

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Özlem ŞİMŞEK

**MERSİN BİTKİSİNDE (*Myrtus communis* L.) YENİ NESİL
DİZİLEME TEKNOLOJİSİ KULLANILARAK
TRANSKRİPTOM ANALİZİ VE SSR MARKIRLARININ
GELİŞTİRİLMESİ**

BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

ADANA-2019

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**MERSİN BİTKİSİNDE (*Myrtus communis* L.) YENİ NESİL DİZİLEME
TEKNOLOJİSİ KULLANILARAK TRANSKRİPTOM ANALİZİ VE SSR
MARKIRLARININ GELİŞTİRİLMESİ**

Özlem ŞİMŞEK

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Bu Tez 15/10/2019 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından
Oybirliği/Oyçokluğu ile Kabul Edilmiştir.

.....
Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
DANIŞMAN

.....
Prof. Dr. N. Yeşim YALÇIN MENDİ
ÜYE

.....
Doç. Dr. Pembe EVCİ ÇÜRÜK
ÜYE

Bu Tez Enstitümüz Biyoteknoloji Anabilim Dalında hazırlanmıştır.
Kod No:

Prof. Dr. Mustafa GÖK
Enstitü Müdürü

Bu Çalışma Ç. Ü. Araştırma Projeleri Birimi Tarafından Desteklenmiştir.
Proje No: FYL-2018-10470

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge ve
fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri
Kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MERSİN BİTKİSİNDE (*Myrtus communis* L.) YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİSİ KULLANILARAK TRANSKRİPTOM ANALİZİ VE SSR MARKIRLARININ GELİŞTİRİLMESİ

Özlem ŞİMŞEK

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Danışman : Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR

Yıl: 2019, Sayfa: 110

Jüri : Prof. Dr. N. Yeşim YALÇIN MENDİ

: Doç. Dr. Pembe EVCİ ÇÜRÜK

Mersin (*Myrtus communis* L.) Myrtaceae familyasına ait olan tıbbi aromatik açıdan önemli olan bir türdür. Mersin yaygın olarak parfüm, baharat ve tıbbi endüstride kullanılmakta, meyvesi taze olarak tüketilmektedir. RNA-Seq tekniği son zamanlarda geliştirilen ileri düzey transkriptom analiz tekniğidir. SSR markırlarının tespiti ve geliştirilmesi için son yıllarda sıklıkla yeni nesil dizileme teknolojilerinden faydalanılmaktadır. Bu çalışmada, mersin bitkisinde Yeni Nesil Dizileme Teknolojileri kullanılarak SSR markırlarının geliştirilmesi amaçlanmıştır. Bu amaçla bir siyah meyveli ve bir beyaz meyveli olmak üzere iki mersin genotipinde Illumina HiSeq 2000 Sequencing cihazı kullanılarak RNA sekanslama çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Örneklerde 111.000'in üzerinde transkript elde edilmiştir. Transkriptlerin toplam uzunluğu 79.141.165-93.880.054 arasında değişmiştir. Örneklerde tespit edilen unigenlerin sayısı ise 68.476-79.802 olarak belirlenmiştir. RNA-Seq analizleri sonucunda, iki farklı mersin genotipinde gerçekleştirilen *de novo* analizleri ile genom üzerinde tekrar eden bölgeler tespit edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda, en yüksek tekrar motifinin 12.885 dinükleotid olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca 12-11776 arasında değişen sayıda farklı tekrar motifleri ortaya çıkarılmıştır. Belirlenen bu tekrar motiflerini çoğaltacak uygun SSR primerleri tasarlanmıştır. Tez çalışması sonucunda 10.000 üzerinde SSR primeri geliştirilmiştir.

Anahtar kelimeler: RNA-Seq, Mikrosatellit, Illumina

ABSTRACT

MSc THESIS

TRANSCRIPTOM ANALYSIS AND DEVELOPMENT OF SSR MARKS BY USING NEW GENERATION LISTENING TECHNOLOGY IN MERSIN PLANT (*Myrtus communis* L.)

Özlem ŞİMŞEK

ÇUKUROVA UNIVERSITY
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY

Supervisor : Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
Year: 2019, Pages: 103
Jury : Prof. Dr. N. Yeşim YALÇIN MENDİ
: Assoc. Prof. Dr. Pembe EVÇİ ÇÜRÜK

Myrtle (*Myrtus communis* L.) is one of the important aromatic and medicinal species from the Myrtaceae family. Myrtle is a widely used spice that has many applications in the perfumery, food and pharmaceutical industries. The RNA-Seq technique is a recently developed advanced transcriptome analysis technique. Next generation sequencing technologies are often used to detect and develop SSR markers in recent years. In this thesis, it is aimed to develop SSR markers using next generation sequencing technologies. For this purpose, RNA sequencing studies were carried out using Illumina HiSeq 2000 Sequencing device on two myrtle genotypes, one with black fruits and one with white fruits. Over 111.000 transcripts were obtained in the samples. The total length of the transcripts ranged from 79.141.165 to 93.880.054. The number of unigenes detected in the samples was determined as 68.476-79.802. As a result of RNA-Seq analysis, repeating regions on the genome were determined by de novo analyzes performed on two different myrtle genotypes. As a result of the findings, the highest repeat motif was found to be 12.885 di-nucleotides. In addition, the number of different repeating motifs ranging from 12-11776 were revealed. Suitable SSR primers were designed to amplify these identified repeat motifs. As a result of this study, over 10.000 SSR primers were developed.

Key words: RNA-Seq, Microsatellite, Illumina

GENİŞLETİLMİŞ ÖZET

Mersin olarak da bilinen *Myrtus communis* L., Akdeniz bölgesinin tipik bitki örtüsü olup, çok yıllık, yaprak dökmeyen, çalı veya küçük ağaçlardır. Mersin bitkisi tropik ve subtropik bölgelerde doğal olarak yetişen 100 cins ve 3000 tür içeren Myrtaceae familyasının bir üyesidir.

Mersin bitkisi çok farklı amaçlar için kullanılmakta ve bahçe bitkileri türleri içinde gelecek vadeden türler arasında yer almaktadır. Yaprakları ve meyvelerinde bulunan uçucu yağlar kimya ve tıp endüstrisinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Akdeniz sahil kuşağında yangın zararlarından sonra ağaçlandırma amaçlı ve süs bitkisi olarak Avrupa marketlerinde özellikle de yeşillik olarak buketlerde kullanımı oldukça yaygındır. Meyvesi ülkemizde yerel pazarlarda talep görmektedir.

Bitki biyoteknoloji çalışmaları son yıllarda hızlı bir ilerleme göstermiştir. Bu zamana kadar, farklı bitki gruplarında birçok çalışma yürütülmüş ve bu çalışmalar halen hızla devam etmektedir. Fakat mersin bitkisinde yürütülmüş moleküler çalışmalar oldukça sınırlı kalmıştır.

RNA-Seq tekniği son zamanlarda geliştirilen ileri düzey transkriptom analiz tekniğidir. Bu yöntem kullanılarak yapılan çalışmalar, ökaryotik transkriptomlara bakışı değiştirmiştir. RNA-Seq yöntemi, diğer yöntemlere göre transkriptlerin izoformlarının seviyelerinin çok daha hassas ölçümünü sağlar. RNA-Seq tekniği yüksek düzeyde DNA sekanslamayı, transkriptomların ileri analizini ve haritalamayı mümkün kılmaktadır.

SSR markırlarının tespiti ve geliştirilmesi için son yıllarda sıklıkla yeni nesil dizileme teknolojilerinden faydalanılmaktadır. Mikrosatellitler yüksek organizmalara ait kromozomlar üzerinde ardışık olarak tekrarlanmakta olan 1-6 bp nükleotid gruplarından oluşmaktadır.

Bu tez çalışmasında, mersin bitkisinde Yeni Nesil Dizileme Teknolojileri kullanılarak SSR markırlarının geliştirilmesi amaçlanmıştır. Bu amaçla bir siyah

meyveli ve bir beyaz meyveli olmak üzere iki mersin genotipinde Illumina HiSeq 2000 Sequencing cihazı kullanılarak RNA sekanslama çalışmaları gerçekleştirilmiştir.

RNA dizilemesi gerçekleştirilen örneklerde 60.75 Mb uzunluğunda toplam ham okuma yapılmıştır. Örneklerde 111 binin üzerinde transkript elde edilmiştir. Transkriptlerin toplam uzunluğu 79.141.165-93.880.054 arasında, ortalama uzunluk ise 862-844 arasında değişmiştir. Tez çalışmasında örneklerde tespit edilen unigenlerin sayısı ise 68.476-79.802, toplam uzunluk ise 68.352.675-79.867.395 olarak belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan örneklerin ortalama uzunluğu 998 ile 1000 arasında değişiklik göstermiştir. Mersin örneklerinin arasında farklı seviyede ifade olan genler incelendiğinde, toplam gen sayısının 20.638 olduğu tespit edilmiştir. Mersin örnekleri arasında karşılaştırmalı olarak yürütülen GO verileri değerlendirildiğinde, biyolojik proses sınıflandırmasında en fazla genin metabolik ve hücresel proses içerisinde yer aldığı gözlenmiştir. Genlerin hücresel komponent olarak sınıflandırılmasında ise en fazla genin hücre grubunda olduğu tespit edilmiştir. Moleküler fonksiyonlara göre yapılan sınıflandırmada ise farklı seviyelerde ifade olan genlerin en çok katalitik ve bağlanma aktivitesi gösterdiği belirlenmiştir.

