

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
TniAA _{AC} 10	6,067	22	TCCAGGAATGTCTTTAAAGACA
TniAA _{AC} 16	4,783	27	AATAAAGTTTATCACTGGGTAATAGAA
TniAA _{AC} 17	3,643	25	TAAATTTAAAGATTTAAATCCCAT CTTGTGTGCGCATCTGTAACGACCGCACTAGGTGAT
TniAA _{AC} 18	3,170	44	CGTCCAGAA TGGCTAGACGGCAACTTTCAACTTGACCTTGGCCT
TniAA _{AC} 30 _{abc}	893	42	CCAGCCG CTTTGCATAGCCAGACCACGTGACACCAGCCCGA CCAATGACAGCGCGACCTCGGCGCTCCTGTGCGC GTCAGAGTGGCAGTACTCCCTGGGAACGCGTATC TCCTTTTTTCAGTCCCTCGGCTTTTTAAAAAAGAG
TniAA _{AC} 31 _{acdef}	176	139	CC
TniAA _{CE} 41	8,070	16	ACATTTAAGGTTAAAA
TniAA _{CE} 59	1,843	22	GTGGTGTGCGCTGGCCGGAGAG GCTATAAAAACACAGGTCTGTGCGGAGCCGGCTT TGGTTTTTCTGGGCATCCTGTGCTCAATTACTGCTT AAAAGCTTCAGCACAACCTCGTAGAATTTGTCTGA
TniAA _{CE} 57 _{bc}	1,789	120	ATTGACTGAGAGGCGG TGTC AATTTCTGCCGCGCGGTACGTGATCTCCTC CTCTATGGAGTGGATGGAGATGGCTCTCCACGTC AGCTTACGTCTCCAAATTTACAGCATAGCAAACCTG
TniAA _{CE} 60 _{abcd}	203	114	CTTGAAAGAG CCTAATTACGGGACATCCTCCCTGTGCGCGAGCA ACGTGACCATAAAAAGCCGTCTGAGAGTCTGGGGC ATTTGTACAATTGGAGTGCAGTGCATAAAACCGTC
TniAA _{EF} 65 _{bc}	3,721	120	TGAGAACCAAGTTAT GCACAGTGAAGGGTGAACCAAATAAAACAGGTTT
TniAA _{EF} 67	1,239	46	TTTTAAAAATAAT ATTGGTTTTACAGTCCGCACAGTGGAGAGGGGGA CGCCTCTAATCATATCCAGCATGTTTTGCACAAGA AATGTCAGCCAGAAAGGGCTACCTTCTCCCCTCG
TniAA _{EF} 75 _{cde}	121	108	CCAAA GACTGTCGAGTGGTTTAGGTAGTTTCATGTTGTTG GGGTCCATTTCAAACCTGCAACATGAAACTGTCT
TniAA _{FG} 79 _{abde}	2,514	85	TAATTGCCCCAGTTA
TniAA _{FG} 82	1,045	24	TAATGTATTATTATGACATAATTT
TniAA _{FG} 84	914	24	ATATTTTGGAAACTATATAGCACT CACGTGTGTGCGCTGCCCAATGAGAGCGCGCCTT GGCTCCCCATTACAAGCCACTGTAGTTCTCTGTG GGGCCAAGTTGCTACTTGATTTCTCACATTGTTA
TniAA _{FG} 93 _{abcdef}	214	127	TTTTGTGAGACTGTGTTTACTGC TGTTAGCTGTTTACAGCCATAAAAAGACAATTACCG CCATAACCTTTTATGGGGTGCAAAGCGCTGCGAG GCGAGAGGACAACAGAAAAAGACCGGAGGACG
TniAA _{GK} 98 _{abcde}	6,866	112	AAGACAGCTG

