

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
DreAA <sub>AC</sub> 1	6,297	16	CTGTCCTCGTGCGCC
DreAA <sub>AC</sub> 7	3,144	39	TTTAAACAAAATATATTTTATATATACTGATAATATAGA
DreAA <sub>AC</sub> 9	5,842	21	ATAAATATATTTTTGAGCAAA
DreAA <sub>AC</sub> 11	5,590	17	TACTTAGTAGCTGCTTG
DreAA <sub>AC</sub> 12	4,907	42	ATATTTTTTACAGTGTGCAGATAATTTGAAAATGTAATTTAA
DreAA <sub>AC</sub> 13	4,482	18	ATGGATTTAGTAAATGT CTTGTTATTGCAGTGTTTTATAACAATGAGTTTTAGATGTTTCCA
DreAA <sub>AC</sub> 18	4,430	48	GAA  CAATAATTATTTTCGTTAATACATTTGTAAAACGCTATTATTAC AAAATATTTAAACAACCTGTACGTCATGTTTAGATTTTTAAAAAC GAAACAAATTTGTAATGTTAATAAACCGTTATTACGATAAGT
DreAA <sub>AC</sub> 19	2,258	158	TTTGATAGTTCATCTTTTACAATGA  TGTTAATAAACCGTTATTTACGATAAGTTTTGATAGTTCATCTTT TACAATGAAAAATAACACGCAAAAAAACATATAAAAATGTA AATCTGTGTTTTATTATTAAGCAATTCCAACCAACTTCTTCACTT TCCAAAGCGTTTGGCTTGATGGACCGTCCATTACACCCAGATA TTGAAATAAATTTAGGCTCCTATCATTTTGTCTATTTTGGTGTGTT AAGAAATATTTACTATAATGCTTTTTTTCAGTTTTGCTGTGTTT GAATGCATATTGTCGACTTGATGTT
DreAA <sub>AC</sub> 20	2,153	292	AAAATACAAAATCAGAAGGAAACCATGTTAAGTTAAAACCTACA TCTGTTTTACCAAAGATTTCTCAACAAACAACAGCTTTTAGA CTGGCCATCAAAGTCAGAATAGGCCAACAGGCACTGTGTCCGG GCAAGACGGCAACTTTCAACTTGACCTTGGCCTGCAGACGCGT CAGCCTCGCGGTAAAATACAGACAAAATATAGGGGGGTGTCT CCGTCTCGCAACTGTAAACA
DreAA <sub>AC</sub> 21	1,044	238	CAACTTCAACTTGACCTTGGCCT GCCAATCGAGACGTGATTCTGGATGTACGAGGGTGCCTCAGAG TCAACTGTCTCCCCTTTTCAGTGTCTAAGCTTCACAAAAAGAG
DreAA <sub>AC</sub> 30 <sub>b</sub>	905	24	CCACACGTCTCAATGT
DreAA <sub>AC</sub> 31 <sub>bdef</sub>	113	103	TAATTGAAAACAAAAGCAT
DreAA <sub>CE</sub> 37	6,026	18	CATCTTCTGATGTGCGTTTGTAAAGTGAAGCAGT
DreAA <sub>CE</sub> 40	5,678	33	ACATTTGGTTTTAAAA
DreAA <sub>CE</sub> 41	3,163	16	AGTGTATTTACAAATGTAA
DreAA <sub>CE</sub> 45	2,799	19	CTTGAGGCATTTGGCAGA TGTCATTTCTTCATGATCACGTGACCCTGGCCTCAGTTGGA GCGGATAGAGATGGATTTCCACGTCATCTTACGTCTCAAAATTT
DreAA <sub>CE</sub> 60 <sub>abc</sub>	200	89	C  CCTAATTACGGGGACATCCTCCTTGTGCTTCAGCAACACGGCC ATAAAAGCTGTCTGTGTCTGGAGCATTGGGCAATTGCAGCGTG
DreAA <sub>EG</sub> 65 <sub>bc</sub>	10,155	119	GTGCCATAAACTGTCTGAGAACCAAGGTTAT
DreAA <sub>EG</sub> 70	11,248	16	AGAAATTTAGTAGCTG  GACTGTCGAGTGGTTTAGGTAGTTTCATGTTGTTGGGATTACAT
DreAA <sub>EG</sub> 79 <sub>ad</sub>	2,565	77	TCAAACCTGCAACGTGAAACTGTCTTAATTGC