RNA-Seq analizleri sonucunda iki farklı mersin genotipinde gerçekleştirilen *de novo* analizleri ile genom üzerinde tekrar eden bölgeler tespit edilmiştir. Yapılan tespitler sonucunda en yüksek tekrar motifinin, 12885 di-nükleotid olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca 12-11776 arasında değişen sayıda farklı tekrar motifleri ortaya çıkarılmıştır. Belirlenen bu tekrar motiflerini çoğaltacak uygun SSR primerleri tasarlanmıştır. Tez çalışması sonucunda 10.000'in üzerinde SSR primeri geliştirilmiştir.

TEŞEKKÜR

Yapıcı ve yönlendirici fikirleri ile yol gösteren, her konuda desteğini, yardımlarını ve deneyimlerini esirgemeyen, Danışman Hocam Sayın Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR'a sonsuz sevgi, saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tezimin değerlendirilmesine emek harcayan hocalarım Sayın Prof. Dr. N. Yeşim YALÇIN MENDİ ve Sayın Doç. Dr. Pembe EVCİ ÇÜRÜK'e çok teşekkür ederim.

Yüksek Lisans çalışmalarım esnasında bölüm olanaklarından yararlanmamı sağlayan Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'ne, verilerimin değerlendirilmesi ve laboratuvar analizlerimde bilgi ve yardımlarını esirgemeyen Dr. Dicle DÖNMEZ ve Biyolog Emine AÇAR'a teşekkürlerimi sunarım.

Varlıkları ile bana güç veren, her daim beni destekleyen, beni benden çok düşünen fedakâr ailemin her bir üyesine ve bana her konuda destek ve motivasyonu sağlayan sevgili eşim Özhan ŞİMŞEK'e sonsuz teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

SAYFA

ÖZ	I
ABSTRACT.....	II
GENİŞLETİLMİŞ ÖZET	III
TEŞEKKÜR.....	V
İÇİNDEKİLER	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ	X
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	XII
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	9
2.1. Mersin Bitkisinde Yürütülen Moleküler Çalışmalar.....	9
2.2. Bitkilerde NGS Teknolojileri ile SSR Markırlarının Geliştirilmesi Çalışmaları	12
2.3. Bitkilerde RNA Sekanslama Tekniğiyle Gerçekleştirilen Diğer Çalışmalar	17
3. MATERYAL VE METOD	29
3.1. Materyal	29
3.1.1. Bitkisel Materyal	29
3.2. Metod	30
3.2.1. RNA İzolasyonu	30
3.2.1.1. RNA İzolasyon Aşamaları.....	31
3.2.2. RNA Saflığı, Sağlamlığı ve Kalitesinin Ölçülmesi	32
3.2.3. RNA Sekanslama Metodu	32
3.2.3.1. Transkripsiyon <i>De novo</i> Çalışma Süreci.....	34
3.2.3.2. Sekansların Filtrelenmesi.....	35
3.2.3.3. <i>De novo</i> Analizleri.....	35
3.2.3.4. DEG ve Cluster Analizleri.....	36

3.2.3.5. DEG Gen Ontoloji ve KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) Analizleri.....	36
3.2.4. SSR Bölgelerinin Belirlenmesi.....	36
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	37
4.1. RNA İzolasyonu.....	37
4.2. RNA Sekanslama Analizleri	38
4.3. Mikrosatellit Bölgelerinin Belirlenmesi.....	44
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	51
KAYNAKLAR	53
ÖZGEÇMİŞ	63
EKLER.....	64

ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 4.1. Tez çalışmasında kullanılan RNA örneklerinin Nanodrop ile yapılan ölçümlerine ait sonuçlar.....	37
Çizelge 4.2. RNA-Seq analizlerinde elde edilen okuma verilerine ait bilgiler.....	39
Çizelge 4.3. Transkriptlerin kalite ölçütleri	39
Çizelge 4.4. Unigenlerin kalite ölçütleri.....	40





ŞEKİLLER DİZİNİ

SAYFA

Şekil 1.1. RNA sekanslama genel prensibi (Wang, 2009).....	5
Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan mersin bitkileri.....	29
Şekil 3.2. RNA-Seq Analizlerinde Kullanılan Cihaz.....	33
Şekil 3.3. RNA Sekanslama İşlemleri.....	34
Şekil 4.1. Agilent Bioanalyzer ile yürütülen RNA Analiz Sonuçları. A. Beyaz meyveli mersin genotipi, B. Siyah meyveli mersin genotipi....	38
Şekil 4.2. Mersin örnekleri arasındaki farklı ifade olan genlerin HeatMap görüntüsü.....	41
Şekil 4.3. Beyaz meyveli ve siyah meyveli mersin genotipleri arasındaki farklı seviyelerde ifade olan GO verileri.....	42
Şekil 4.4. Unigenlerin tür dağılımını gösteren grafik.....	43
Şekil 4.5. Farklı seviyelerde ifade olan genlerin yer aldığı yolaklar.....	44
Şekil 4.6. RNA-Seq analizleri sonucunda tespit edilen tekrar sayıları ve tekrar motifleri.....	45



SİMGELER VE KISALTMALAR

%	: Yüzde
°C	: Santigrat Derece
µl	: Mikrolitre
MYB	: Transkripsiyon faktörü
A6PR	: Aldoz-6-fosfat redüktaz
AFLP	: Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
BGI	: Beijing Genomik Enstitüsü
Td-DAMD	: Touchdown direct amplification of minisatelliteregion DNA
CTAB	: Sietiltrimetil amniyum bromid
ddNTP	: Dideoksinükleotid trifosfat
DEG	: Differentially Expression Gene
dNTP	: Deoksinükleotid trifosfat
EDTA	: Etilen daimin tetra asedik asit
EST	: Expressed Sequence Tag
FPKM	: Fragments Per Kilobase of Exon Per Million Fragments Mapped
FTIR	: Forurier İnfrared Transformasyonu
GO	: Gene Ontoloji
KEGG	: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
LiCl	: Lityum Klorür
mRNA	: Mesajcı Ribo Nükleik Asit
MYB93	:Transkripsiyon faktör
NAC	: Transkripsiyon faktör
NaCl	: Sodyum Klorür
NaOAc	:Sodyum asetat
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PVP	: Polyvinilpirolidon
qPCR	:quantitive PCR

QTL	:Quantitative trait locus
RAPD	: Rastgele oğaltılmış Polimorfik DNA
RNA-Seq	: RNA Sekanslama
SNP	: Tek Nükleotid Polimorfizm
SRAP	: Dizi İlişkili oğaltılmış Polimorfizm
SSR	: Basit Dizi Tekrarı
Tris-HCL	: Hidroksimetilaminometan Hidroklorik asit
UDP	: Glukozflavonol



1. GİRİŞ

Mersin olarak da bilinen *Myrtus communis* L., Akdeniz bölgesinin tipik bitki örtüsü olup, çok yıllık, yaprak dökmeyen, çalı veya küçük ağaçlardır (Cioc, 2018).

Mersin bitkisi tropik ve subtropik bölgelerde doğal olarak yetişen 100 cins ve 3000 tür içeren Myrtaceae familyasının bir üyesidir (Rezaee ve Kamali, 2014). Myrtaceae familyasının ekonomik olarak önemli türleri arasında *Eucalyptus* spp., *Feijoa sellowiana* (Brg.) ve *Psidium guajava* L. türleri bulunmaktadır (Nobre, 1994).

Ülkemizde Akdeniz Bölgesinde doğal olarak yetişen Akdeniz mersini ($2x=2n=22$), ekonomik olarak oldukça önemli türler arasındadır (Baytop, 1997). Mersin bitkisinin farklı kısımları (yapraklar, çiçekler, meyveler) tıp, gıda, likör ve kozmetik endüstrileri için önemli birçok bileşen içerir (Cioc, 2018), bu nedenle anti-genotoksik, anti-mutajenik, antiseptik, antiinflamatuvar amaçlar ve internal ve tropikal enfeksiyonların tedavisi için kullanılır (Bonjar 2004; Hayder ve ark, 2004). Mersin bitkisinin uçucu yağları ilaç üretiminde kullanılabilir ve yaprakları çay olarak tüketilebilir (Flamini ve ark, 2004; Ogur, 1994).

Mersin bitkisi, 0.5 ile 3 m arasında çalı veya küçük bir ağaç olup *M. communis* subsp. *communis* ve *M. communis* subsp. *tarentina* olmak üzere iki alttürü tanımlanmıştır (Picci ve Atzei, 1996). Bu türler monojeniktir ve hermafrodit çiçeklere sahiptir.