			GCAGATGGACTCAAACCTCAAAGACGGCCAGAGA CAGCGCAATAAACCCGCCTGGTCTGCTACTCTGTC TGGCATTCCAGTTTAAATTGTTTTATGACCGTCCA GACACAATTAGTCCGTTTCCAGAATGGCACCCATT TGTTTTTTCTCCTCTTTCTGTGAGACAACGCTCTG GACAAAAGGCTCGGCGGAAATGATCAGTTTTATT GGATTCCACCGACGGGGACGCGCAGGACTCACGG TCATTTGAAGAGATCCTTTGTTTCTACCTGGGAAC CTTCCGCC
TniAA _{GK} 103 _{bcdef}	6,402	287	GTTTGGTGTAATCTAGGCAGTATTACTGTCATAT ATCAAGCCACCTCGTAAAAACGACTGAGGATT CTGGACCAACAAATC
TniAA _{GK} 111 _b	4,968	84	TTAATGAATTCAGTTCCTTATAAAAAATCTGCAAT TATTATTGTATGCCGCTGGAAAAGTGCAATTTT
TniAA _{GK} 113	5,215	68	ATGGCGCCTGGTGGTGCCCCCTCCTCCCCTTCC TTCTCCCTCCTCCTCCAGCTCGCAACAGCTCTCC CACAGGCTCTGGCTCATAAATCTGCTGTTGTTTAT GAAAATTTACAACACAGCGACGTAACCTTACGAC CGTACTCGTCTCTCCATTGGCCGACCCGTTACG TGACGACGGAGCCGTGAACATGAA AGTAATTGTCTTTAGATTGACAACATATGTTCAAC
TniAA _{GK} 119 _{abc}	2,714	198	CCGTCCTGATGCCCTG
TniAA _{GK} 129	2,004	52	TGGCGCACACGACAATCCAAAACAAGGGAGTTT GTTCTGGCTTTGGGAGCGCGCAGGCGCACATCCT CCACATCCCACCCAGTAGTTGCTCCGTAICTCGAGT TTACCTCTGGAGGTCACCAGGCAGGATTTACGACT GGTCAACAAAAGCACGTGATTCTCCGGCGTACCC CATATTTGGGTGCCTACGTAAGAGAGAATCAAGT CCATGTCCCACTCATTTCATAATTCATCATAAAT TGTGCAAGGGTGCTATAGGACGCGCTAAAGCATA CGAGCCACAAATCAAGCACACAGGTTTTTGCTGTT TAACCCGTAACACAATAAAACCGACAACATTTAA GCGCAGCCAGCGGTGGAATTGTCAAC
TniAA _{GK} 132 _{abcd}	372	370	AAACTTTATTAAGGCCGAATCTGGCTCTGACATTT GGAAGCTAAATGAATGGGGGGCTTTTGCTATGA ATTAGATCGTAAAAATCATCCGGAGTGCGCCAG ATAGGCTCACTGGCCATAAACGGTCACGTGGTAG CCATTAAGTAAGTTTTATGGTTTTGGGGAGTTGA CAGTATATTGCACATAACATATAAT GGTTCATGTGGAGGTACCAAGATAAATCTGCAT CCTCTCGGAGCCACCAGCAGAGCTCGCTTTAGGC
TniAA _{KL} 136 _{ab}	6,066	197	CAAGTTC
TniAA _{KL} 140 _{abcde}	4,632	75	

TniAA _{KL} 143 _{bcd}	4,083	306	GGTCAAAGTTTACCACTGAACAAGACTCCGTCA TCTGTTCACTTGGAGCTCGATGCCAGCCTTATAAT AGCGATCTTGACTCACACAAAAGACAGAATAGCT TTGAATTACATATGTTGGACTGTGCACTCCAGGTG AACCTGGAAGCGCGGTGACCTCGCGTCGAAGAC CGGGGGATGGACCCCGCCCGCCCCAGCAACA AGATTGAGTGCCCGTCGTTTTATTAGGGCGGCTGA TTGGTGAATTTCCCTTTGAATAAATTGCATTTGATA TGTTTTGGGGACGAGGGCAGAATTTGCATTT
TniAA _{KL} 149 _{bcd}	1,667	161	TCCAAGTACGGGGTGAACCCAGGTCAGCGCGTC TAACAGATATGAAAACGTGCCCCCTTAGAAAAAT GGCAGCCTTGTGTTTAAACAAAGACTGTCAATGG GCAAGATTAATCAGAAAACAAAATGGAAGCAGTGT CACTTTTGGGTCAGGCAGAAGTTA