DreAA <sub>EG</sub> 82	1,000	26	TAATGTACTCTTCAAGAGTATAATTT

			CACGTGGTCACTTCACCCAATCAAATGGCACTTTGCTCTCAACT TATTATCTGACTGGGGCTTTGAGAGGGGGAAGTTGCCTCTCCAT
DreAA <sub>EG</sub> 93 <sub>ace</sub>	184	108	TTTCACATATTGCTATTTTG
DreAA <sub>GK</sub> 95	7,678	30	TTTATTGAATAATAAAAAGCATTTTCATATCT TGTTAGCCGCATCCAGCCATAAAAAGACAATTACTGCTATAACC GTTTATGGTGTGCAAAGCGCTGCGAGGCGAGAAAACGCAACAC
DreAA <sub>GK</sub> 98 <sub>abcde</sub>	6,861	113	AACAGATATTATGAGAGTCGACAGCTG
DreAA <sub>GK</sub> 99	6,587	20	CCTTTGTTTTATAAGTCCTA
DreAA <sub>GK</sub> 100	6,226	25	GTA AAAAAGGAAATTATTTAAGTATT CAAAATGTGGCCTAAGA ACTGGCTTTTGTAATGTCATTACCACT
DreAA <sub>GK</sub> 114	7,953	50	ACCTAT
DreAA <sub>GK</sub> 115	6,173	13	CGTCCAAACACAA
DreAA <sub>GK</sub> 116	3,947	35	TGTTTTAGAGCAAAAACATAATTTAGAAAAAAAGT
			ATGGCGCCTGACTGCAATCCAGCCCCCTTCTCAGCCAGCGTCTC ATGAGAAGCTATAAATCTGTTATTGTTTATGAAAATTTACTACT TTGCCATAACACTTTACGAGCTGCCGCTGGTTCTCATTGGTTAC AAGTCAGTCACGTGTTTTAAGACCACATAAACGTTAACTTTTTA
DreAA <sub>GK</sub> 119 <sub>abd</sub>	3,603	205	TGCGTGTGCACCCCAACCCAAAATAGAGC
DreAA <sub>GK</sub> 120	2,489	21	TTAAATAGAAAAGAAAAACCTT
DreAA <sub>GK</sub> 127	2,230	23	AACATGCTAATTCGTGTCTTCAA
			TGGCGCACGGCTACCATCTACAAACAAGCGATTTAACTGCTAG TTCGCCAAAACCTGTTGTGCGCGCTCCCGTGTCTAACAATTCC ACCCTGATTTCTGCTTACGTCTGAGTTTACCGCTGGAGGTAC AGAATAGGATTTACGACTGGTCAACAAAAACACGTGATTCTA AGCCATAGCCCATATTTGGAAGCCTACGTAAGGGTGCATTAAG TCTGTGTCCTACTCATTTCATAATTCATCATAAATAGTGCAAG GGTGCAATAGAAGCTCAAAACCACCAAGAGACACAAATCAAAC TCAAACGGCAGCATTGTTTTCTCCATAAAGGTAGTTGTAGTAAG TAAAAGTAAACAATAAGGTAATTGTCAAC
DreAA <sub>GK</sub> 132 <sub>abcd</sub>	378	376	
			AAACTTTACTAGACCCTTTACCATTCTGGATCCACGACATTGGC TGTAAGATAAATAATGAGTGTGTTGGTCCACGAATTAGATCGTA AAATTCCTCGGACTGAGACTGCAGATAGGCTCACTTGCCATA AAACAGTCACGTGGTGGCAATTAAGTCAAGTTTTATGGTTTTGG GGAGTCGACACTATATGGCATATAAAGTTAAATCGCACTGA
DreAA <sub>KL</sub> 136 <sub>ac</sub>	5,701	216	
			GGTTCACCGTGAGGTCAAGTGGCGGCAGGAAGATGAATGTGCAC ACGCCATAAACACCAGCAGAGCTCGCTTTTGGCCAAGTTC
DreAA <sub>KL</sub> 140 <sub>ade</sub>	4,105	84	
			GGTCAAAAGTTTTAAAGCAGAACAAGTAGCTGTCTGTTCTTTG TAGAGCGCAGTGCCACTTTTATAATGGCACAAAAGATGGAATA GCTGTGAATCCCGTGAGTCTGGTCTAACCTCGGATGAACCCT GCAAGCTGGGTGACCCTAGGTTAGCATCCCAAGAGACTACCTA CTCCGCCAATTCCAAAGATCGAGTATTCCTTTTTTATTAAGGGA TTTGATTGGTGAATTCCTCTGAATAAATAGTATTTGATGACCA AAAACCTCAACAATACATTTCATTT