Akdeniz Havzasının tipik doğal bitkilerinden olan Mersin, ülkemizde Adana, Antalya, İçel, Çanakkale, İstanbul, Zonguldak, Sinop, Ordu, Trabzon, İzmir, Samsun, Muğla ve Hatay çevresinde yaygındır (Davis, 1972). Geniş bir ekolojik değişkenlik gösteren mersin bitkisi, farklı habitat (yetişme yeri-ortamı) şartlarında gelişebilmektedir. Makiliklerin daima dominant bir üyesidir. Yavaş büyür ama uzun ömürlüdür, kış aylarında yapraklarını dökmeyen herdem yeşil bir bitkidir. Yapraklar aromatik bir kokuya sahiptir. Meyveleri üzüksü meyve tipinde

ve çoğunlukla siyahımsı mor renkli ya da beyaz olup sonbaharda (Ekim-Aralık) olgunlaşmaktadır. Olgunlaşan meyvelerin tadı şekerli ve buruktur. Böceklerle tozlanır (Yıldırım, 2012). Meyvelerin üzeri özellikle arıların bitkiyi tanımasını sağlayan (mersin bitkisine özel olmayıp bazı diğer bitkilerde de olabilen) hafif bir mumsu tabaka ile kaplıdır, bu da meyveye mat bir görünüm verir. Meyve çok tohumludur. Yenilebilen bu meyvelerin hoş, baharatlı bir tadı ve aromatik kokusu vardır (Oğur, 1994). Meyve; uçucu yağ, tanen, şeker ve organik asitler (sitrik asit ve malik asit) içermektedir (Erlaçın ve Erciyas, 1978). Mersin bitkisi yaprakları az miktarda kafeik, ellajik ve gallik asit gibi fenolik asitler ile kersetin türevleri, fazla miktarda ise kateşin ve mirsetin türevleri içermektedir (Romani ve ark, 1999; Yıldırım, 2012).

M. communis, ülkemizde genellikle “Mersin” adıyla bilinmesine karşın özellikle Güney sahillerinde “murt”, “hambeles” ve “adi mersin” adlarıyla da bilinmekte ve bazı yerlerde ise yaprağına “bahar” adı verilmektedir (Oğur, 1994; Aydın ve Özcan, 2007; Avcı ve Bayram, 2008; Yıldırım, 2012).

Mersin bitkisi çok farklı amaçlar için kullanılmakta ve bahçe bitkileri türleri içinde gelecek vadeden türler arasında yer almaktadır. Yaprakları ve meyvelerinde bulunan uçucu yağlar, kimya ve tıp endüstrisinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Akdeniz sahil kuşağında yangın zararlarından sonra ağaçlandırma amaçlı ve süs bitkisi olarak Avrupa marketlerinde özellikle de yeşillik olarak buketlerde kullanımı oldukça yaygındır. Meyvesi, ülkemizde yerel pazarlarda talep görmektedir.

Bitki biyoteknoloji çalışmaları son yıllarda hızlı bir ilerleme göstermiştir. Bu zamana kadar, farklı bitki gruplarında birçok çalışma yürütülmüş ve bu çalışmalar halen hızla devam etmektedir. Fakat mersin bitkisinde yürütülmüş moleküler çalışmalar oldukça sınırlı kalmıştır.

Son yıllarda geliştirilen ve günümüzde kullanılan en önemli teknolojilerden biri olarak karşımıza çıkan yeni nesil DNA dizileme teknolojileri yüksek doğrulukla, ultra hızlı olarak, dizileme yapabilme kapasiteleri sayesinde

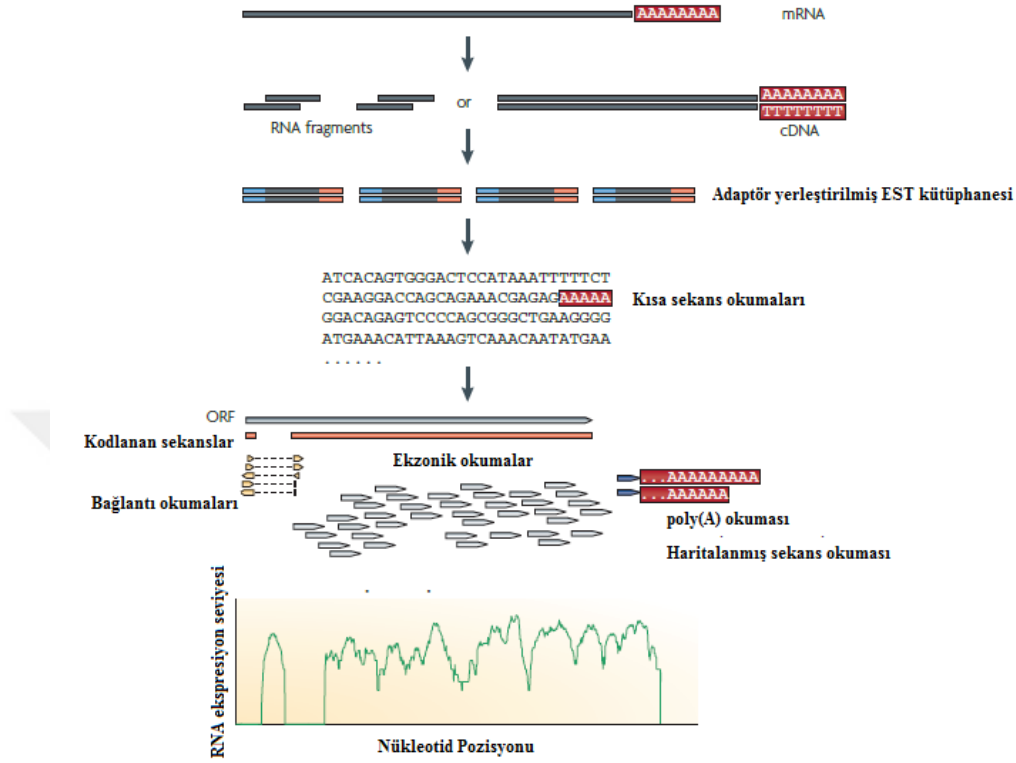
transkriptom analizi, ploidi seviyesinin belirlenmesi, moleküler markır geliştirme ve mRNA profilinin belirlenmesi gibi birçok çalışmada kullanılabilmektedir (Dönmez ve ark, 2015). RNA sekanslama tekniği, dizileme teknolojisinin kullanımı ile transkriptomların belirlenmesinde kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntem kullanılarak yapılan çalışmalar, ökaryotik transkriptomlara bakışı değiştirmiştir. RNA-Seq yöntemi, diğer yöntemlere göre transkriptlerin izoformlarının seviyelerinin çok daha hassas ölçümünü sağlar. RNA-Seq tekniği yüksek düzeyde DNA sekanslamayı, transkriptomların ileri analizini ve haritalamayı mümkün kılmaktadır. RNA sekanslama tekniği şu ana kadar ortaya atılan diğer bütün tekniklerden daha üst bir ökaryotik transkriptom analizi ortaya koymaktadır. Transkriptom, belirli bir gelişim aşaması ya da fizyolojik koşulda bir hücre içerisindeki transkriptlerin toplamı ve sayısı olarak ifade edilmektedir.

RNA-Seq tekniği son zamanlarda geliştirilen ileri düzey transkriptom analiz tekniğidir. Genel olarak total RNA fragmentlerine adaptör takılarak (tek veya çift) cDNA fragmentleri oluşturulmaktadır. Daha sonra her bir molekül amplifikasyonlu veya amplifikasyonsuz bir şekilde sekanslanmaktadır. Sekansların uzunluğu kullanılan teknolojiye göre 30-400 bp aralığında olabilmektedir (Wang ve ark, 2009).

RNA sekanslama diğer sekanslama teknikleri (Tilling microarray, cDNA veya EST sekanslama) ile karşılaştırıldığında önemli avantajlar sağlamaktadır. RNA sekanslamanın hibridizasyona dayalı yaklaşımların aksine transkripsiyon analizinde herhangi bir sınırı bulunmamaktadır. Bu durum model olmayan organizmaların transkriptom analizinde genom ön bilgisi olmadan ileri düzeyde bir analiz yapma fırsatı tanımaktadır. RNA sekanslama transkripsiyon sınırının lokasyonunu tam olarak bulunduğu yeri tek baz çözünürlüğü (ayrıt edilebilirlik) ile belirleyebilmektedir. Bunun yanı sıra 30 bp'lik kısa okumalar iki ekzonun nasıl birleştiği ile ilgili bilgi verirken; daha uzun okumalar çok sayıda ekzonun nasıl birleşebileceğini ortaya çıkarmaktadır. Bu faktörler RNA sekanslama tekniğini kompleks transkriptom çalışmalarında kullanışlı kılmaktadır. RNA sekanslama

transkripsiyona uğramış bölgelerde bulunan SNP gibi baz varyasyonlarını ortaya çıkmasını sağlamakta, qPCR (quantitative PCR) ile karşılaştırıldığında yüksek oranda bir doğrulukla gen ekspresiyon seviyesini tespit edebilmektedir. Ayrıca yüksek tekrar edilebilirlik kapasitesine sahiptir.