TniAA _{KL} 157 _{abc}	164	164	CCATTGGTTCCTGTTTACATGATGCCACGGGAGA CGCGGTGATGGTGGCTTTTACACGTGACCAGGC AACTTTGTACATTTGACAGGGAGTAGGAGGGTTTT GTGGAGATCAGAAAAACGACAGCGCGATAAAAAAT TAGTATTGTTGCACTTCACAAATTA
TniAA _{LM} 158	7,161	62	AAATTTTAATTCGCCATGTTACGTGACTTGTGTA ATAATGAATGCCCTGGGGTCAGAAATA
TniAA _{LM} 172	4,892	57	TTAATGATTCACGGGCTCAAATAAAAGGGATTTA AGTTGACGTTGCGTCACGTGAGC
TniAA _{LM} 179 _a	4,874	39	AAATAAAAGGGATTTAAGTTGACGTTGCGTCACG TGAGC
TniAA _{LM} 181 _{abcde}	4,589	127	CTGTCACGAACGGATATGTTGTTCCACGCGGACC AAGTGGGCTTCGGGAGGATGGATTTTATTTTGAGG TATTTCCGCCTATTGTTTATTACCACCGTGAGTTA TTGCTGCAGGAGGCAGGGGTCAG
TniAA _{LM} 193 _{abd}	2,069	197	AAGGCGCTGCTGATTTGCATAATTTTTTTGTTGCT GGTGACGCTCAGGTTTCGGGGCAGTTCACTGGTGT GTGCGTGGTCCCAGTGAAGGATAACAGAGCAACA TAGCCTTGGCTGAGTTTGATATTGCCATGAAGCCC TGGTCGTTGCTCCTTAGCATGACGGTACATTCAAT CTCAGGCCAGATAACTCTTATCT
TniAA _{LM} 194 _{abcd}	1,646	169	ATCGATTCGTCGCTGAATGAGAAAATATCGCCC GGTGCTCTGCATTGGTCGTCAGAGGATCAGGTAA GCGGGCCAAAAATAGGCTCCCTCGGTTGTGAATG GCGGAGTTTGTGTGTCGTACGGTGATTTATCACCG TATGACTTAGATCTCGGTTTCAGGAAGAGTTCA
TniAA _{LM} 199 _{bcd}	190	184	TGTCAGCCCTGCATTGAAAAGTAAGATGGATCGC CACCATTTCTTCTCTCACAGTGCTTCTTGTAACC CTAGGTTCACCCGAGGAGGCCATTGGCGGAGGGG CGTCACGTGACCACGGGGTGCCAATGTTATTCTAC AAGGGTGTCAAGACCCTGTCAGTTTTCTGGAATAA ATATTGGGAAAC

			AGAAGCCTTAAATGTGTGCGAGGGCACCGAGCT
			GTCAGACCTTTTGGCGAGTAAGATTGATCGCGCA
TniAA _{MN} 204 _{abcd}	1,468	91	CAGGCTTCCAGCACTCTTTGTTT
TniAA _{MN} 216	1,432	25	GTCAGACCTTTTGGCGAGTAAGATT
TniAA _{MN} 207	918	19	GTATTTTAGCCATAATCAA
			TGTAAATAAAAAGCAGTCGTTACCAGCTGAGAGAG
			GCGATCTTCATTTTTTATTTTTTTTTTTTGATCAATC
			ATGCAGACAGTGGCTTCTTTTGATTAACCCCAAA
			TTGCATTGGACAGAGGTAATCATGTGACAGGCTA
			TTCGGTCCAATTTCAACCTTGCTCCATGAATTCA
			ATAGTTTAATAGTAGCTTGGTCCCCACACGACCAT
TniAA _{MN} 211 _{abcdef}	337	216	AATCAG
TniAA _{NO} 219	2,536	30	CTCATAAATCACTCGGTGGCATGAATGAGA
			GCGTCACCTCTATCGATGAGGCCCTGGAATTTAAA
TniAA _{NO} 222	281	36	T