DreAA <sub>KL</sub> 143 <sub>bcd</sub>	3,640	287	
DreAA <sub>KL</sub> 144	2,968	35	TAGCTAAAACCTTCCGAGAAAAGGTATCAATTTGT

DreAA <sub>KL</sub> 149 <sub>bde</sub>	1,821	165	TCCAAGGCCGGGTAAATGCAAGGTCACCTCGTCTAACAAATA TGAAAATGTCACATTTTCAGAGGGCACGCCTTGTGTTTAAACAA AGACTGTCAATGAACAAGATTAATAAGCGGCGAAATGGACACT GAGTCACTAAGAGGTCAAACCGAAGTTATCTCTGT
DreAA <sub>KL</sub> 157 <sub>abc</sub>	163	163	CCATTGGTGCTTGTTTACACGATGCCACAGGAGGCGCTGATTG GTCGCATTTCTCACGTGACCGAGCAACTTTGTACATTTGACAGA GGAGTAGGTGGGTTTTGGAGAGATCAGAATACGACAGCACCAT AAAAATTAGAATTGTTGCACTTTTTCAAATTA AAATTTTAATTGACTGGCTCACATGACCTTATTAATAATAGAT ACCCCTTGGTTAGAAATA
DreAA <sub>LM</sub> 158	7,072	62	TTAAAGTTTAATTGTGAATCACAGTAATTTT
DreAA <sub>LM</sub> 164	6,728	31	TGACGGAAAACAAGC
DreAA <sub>LM</sub> 165	5,813	15	ATTCACCAAGTTG
DreAA <sub>LM</sub> 169	4,278	14	GCACTATTGATTTTG
DreAA <sub>LM</sub> 178	1,141	15	CTGTCATGGACGGATATGTTTTCCACACTGAAAAAGACAAAGT CCTGCGCACCATGAGGATGGATTTTATTTTGAGGTATTTCCGCT GATTGTTC
DreAA <sub>LM</sub> 181 <sub>abc</sub>	4,699	96	AGCAGTGGCGGCCGTTTGTGCGGAGCCTCGCTTGGGAAACG AGGATATAATATAAGGAGTATCATCCAGAAGCACGCTGCCGCA CGGGGTCACGACGCCGAGTCTTGATTATGGGCTGGGACTTA GGGCAGCCGCTGCTCGAGAGCTAATGACTATTTCGAT AAGGCGCTTAATTTGCATAATTTTCTTGCTACGGTGACGCTCT GTTTCGAGGGAGTTTAC
DreAA <sub>LM</sub> 183	3,833	166	ATCGATTTCTGCCGCTGAATGAGAGAAGCTCGGGCGTGCTGC GCGCTGCTCGTCAGAGAGGAAGGTAAGCTGGACAGAGGCAGGG TTCTCCAATGCTGTTTAAATGGCGAGTTTGTGATTTATGACCGC GCGGCTGAAATCTCGGTTTCAGGGAGAGTTCA
DreAA <sub>LM</sub> 193 <sub>ab</sub>	2,058	62	GGTTTTTCAGGTTTTCT TGTCAGCCGAGCTTTGAAAAGTAAGATGGATAGGCCTTATTTTC ACCCGCTCACCGTGTCTTCTCTACCGTAGGTTTACCCGTAGAG CCCATTGGCGAAGAGGTGTCACGTGACTACGTTGAGCCAATGTT CTTCTACAAAGGTGTCAGGACCTTGTGAGAAAGTGAAATAAAC ATTGGGAAAC
DreAA <sub>LM</sub> 194 <sub>abcd</sub>	1,624	161	TTAAAAGTTCATTTTTT
DreAA <sub>LM</sub> 197	766	17	GTCAGACCTTTTGGCAAGTAAGATT
DreAA <sub>LM</sub> 199 <sub>bcd</sub>	191	185	TTTATGTAATTACGGTTGATGGAAAAAA
DreAA <sub>MO</sub> 209	2,217	17	ACTGGCTGACCCAGCCACGTGACTGTCACTGGTCATTTCATATC ACTAGCGCCCGAACACCTCCAATCCACGACTGAT
DreAA <sub>MO</sub> 216	5,075	25	
DreAA <sub>MO</sub> 217	1,922	28	
DreAA <sub>MO</sub> 223	243	78	