RNA dizileme için kullanılan yeni nesil dizileme teknolojileri ticari olarak Illumina, Roche 454, Helicos BioSciences ve Life Technologies olmak üzere 4 platform tarafından ulaşılabilir durumdadır ve yeni teknolojiler geliştirilmektedir. RNA dizilemenin yanı sıra genomik çalışmalar için verim, okuma uzunluğu, hata oranı ve eşleştirilmiş okuma gerçekleştirme yeteneği gibi dizileme kapasiteleri göz önünde bulundurulduğunda, NGS şirketleri düşük maliyette en iyi dizileme performansını sağlamak için sürekli kendi platformlarını geliştirmektedir (Metzker, 2010; Ozsolak ve Milos, 2011). Genel olarak RNA sekanslama aşamaları Şekil 1.1’de sunulmuştur. Fakat her RNA sekanslama platformunun farklı aşamaları bulunmaktadır. Illumina teknolojisinde meydana gelen sekanslama ve enzimatik olayların tamamı bir akış hücresinde meydana gelmektedir. Illumina platformları köprü amplifikasyonunu kullanarak senteze dayalı sekanslama prensibine göre çalışmaktadır.



Şekil 1.1. RNA sekanslama genel prensibi (Wang ve ark, 2009).

Parçalanabilir ve tekrar birbirinden ayrılabilir forward ve reverse oligonükleotidler, adaptörlere uygun şekilde amplifikasyon süresince kullanılır. Bu oligonükleotidler Illumina platformunun yüzeyine yapışık ve yerleşik olarak kullanılır. Illumina hücrelerine kütüphane yüklemenin ilk aşaması, dsDNA denatürasyonudur. Bu aşamada dsDNA (çift zincirli) ssDNA'ya (tek zincirli) dönüşür. Bu tek zincirli DNA'lar Illumina hücreleri üzerine yerleşik olarak bulunan oligonükleotidlerle hibridize olur. Bu aşamada oligonükleotidler primer olarak kullanılarak tek zincirli DNA çift zincirli DNA'ya çevrilir. Bu aşamadan sonra başlangıç kütüphane molekülleri kaldırılır ve kopyalanmaz. Geriye kalan ve hücrelerdeki oligonükleotidlere bağlı olarak bulunan fragmentler identik kopyalar üretmek için kullanılır. Bu kopyalara cluster adı verilir. Bu olay denatürasyon,

bağlanma ve uzamaya aracılık eden üç spesifik buffer'ın döngüsel değişimi ile yapılır. Bu aşamalar, 60 °C sıcaklıkta gerçekleşir. Her döngü sonrasında oluşan fragmentler 3' ile biter ve bir başka yüzeye bağlı oligonükleotid ile köprü oluşturur. Son aşamada oligonükleotidlerin dış yüzeyinde bulunan ayrılabilir bölge kullanılarak çift zincirli DNA'nın bir zinciri alınmaktadır. Daha sonra 3' ile biten sıralar ddNTP kullanılarak bloke edilmektedir. Bloke edilen sıralar yeni bir döngünün başlamasını engelleyerek aynı fragmentlerin belirli bir orandan sonra sürekli üretilmesini engellemektedir (Buermans ve Dunnen, 2014).

Fragmentlerin amplifikasyonu floresan dNTP'ler ile gerçekleşmektedir. Floresan etiketli dNTP'ler uzama sırasında uygun komplementer baz karşılığına denk gelecek şekilde yerleşir ve floresan ışıma yapar ve bu ışımlar görüntülenir. Her dNTP (A,T,G,C) kendine özgü bir terminatör floresan ışıma yapar böylece hatalı okumalar en aza indirgenir. Illumina teknolojisinde her döngü yaklaşık bir saat sürer. Bir saatlik döngünün uzun bir kısmını görüntüleme kısa bir süresini ise enzimatik reaksiyonlar oluşturur. Görüntüleme süresi değiştirilerek döngü süreleri daha da kısaltılabilir.

SSR markırlarının tespiti ve geliştirilmesi için son yıllarda sıklıkla yeni nesil dizileme teknolojilerinden faydalanılmaktadır. Mikrosatellitler yüksek organizmalara ait kromozomlar üzerinde ardışık olarak tekrarlanmakta olan 1-6 bp nükleotid gruplarından oluşmaktadır. SSR tekniğinde genomda tekrarlanan baz dizilerinin bulunduğu bölgeler çoğaltılır. Tekrar sayılarına göre polimorfizm oluşur ve farklı sayıdaki tekrarları temsil eden her bant, farklı bir 2 alleli gösterir. Tekrarlanan DNA'ların sağındaki ve solundaki zincirler o dizine özgüdür, yani spesifiktir. Bu dizinler SSR primerlerini dizayn etmek için kullanılarak belli bir lokus PCR ile klonlanıp çoğaltılır. SSR bir kodominant markır sistemidir. Yani heterozigot alleller homozigotlardan ayırt edilebilir ve PCR kullanımı ile allellerin jel üzerine seperasyonunun yapılmasıyla genom üzerinde belli bölgelerdeki genetik bilgilere ulaşmak mümkündür (Şimşek ve ark, 2018). Bitki ıslahı çalışmalarında

hiç şüphesiz en önemli basamak bitki genetik kaynaklarının toplanması ve tanımlanmasıdır.

Bu tez çalışmasında, mersin bitkisinde Yeni Nesil Dizileme Teknolojileri kullanılarak SSR markırlarının geliştirilmesi amaçlanmıştır. Bu amaçla bir siyah meyveli ve bir beyaz meyveli olmak üzere iki mersin genotipinde Illumina HiSeq 2000 Sequencing cihazı kullanılarak RNA sekanslama çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Islah çalışmalarında ıslah materyallerinin genetik karakterizasyonu, yetiştiricilerin ideal ebeveyn çeşidinin seçiminde yardımcı olacaktır. Tez çalışmasında geliştirilen SSR markırlarının mersin genotiplerinin tanımlanmasında kullanılabilecektir.



2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Mersin bitkisinde yürütülen moleküler çalışmalar

Bruna ve ark (2005), yapmış oldukları çalışmada, İtalya'nın altı farklı bölgesinden topladıkları yaban Mersin genotipleri arasındaki genetik ilişkileri belirlemek amacıyla AFLP markırlarını kullanmışlardır. Çalışmada 51 birey seçilmiş üç primer kombinasyonu ile analiz edilmiştir. Polimorfik bantlar skorlanmış ve toplanan örneklerde genetik çeşitliliği değerlendirmek amacıyla kullanılmıştır. Apulia ve Sicilya kısmından gelen genotipler belirli bir alt kümede toplanmıştır. Bu bireylerin belirli bir dal ve yaprak morfolojisi ile karakterize olduğu belirlenmiştir.

Agrimonti ve ark (2007), yapmış oldukları çalışmada İtalya'nın Sardinia ve Calabria bölgelerinde Yazım alanları gerektiği kadar uzatılabilir Mersin popülasyonlarının genetik çeşitliliğini AFLP markırları ile araştırmışlardır. Gerçekleştirilen analizler sonucunda popülasyonlar içinde yüksek oranda genetik çeşitlilik belirlenmiştir.

Messaoud ve ark (2007), yapmış oldukları çalışmada, altı Tunuslu Mersin popülasyonunda genetik varyasyonu RAPD markırları ile araştırmışlardır. Çalışmada 79 RAPD primeri kullanılmıştır. RAPD analizlerinde elde edilen bantların sayısı kullanılan primere bağlı olarak 9 ile 23 arasında değişmiştir. Amplifiye bantlardan %88.61'inin polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışmada elde edilen spesifik bantlar biyoiklim ile ilişkili bulunmuştur.

Serçe ve ark (2008), yapmış oldukları çalışmada, Hatay'dan topladıkları ve iki gruba ayırdıkları (Set 1 ve Set 2) Mersin bitkilerinde meyve ağırlığı, genişliği, uzunluğu, çözülebilir katı madde, pH ve asitlik gibi meyve karakterlerini değerlendirmişlerdir. Ayrıca 26 RAPD primeri kullanarak Set 1 ve 2'nin genetik varyasyonunu araştırmışlardır ve elde edilen verileri kluster ve temel bileşenler analizi aracılığıyla analiz etmişlerdir. RAPD analizleri sonucunda 46'sı polimorfik

olmak üzere toplam 159 net ve tekrarlanabilir bant elde edilmiştir. Ortalama polimorfizm oranı %28.6 olarak belirlenmiştir.

Albaladejo ve ark (2010), İspanya'da yetişen Mersin genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği araştırmak amacıyla SSR markırları geliştirmişlerdir. SSR markırlarının izolasyonu için rastgele genomik kütüphaneden çok sayıda klon ABI 3730 DNA Analyzer ile dizilenmiştir. SSR geliştirme çalışmalarında klasik yöntemler kullanmışlar ve son derece kısıtlı sayıda SSR markırı geliştirmişlerdir. Geliştirilen 14 primer çiftinden amplifikasyon elde edilmiştir. Polimorfik olduğu belirlenen 11 primer 48 bireyde kontrol edilmiştir. Her lokustaki allel sayısı 3 ile 11 arasında değişmiş ve toplam allel sayısı 83 olarak belirlenmiştir.

