATTCATATATAAATATTTATTTGTTATAGCCAGTCTAAAA GGACTTTCTGTTTTATATTAATATTATTTATCCTTCATGTATTTA
OlaBA _{MN} 140 _{abc}	7,951	260	TATTGAGGAAAAAATACTGTACTTTTTTAGTATTTACCTG
OlaBA _{MN} 141	7,391	17	AACAATCTTTAATAAAA GCTGCTGTGAGCTCTCTCCAAGAGAAAGATTGATCACCGCATT TCTTTTCTCCCACTCGGGGCTCCTGTGGCCCTCCTCAAACTT
OlaBA _{MN} 142	5,129	104	CCCTGTTAAACTCCCAAA

			CATATTGTAACGGTACTGGCCAGCTCCTCTCGCCTGATGTTA CCCGCCATTACATCAGCCCAGAGGAGTGGAGCAAATGCCCAT TGTTTGCGCCTGTCATCGGCTGGGATGCGCGGACTTGCCGCC ACACGGCGCACATGGCGACCGGTGCCTTCTCCCTTTCTTGCC CCTCAGAAATGGCCCCCGTTAGGGCCAAACAATGGCACAGG GATTCTCTTTGCCTCCATATTTGGTGGAAAAAATAATAATCC TGCTTCCCATAGACATCTCAGCCGTTGGGCTGGGGCACTGAT TGGCTGTTCTGGGTCACGTGACGAGGAATTGGCTGCAAATTCG CCCCATAGTCTCCAGTTTAGCTGCCAGGTCTCCATACGCCT GTAATATCACCAATATACACAATTATGAAATAGCCTACGCCTT GACGCCGGCGCGCCAGGAGCTTACGTGCTGGTGGTGTGTTT ATTTGTTTTGTCATTTCCCTGATAAGCCATATTGTGTCTGTGG GTGTGCACGCGCATGAGCGTGCGCGCATGCCTGTGTGTGTGG TTTGTCCTTTTTTCTTTTTGTTTTGGGAAGGATTATTCGG
OlaBA _{MN} 143	4,504	619	GGTTTCGCCGTTTGAGG TTTAGACCTTAGTTTATTTATTGAGATTCTTTAATAGTGAAAT CCAAATTATTTATTGTACATATATTTTCATAGTGAATAATAAT
OlaBA _{NO} 147	8,175	95	AATAAAA TATTTATTGAGATTCTTTAATAGTGAAATCCAAATTATTTATT
OlaBA _{NO} 154 _{ab}	8,161	62	GTACATATATTTTCATAG CTGCTCCCCTCCAGAGTCAAATGGCGCTGGAGACAAAGGAG
OlaBA _{NO} 148	7,478	72	GATGTGAACAATGAGCAGTGGCAGCCATTA
OlaBA _{NO} 149	7,096	17	ATTTATCTCTGCATTAA
OlaBA _{NO} 155	961	30	AGGTTTCTCTGTAAACTGGCAGAATTATG
			GCTCCTCTTTTATCCACACCGCTCTGCGCTCTGACACATCCG CGCTGATATCAGATTGATGGGCCGTTTGATTGAAGTCTCTTT GTCGCGCTGATGTCAGTGCAGTGTGGATGAGGCGCGTGCG CCACTATTGACGCGCGCGCACCAACTTCACTCCTGAGCCG AAAACGACCCCATCCCCTCCTCTGTACGCACACACACAC AAACTGCGCGTGACCAGCTGACAACCTTCTGGCCCGGTCACC
OlaBA _{NO} 156	740	288	ATAGGCGACGAGACACGTGACTCGCGACAGAGGT TCAGATTGATGGGCCGTTTGATTGAAGTCTCTTTGTGCGGCT
OlaBA _{NO} 161 _{abc}	687	64	GATGTCACTGCGAGTGATGGA
OlaBA _{NO} 160	812	21	CCTCCTCACGCACGTTTCCTTT