Messaoud ve ark (2011), Tunus'ta yetişen Mersin bitkisinin 4 farklı morfolojiye sahip populasyonlarının kimyasal ve genetik çeşitlilik ve yapısını araştırmak için uçucu yağ kompozisyonu ve AFLP markırlarını kullanmışlardır. Populasyon içindeki genetik çeşitlilik morfolojik gruplara göre değişiklik göstermiştir. AFLP markırlarını temel alan populasyon yapısı uçucu yağ kompozisyonu ile uyum göstermiştir.

Melito ve ark (2013), Mersin bitkisinin Sardunyalı aday kültürlerinde ve bazı yaban populasyonlarındaki genetik varyasyonu ISSR markırları kullanarak araştırmışlardır. ISSR analizlerinde skorlanabilir 12 primer ile 221 fragment amplifiye olmuştur. Çalışmada iki büyük küme tanımlanmıştır. Birincisi çeşitli Sardunya bölgelerinden selekte edilen aday kültürler, ikincisi ise, Asinara, Corsica ve Surigheddu'dan toplanan yabancı bireyler. Çalışma sonunda yabancı genotiplerin aday kültürlerden farklı olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca genetik değişkenlik yüksek bulunmuştur.

Melito ve ark (2016), yapmış oldukları çalışmada Sicilya'da yabancı Mersin populasyonlarının genetik çeşitliliğini genetik, morfolojik ve biyometrik analizler ile araştırmışlardır. Çalışmada 7 lokalizasyondan toplam 36 genotip AFLP markır sistemi kullanılarak karakterize edilmiştir. AFLP analizleri sonucunda 152 polimorfik fragment elde edilmiştir. Gerçekleştirilen STRUCTURE analizleri

sonucunda çalışmada kullanılan Mersin genotipleri 3 genetik kümeye (A, B ve C) ayrılmıştır. Ayrıca genetik, morfolojik ve biyometrik veriler arasındaki ilişkiler araştırılmıştır. Genetik kümeler ve çalı şekli/bitki büyüme davranışları arasında önemli korelasyon bulunmuştur. Ayrıca yaprak, meyve ve tohum büyüklüğü gibi morfolojik özellikler B ve C kümesinde önemli düzeyde ilişkili bulunmuştur.

Melito ve ark (2017), yapmış oldukları çalışmada mersin bitkisinin yaygın olarak bulunduğu Sardunya'nın eko coğrafi bölgesi içindeki yabani mersin popülasyonlarının genetik çeşitliliği ve yapısını araştırmışlardır. Her bölgeden 20 birey toplanarak on sekiz popülasyon rastgele örneklenmiştir. Çalışmada, 150 polimorfik fragmentin tespit edildiği AFLP markırları ile toplam 360 örnek analiz edilmiştir. Çalışma sonunda, toplamda iki farklılaşmış genetik grup tanımlanmıştır. Agrometeorolojik ve coğrafi değişkenler iki kümenin dağılımını etkilemiştir.

Mele ve ark (2019), 46 selekte edilmiş ve Sardunya'dan 414 yabani genotip olmak üzere toplam 460 mersin genotipinin genetik çeşitliliğini 14 SSR markırı kullanarak araştırmışlardır. Genetik çeşitlilik parametreleri, 10 markırın ileriki analizler için yeterince polimorfik olduğunu göstermiştir. Gözlenen heterozigosite, 0.21 (Porto Ferro) ile 0.44 (Olia Speciosa) arasında değişmekte olup, ortalama 0.32 olarak tespit edilmiştir. Selekte edilmiş grupta heterozigotinin (0.40) yabani grup (0.45) ile kıyaslandığında daha düşük olduğu belirlenmiştir.

İnce ve Karaca (2019), Yönlendirilmiş Minisatellit DNA Çoğaltımı (DAMD) Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) yöntemi ile mersin genetik çalışmalarında faydalı DNA markırlarının varlığını araştırmışlardır. Çalışmada, Akdeniz bölgesinden toplanan üç farklı yabani mersin aksesyonundan yüksek kaliteli genomik DNA örnekleri (60-120 nanogram) izole edilerek Td-DAMD-PCR çalışmalarında kullanılmıştır. Analizler yabani mersin aksesyonlarının genomik DNA'larında 22 primer taramasından 16 primerin başarıyla amplifikasyon elde edildiğini göstermiştir. Araştırmacılar, bu çalışmanın Td-DAMD-PCR markırlarının mersinde genotiplerin ve çeşitlerin genetik koruma ve tür tanımlama çalışmalarında başarıyla kullanılabilme potansiyeli olduğunu ileri sürmüştür.

2.2. Bitkilerde NGS Teknolojileri ile SSR Markırlarının Geliştirilmesi Çalışmaları

Francis (2010), Domates gen kaynakları içerisinde, genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla altı domates çeşidinin kök, yaprak, çiçek, meyve ve kallus dokularından cDNA kütüphanesi oluşturmuştur. Çalışmada Illumina GAII yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak her domates çeşidi için toplam dizinin 2.5 Gb'dan fazlası ortaya çıkarılmıştır. Tek ve eşleştirilmiş 60 bp'lik okuma ile domateslerin 32.5 Mb transkriptom dizilemesi gerçekleştirilmiştir. Bu yeni diziler, türler arasında gen duplikasyonlarının belirlenmesi, domates tek nükleotid polimorfizmlerinin incelenmesi gibi gelecek analizler için araç olacağı belirtilmiştir.

Li ve ark (2010), yapmış oldukları çalışmada, *Prunus mume* çiçeği ve meyvesinin cDNA kütüphanesini oluşturmuşlardır. Kütüphanenin 10.1123 klonu dizilenmiş ve 8.656 yüksek kalitede EST dizisi elde edilmiştir. 1.492 contig ve 2.981 singleton'dan oluşan 4.473 unigenden 1.294 unigenin bilinen veya varsayılan fonksiyonlara sahip olduğu belirlenmiştir. Ayrıca, *P. mume* unigen veri setinde 1.233 varsayılan basit dizi tekrarı (SSR) bulunmuştur. Potansiyel SSR'leri çevreleyen 42 primer çifti rastgele test edilmiş ve 14 çift gerçek tip SSR lokusu tanımlanarak 20 ayrı *P. mume* bitkisinde polimorfik bantlar elde edilmiştir. Ayrıca, bu 14 EST-SSR primer çifti şeftali ve erikte test edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, primer çiftlerinin yaklaşık% 89'unun iki türde hedef PCR bantları ürettiğini göstermiştir. Erik türlerinde yüksek polimorfizm (%65), şeftalide düşük polimorfizm (%46) gözlenmiştir. Çalışmada kullanılan üç türün kümeleme analizi, bu SSR markırlarının *Prunus* türleri arasındaki ve içindeki genetik ilişkilerin ve çeşitliliğin değerlendirilmesinde yararlı olduğunu göstermiştir.

Zalapa ve ark (2012), yapmış oldukları çalışmada, *Vaccinium macrocarpon* bitkisinin genomunda 454 dizileme metodu ile SSR tespit etmişlerdir. Çalışmaları sonucunda 107244 SSR lokusu keşfedilmiş ve AG tekrar dizisi %35 oranı ile en sık rastlanan SSR motifi olmuştur.

Zhang ve ark (2012a), susam bitkisinde RNA-Seq analizleri ile SSR markırları geliştirmişlerdir. Bu amaçla susam bitkisinden farklı büyüme ve gelişme aşamalarına sahip örnekler alınarak transkriptom dizileme analizleri gerçekleştirmişler ve bu dizilere dayalı SSR markırları geliştirmişlerdir. Dizileme çalışmaları sonucunda 260 milyon üzerindeki okumadan 42.566 unitranskript ve 24 cDNA kütüphanesi oluşturulmuştur. Toplam olarak 15 bazın üzerinde 7.324 ve 18 bazın üzerinde 4.440 SSR tespit etmişlerdir. Ortalama olarak kb başına 6.55 15 bazdan büyük SSR, 10. 81 kb 18 bazdan büyük SSR tespit edilmiştir. Tekrar motifleri incelendiğinde %48 dinükleotid, %20 trinükleotid, %25 heksanükleotid, %2.97 pentanükleotid, %2.12 tetranükleotid ve %0.57 mononükleotid tespit edilmiştir. Toplam olarak 2.164 SSR primeri 4.440 SSR bölgesi içeren dizilerden tanımlanmıştır. Bu SSR bölgelerinin içerisinde Yazım alanları gerektiği kadar uzatılabilir 18 bazdan büyük olan rastgele 300 SSR primeri seçilmiş ve doğrulama amacıyla kullanılmıştır. Toplam 24 çeşitte 300 primerin 276 tanesinin PCR ürünü oluşturduğu tespit edilmiştir.

Zhang ve ark (2012b), yer fıstığı bitkisinin tohum gelişimi sürecinde transkriptom karakterizasyonu, de novo analizleri ve SSR markır geliştirme çalışmaları yürütmüşlerdir. Bu amaçla farklı yağ içeriklerine sahip 3 yer fıstığı çeşidinin olgunlaşmamış tohumlarını kullanarak RNA-Seq analizleri gerçekleştirmişlerdir. Toplam olarak 100 bç'den oluşan 27 milyonluk okuma gerçekleştirmişler ve 59.077 unigen belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda toplam olarak 3.919 mikrosatellit markırı geliştirmişler ve 160 tanesini kontrol etmişlerdir.

Li ve ark (2012), kauçuk ağacında yeni nesil DNA dizileme teknolojileri kullanarak EST-SSR markır geliştirme çalışmaları yürütmüşlerdir. Bununla beraber elde edilen dizilerde de novo analizleri gerçekleştirmişlerdir. Çalışmalarında Illumina dizileme teknolojisi kullanarak 30 milyon dizileme okuması gerçekleştirmişler ve toplam olarak 22.756 unigen tespit etmişlerdir. Ayrıca bu unigenlerden toplam 39.257 SSR tanımlamışlardır. Bu markırlar arasından 110 tanesi rastgele seçilerek 13 kauçuk ağacında denenmiştir. Bu çalışma sonucunda

İllumina yeni nesil dizileme teknolojisinin transkriptom karakterizasyonu ve moleküler markır geliştirme çalışmalarında oldukça kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir.

Dong ve ark (2014), yapmış oldukları çalışmada, Sibirya kayısısında (*Prunus sibirica* L.) de novo transkriptom analizi ve potansiyel SSR markırlarının 454 pyrosequencing ile geliştirilmesini amaçlamışlardır. Çalışmada 454 GS FLX Titanyum sekansı kullanılarak tek bir çalışmada ortalama büyüklüğü 425 bp olan 1.243.067 yüksek kaliteli okuma ve toplamda 528.4 Mb dizi verisi elde edilmiştir. Çalışmada lipid biyosentezinde ve metabolizmasında yer alan 191 unigen bulunmuş, ve bunlar arasından iki desatüraz enziminin ekspresyon profilleri, Sibirya kayısısındaki altı dokuya dayanarak, kantitatif gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu (qRT-PCR) ile analiz edilmiştir. Elde edilen 6509 unigenden 7304 basit sekans tekrarı (SSR) tanımlanmış ve toplam 9930 primer çifti tasarlanmıştır. Tasarlanan primerlerin faydalılığını doğrulamak için rastgele 50 primer çifti seçilmiş ve 24 primer çifti (%48) ile beklenen büyüklükte bant elde edilmiştir.

Zhou ve ark (2014), yaptıkları çalışmada, Asya'da besinsel ve medikal özellikleri bakımından oldukça geniş kullanım alanına sahip olan *Auricularia polytricha* mantarında miselyum ve meyve dokusunda moleküler markır geliştirmek amacıyla Illumina Solexa sekanslama teknolojisi kullanılarak dizileme gerçekleştirmişlerdir. De novo analizlerinde 36483 EST ve N50 uzunluğunda 636 bç tespit edilmiştir. Tespit edilen EST'lerin 28108 tanesi bilinen protein data bankaları ile benzerlik göstermiştir. EST'ler en yüksek benzerliği *A. delicata* türü ile göstermiştir. Gen ekspresyon profili analizleri 2057 EST'nin farklı ifade edildiğini bunlardan 1020'nin miselyumda, 1037'sinin ise meyveye dönüşen kısımda up regüle olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmada ayrıca 1715 potansiyel SSR markırı belirlenmiştir.

Backiyarani ve ark (2015), muzda (*Musa balbisiana*) yeni nesil dizileme teknolojisi kullanarak transkriptom analizleri gerçekleştirmişlerdir. RNA

sekanslama çalışmalarında *M. balbisiana* türüne ait 'Attikol' çeşidini kullanmışlardır. RNA-Seq analizlerinde Ion Torrent platformunu kullanarak yaklaşık 4.5 milyon okuma gerçekleştirmişlerdir. Biyoinformatik analizler sonucunda ortalama uzunluğu 113 bp olan 82413 transkript tespit etmişlerdir. Transkriptlerin Swiss-Prot veri bankasında yapılan araştırmaları sonucunda 35783 transkript belirlenmiştir. Ayrıca 20696 transkriptin 455 farklı yolla görev aldığı belirlenmiştir. Çalışma sonunda toplam 4780 SSR bölgesi tespit edilmiş ve toplam 2628 SSR primeri tasarlanmıştır. Bu primerler arasından rastgele seçilen 30 tanesinin etkinliği muz genotiplerinde araştırılmıştır.

Thakur ve Randhawa (2018), iki guar fasülye (*Cyamopsis tetragonoloba*, L. Taub.) çeşidinde RNA-seq analizleri yaparak SSR, SNP ve InDel markırları geliştirmişlerdir. RNA-seq analizlerinde Illumina HiSeq 2500 platformu kullanılmıştır. Çalışma sonunda ortalama 1016 bp uzunluğunda toplam 102,479 unigen elde edilmiştir. 102.479 unigenin MISA ve SAMtools versiyon 1.4 yazılımları ile taranması sonucunda, 18792 SSR, 5999 SNP ve 249 InDels olmak üzere toplam 25,040 markır tanımlanmıştır. Çalışma sonunda tanımlanan bu markırların guar fasülyesinin moleküler ıslah programları için faydalı olabileceği vurgulanmıştır.

Şimşek ve ark (2018), yapmış oldukları çalışmada, yeni nesil dizileme teknolojileri kullanarak narda mikrosatellit bölgelerinin tespit edilmesini amaçlamışlardır. Bu amaçla RNA-Seq çalışmaları gerçekleştirmişlerdir. RNA-Seq analizlerinde 'Hicaznar' ve '33N26' çeşitlerini kullanmışlardır. Biyoinformatik çalışmalar sonucunda DNA üzerinde mikrosatellit bölgelerin tanımlanması sağlanmıştır. Çalışma sonunda yaklaşık 19,000 mikrosatellit belirlenmiştir. Bu bölgeler arasından rastgele seçilen 20 SSR primer çifti 40 farklı nar genotipinde test edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda 20 SSR primer çiftinden de başarılı bir şekilde amplifikasyon sağlandığı, bunlardan 5 tanesinin polimorfik sonuçlar verdiği tespit edilmiştir.

Cai ve ark (2019) daha önce bambu (*Phyllostachys violascens*) bitkisinde Illumina Truseq kullanarak elde ettikleri transkriptom dizilerini kullanarak (GenBank Accession No. SRX5137626) 18,356 EST-SSR lokusu belirlemişlerdir. Çalışmada, EST-SSR lokuslarından toplam 11.264 primer çifti başarıyla tasarlanmış ve 96 primer çifti rastgele seçilerek sentezlenmiştir. Ayrıca 16 Lei bambu çeşidini ve 10 farklı *Phyllostachys* türünü sınıflandırmak için toplam 54 primer çifti kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan 54 primer çifti arasındaki polimorfizm allelleri, *P. violascens* çeşitleri için 3 ile 12 arasında, *Phyllostachys* için 3 ile 20 arasında değişmiştir. Polimorfizme dayalı filogenetik ağaç, 16 *P. violascens* çeşidini ve 10 *Phyllostachys* türünü başarılı bir şekilde ayırt etmiştir.

Ma ve ark (2019), Illumina RNA-Seq tekniğini kullanarak ilk kez Çin alıcında (*Crataegus pinnatifida*) polimorfik EST-SSR markırları geliştirmişlerdir. Çalışmada, toplamda, 5091 EST-SSR lokusundan 14.364 unigen araştırılmıştır. En çok bulunan SSR'lar sırası ile di-nükleotitler (2012, %39.52), mono- (1989, %39.07) ve tri-nükleotitler (1024, %20.11) olarak belirlenmiştir. Bu EST-SSR'lardan toplam 300 primer çifti tasarlanmış ve Çin'in farklı coğrafi bölgelerinden toplanan 70 Çin alıcı genotipinin polimorfizm analizleri için kullanılmıştır. Çalışmada, 239 (%79,67) primerden amplifikasyon elde edilmiş, bunlardan 163 (%54,33)'ü polimorfizm göstermiştir. Son olarak, genetik çeşitlilik analizi için yüksek polimorfizmi olan 33 primer seçilmiş ve kapiller elektroforez genotipleme platformu kullanılarak 70 bireyde test edilmiştir. Toplam 108 allel, 33 SSR markeri ile amplifiye edilmiştir. Allel sayısı (Na), lokus başına 2 ile 14 (ortalama: 4.939) ve etkili allel sayısı (Ne), 1.258 ile 3.214 (ortalama: 2.221) olarak tespit edilmiştir. Gen çeşitliliği (He), gözlenen heterozigotite (Ho) ve polimorfizm bilgisi içeriği (PIC) ortalama değerleri sırasıyla 0.524 (aralık 0.205-0.689), 0.709 (aralık 0.132-1.000) ve 0.450 (aralık 0.184-0.642) olarak belirlenmiştir.

Wang ve ark (2019), *Magnolia wufengensis* bitkisinde *de novo* transkriptom dizileme yaparak EST-SSR markırları geliştirmişlerdir. Çalışmada, binlerce fonksiyonel markırın geliştirildiği binlerce EST oluşturmak için RNA-Seq

teknîği kullanılmıştır. Tanımlanan 9567 SSR'ın 8306'sı unigen dizileri içermiştir. Farklı SSR motif tipleri arasında, en fazla dinükleotid tekrarları (%50.8) ve bunu takiben trinükleotit tekrarları (% 32.4) bulunmuştur. AG / CT (%37.8) ve AAG / CTT (%11.8) en zengin tekrarlanan motifler olmuştur. Toplam bir 5203 EST-SSR yeni primer çifti, bir referans veritabanı oluşturmak için tasarlanmış; bunlardan, çiçek pigment oluşumuyla ilgili 33'ü, *M. wufengensis*'in beş çeşidi üzerinde test edilerek PCR ile doğrulanmıştır. Yirmi iki primer çiftinden, doğrulama çalışmaları sonucunda PCR ürünü elde edilmiştir. Ayrıca, markır başına allel sayısı 1 ile 6 arasında (ortalama 3.41) ve polimorfik bantlar 0 ile 6 arasında (ortalama 2.77) değişmiştir. Ek olarak, genetik uzaklık, antosiyanin ve flavonoid içerikleri de dahil olmak üzere bazı fenotipik indekslerle pozitif korelasyon göstermiştir. Ayrıca, bu EST-SSR markırlarını diğer ilgili türlere uygulamak, markırların %50.0-68.1'inin transfer edilebileceğini göstermiştir.

2.3. Bitkilerde RNA Sekanslama Tekniğiyle Gerçekleştirilen Diğer Çalışmalar

Azim ve ark (2014), mango bitkisinin yaprak transkriptom ve kloroplast genomunu yeni nesil dizileme teknolojisi kullanarak karakterize etmişlerdir. RNA-Seq analizlerinde Illumina HiSeq 2000 platformu kullanmışlardır. RNA-Seq analizleri ile 12 milyon okuma üretilmiş, de novo transkriptom analizleri sonucunda 30.509 unigen tespit edilmiştir. Genomik veri tabanları kullanılarak gerçekleştirilen BLAST analizleri sonucunda 25.593 mango unigeni (toplamın %80'i) anote edilmiştir ve mangonun en yakın komşusunun *Citrus sinensis* olduğu belirlenmiştir. 9.141 (%37) unigen *C. sinensis* ile eşleşmiştir. GO ve Clusters of Orthologous Group analizleri sonucunda unigen dizileri sırasıyla 57 ve 25 sınıfa ayrılmıştır. 13.500 fazla unigen 293 KEGG yolağında görev almıştır. KEGG tabanlı gen anotasyonu biyoaktif flavon, flavonol ve flavonoidlerin biyosentezi, terpenoid ve ligninlerin biyosentezi ve bitki hormon sinyal iletimini kapsayan biyokimyasal yolların dizilerinin varlığını göstermiştir. Çalışmada mango

transkriptom dizilerinin proteolitik enzimlerin 5 katalitik sınıfa ait 235 proteaz ile ilişkili olduğunu ortaya çıkarmıştır.

Zhao ve Song (2014) yaptıkları çalışmada, virüslere dayanıklı transgenik bitkiler geliştirmek için hpRNA'lara (hairpin-saç tokası) bağlı gen susturma sistemini geliştirmişlerdir. sRNA moleküllerini karakterize etmek için transgenik kiraz anaçlarının ekspresyon vektörü olan hpRNA'dan *Prunus necrotic ringspot* virüsünü (PNRSV-hpRNA) araştırmak amacıyla Illumina teknolojisi kullanılarak sekanslama yapılmıştır. Bunun için transgenik olmayan anaçlar ile PNRSV enfekte edilmiş kiraz anaçları kullanılmıştır. PNRSV sRNA havuzu analiz edildiğinde 24 nükleotitlik siRNA'ların (small interfering) transgenik anaçlarda yaygın bir şekilde bulunduğu, PNRSV enfekte edilmiş anaçlarda 21 nükleotidlik siRNA'ların bulunduğu tespit edilmiştir.

Wu ve ark (2014), mango (*Mangifera indica* Linn) meyvelerinde transkriptom ve proteomik analizler gerçekleştirmişlerdir. Çalışmada, gelişme ve olgunlaşma evreleri sırasında meyve perikarp ve posasından elde edilen örneklerin transkriptom dizilemesinde Illumina RNA-Seq teknolojisi kullanılmıştır. RNA-Seq analizleri sonucunda ortalama 858 bç uzunluğunda 54.207 transkript içeren toplam 68.419.722 okuma elde edilmiştir. Toplam olarak 42.515 (%78.43) transkript genel protein veri tabanları kullanılarak anote edilmiştir. KEGG analizleri sonucunda 23.741 (%43.79) transkriptin 128 yolakta görev aldığı belirlenmiştir. Bu yolların daha önce bilinmeyen transkriptler olduğu ortaya çıkmıştır. Metabolizma ile ilgili yollar; karbonhidrat metabolizması (2794 transcripts), yağ (1835 transcripts), amino asit metabolizması (1465 transcripts), nükleotid (1145) ve diğer sekonder metabolitlerin biyosentezinde (1084 transkript) temsil edilmiştir. Karbonhidrat metabolizmasında, en fazla nişasta ve süktroz (512 transkript) metabolizması temsil edilmiştir. Bu durum mango meyvelerinde gelişim ve olgunlaşma sırasında bol miktarda nişasta ve süktroz sentezi, yağ bileşiği ve amino asit sentezinin yapıldığını göstermiştir.

Bai ve ark (2014), 'Golden Delicious' elma çeşidini (*Malus communis*) kullanarak mevcut olan referans transkriptomları arttırmayı amaçlamışlardır. Bu amaçla Illumina HiSeq 2000 teknolojisi kullanarak RNA-Seq analizleri yapmışlardır. 'Golden Delicious' elma çeşidini kullanmışlardır. RNA-Seq analizleri sonucunda 'Golden Delicious' çeşidinin farklı büyüme ve gelişme aşamalarında toplam 168.5 milyon okuma ile 14 set spesifik RNA-Seq verisi elde edilmiştir. Genome-guided ve *de novo* analizleri birlikte kullanılarak 53.654 orjinal olduğu tahmin edilen ve 17.524 yeni transkript olmak üzere toplam 71.178 elma referans transkriptomları geliştirilmiştir. Çalışma sonucunda elde edilen bulguların elma referans transkriptomlarının tamamlanmasında önemli bir adımı temsil ettiği bildirilmiştir.

Wang ve ark (2014) yaptıkları çalışmada, demir tolerant bir elma türü olan *M. xiaojinensis* bitkisinde, demire toleranslılığın mekanizmasını açıklamayı amaçlamışlardır. Transkript verileri elde etmek ve demir eksikliği altında kök ve yapraklarda ifade olan genleri incelemek için RNA-Seq ve biyoinformatik analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu çalışma ile demir eksikliğinden sonra demir emilimi ile ilgili mekanizmanın moleküler yapısını açıklığa kavuşturmuşlardır. RNA-Seq analizleri sonucunda ortalama 864 bç uzunluğunda 74.839 transkript elde edilmiştir. 21.037 transkript (GO biyolojik proses sınıflandırmasına dayalı demir alımı, demir taşınımı ve sinyal iletimi ile ilişkili transkriptler) demir eksikliğinden sonra kök ve yapraklarda farklı seviyelerde ifade olmuştur. Demir taşınımı demir eksikliğinden 2 gün sonra güçlenirken, demir alımı demir eksikliği uygulamasından 12 saat sonra artmıştır. Etilen ve reaktif oksijen tutucu (ROS)-temelli sinyal yolağı demir kıtlığından 12 saat sonra aktive olmuştur. Oksin iletim yolağı 12 saat inhibe edilmiştir ve demir eksikliğin 2. gününde aktive olmuştur. Absisik asit ve jasmonik asit sinyal yolağı demir eksikliğinden 2 gün sonra tepki vermiştir. Elde edilen bu bulgular *M. xiaojinensis* bitkisinde, demir alımının demir eksikliğin erken döneminde, demir taşınımının ise demir eksikliğin geç döneminde arttığını göstermiştir.

Alkio ve ark (2014), kiraz (*Prunus avium* L.) meyvelerinin gelişiminde ekzokarp ile ilişkili genlerin ifade profillerini araştırmışlardır. Bu amaçla çiçeklenme ve olgunluk arasında 14 farklı zamanda topladıkları örnekleri kullanmışlardır. RNA dizileme analizleri sonucunda 665 milyon ham okuma elde edilmiştir. GO analizleri sonucunda biyolojik proses kategorisinde mum biyosentez prosesi, kütin biyosentez prosesi ve salisilik asit uyarımına cevap en fazla temsil edilen grup olarak belirlenmiştir. Salisilik asit sinyali patojen savunmasında önemli rol oynarken, mum ve kütin biyosentezinin kütikül oluşumunda gerekli olduğunu bildirmişlerdir.

Sanhueza ve ark (2015), kontrollü atmosfer kullanarak soğuk koşullar altında depolanan nektarin meyvelerinde (*Prunus persica* 'Red Pearl') transkriptomik analizler gerçekleştirmişlerdir. Araştırmacılar hasat sonrası soğuk depolama sırasında nektarin meyvelerinde meydana gelen soğuk hasarı mekanizmasını aydınlatmayı amaçlamışlardır. Kontrollü atmosfer (KA) altında depolamanın soğuk hasarını önlediği tespit edilmiştir. Çalışmada yeni hasat edilen meyveler, depolanmayan meyveler, soğuk depolamasından sonra soğuk hasarından etkilenmiş meyveler ve KA ile soğuk depolama kombinasyonunda soğuk hasarı göstermeyen meyveler kullanılmıştır. Kontrollü atmosfer koşullarında depolamanın soğuk hasarını nasıl önlediğinin mekanizmasının anlaşılması için farklı koşullarda 'Red Pearl' nektarinlerinin transkriptomik değişimi RNA-Seq aracılığıyla analiz edilmiştir. Çalışmada Illumina HiSeq 2000 platformu kullanılarak RNA-Seq analizleri gerçekleştirilmiştir. RNA-Seq analizleri sonucunda olgunlaşma sırasında, soğuk koşullara maruz bırakılmayan meyveler ile karşılaştırıldığında kontrollü atmosfer uygulamasına maruz kalan nektarinlerde genlerin benzer sayıda ifade olduğu belirlenmiştir. Sert çekirdekli meyvelerde yumuşak çekirdekli meyvelerden daha fazla sayıda farklı seviyede ifade olan gen tespit edilmiştir. Farklı seviyede ifade olan genlerin analizi soğuk koşullar ile düşük O₂ konsantrasyonu kombinasyonunun sadece soğuk depolamadan daha fazla metabolik prosesleri yavaşlattığını göstermiştir.

Wei ve ark (2015), kırmızı ve sarı kiraz (*P. avium* L.) meyvelerinde antosiyanin biyosentezi ile ilişkili genlerin transkriptom analizlerini karşılaştırmalı olarak gerçekleştirmişlerdir. Çalışmada *P. avium* L.'nin referans transkriptomu dizilenmiş ve meyve renginin transkripsiyonel belirleyicileri tespit edilmiştir. Kırmızı ve sarı meyvelerden oluşturulan cDNA kütüphaneleri yeni nesil Illumina/Solexa platformu kullanılarak dizilenmiştir. RNA-Seq analizleri sonucunda 43.128 unigen içeren 66 milyonun üzerinde okuma gerçekleştirilmiştir. Meyve olgunlaşmasının dört aşaması arasındaki transkriptom farklılıkları analiz edilmiştir. Antosiyanin biyosentezi ile ilişkili olan 72 unigeni biyolojik yolak analizleri ile ortaya koyulmuştur. Fenilalanin amonyak-liyaz (*PAL*), 4-kumarat-CoA ligaz (*4CL*), kalkon sentaz (*CHS*), kalkon izomeraz (*CHI*), flavanon-3-hidroksilaz (*F3H*), flavanon 3'-hidroksilaz (*F3'H*), dihidroflavonol 4-redüktaz (*DFR*), anthocyanidin sentaz (*ANS*) ve UDP glukoz: flavonol 3-Oglukosiltransferaz (*UFGT*) kodlayan unigenlerin ifade şablonu meyve olgunlaşması sırasında kırmızı ve sarı meyveler arasında farklılık göstermiştir. Ayrıca, antosiyanin biyosentezini kontrol edebilen bazı transkripsiyon faktör aileleri (*MYB*, *bHLH* ve *WD40* gibi) tespit edilmiştir. Antosiyanin enzimleri ve transkripsiyon faktörlerini kodlayan ifade seviyesi değişmiş 18 unigen qRT PCR analizleri ile doğrulanmıştır.

Wang ve ark (2015), *M. sieversii* f. *niedzwetzkyana* ile *M. domestica* 'Fuji' melezlemesi sonucu elde edilen F₁ populasyonunda kırmızı ve beyaz meyve etli elmalarda karşılaştırmalı olarak transkriptom analizleri gerçekleştirmişlerdir. Bu amaçla RNA dizileme teknolojisi olan Illumina HiSeq 2000 platformunu kullanmışlardır. RNA-Seq analizleri sonucunda kırmızı meyve etli elmalarda toplam 114 farklı seviyelerde ifade olan gen elde edilmiştir. Bu genlerden 88'i up regüle, 26'sı down regüle olmuştur. Up regüle olan 88 genin flavonoid biyosentez prosesi ve stres cevabı ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Çalışmada 20 up regüle aday genin ve 10 down regüle olan genin ifadesi qRT PCR ile doğrulanmıştır.

Ji ve ark (2015), kırmızı etli elma kalluslarında (*M. sieversii* f. *niedzwetzkyana*) oksin baskılanmış antosiyanin biyosentezinin transkriptom

profilini ortaya çıkarmışlardır. *In vitro* kallus kültürlerinde antosiyanin biyosentezinin eksojen oksin konsantrasyonları tarafından güçlü bir şekilde etkilenmesi, ancak bu mekanizmanın bilinmemesi nedeniyle araştırmacılar bu konuyu açıklığa kavuşturmayı hedeflemişlerdir. Bu mekanizmanın moleküler temelini anlamak için NAA (0.3 ve 10 mg/L) ve 2,4-D (0.03 ve 0.6 mg/L) uygulanmış elma kalluslarında RNA-Seq analizi gerçekleştirmişlerdir. 2,4-D uygulamasında toplam 3070 ve NAA uygulamasında toplam 2533 gen farklı seviyelerde ifade olmuştur. Bu genlerden her iki oksin uygulamasında ortak olarak 937 gen up regüle, 902 gen down regüle olmuştur. Vakuollere antosiyanin ve flavonoid sentezi ve taşınımı ile ilişkili genler genellikle down regüle olmuştur. 2,4-D ve NAA'nın yüksek konsantrasyonları oksinin taşınımını kolaylaştırmıştır ve homeostatik feedback regulatory loop ile ilişkili genlerin ifadesini teşvik etmiştir. Oksin sinyal yolağında, 9 Aux/IAA gen ailesi ve 7 ARF gen ailesi up regüle olmuştur. Ayrıca, 298 transkripsiyon faktörü 2,4-D ve NAA uygulamalarında farklı seviyede ifade olmuştur.

Yan ve ark (2015), yüksek oranda askorbik asit içeren ve medikal özelliklerinden dolayı geniş bir kullanım alanına sahip olan *Rosa roxburghii* Tratt. bitkisinde genomik bilgi eksikliğini gidermek amacıyla Illumina teknolojisini kullanarak transkriptomik sekanslama yapmışlardır. Çalışmada, 53 milyon net okuma elde edilmiştir. Ortalama 343 bp uzunluğunda 106590 unigen ortaya çıkmıştır. Sekans benzerliğine bağlı olarak bilinen proteinlerle karşılaştırıldığında 9301 ve 2393 gen tespit edilmiştir. 124 yolakla ilgili 7480 gen KEGG yolak data bankalarında karşılaştırma yapılarak ortaya konmuştur. BLASTx analizlerinde meyve gelişimi ile ilgili çeşitli transkripsiyon faktörlerini kodlayan 498 transkript elde edilmiştir. Ek olarak 9131 potansiyel SSR lokusu tanımlanmıştır.

Zhu ve ark (2015) yapmış oldukları çalışmada, Çin kirazı olarakta bilinen liçi *Litchi chinensis* çiçek tohumlarında gen ekspresyon profilini Illumina RNA sekanslama teknolojisi kullanarak araştırmışlardır. Çalışmada yaklaşık 47 milyon net okuma ortalama 837 bp uzunluğu ile 50604 diziden elde edilmiştir. Toplam

37650 unigen ilişkilendirilmiştir. 128 yolak KEGG yolak analizleri aracılığıyla açıklanmıştır. Sekonder metabolitlerin biyosentezi ve bitki hormon sinyal transdüksiyonu çiçek tomurcuklarında yüksek oranda tespit edilmiştir. Kritik bir periyot olan endodormanside 1644 farklı ifade olan gen (DEGs) ekspresyon profilinden elde edilmiştir. KEGG yolak analizlerinde, fitohormon metabolizması gibi çeşitli metabolik süreçler gösterilmiştir.

Niu ve ark (2015) tarafından içerdiği uçucu yağ, karakteristik aroma, medikal ve ekonomik özelliklerinden dolayı önemli ağaç türlerinden biri olan *Lindera glauca* bitkisinin farklı dokulardaki esansiyel yağ oluşumu ve birikmesinin mekanizması açıklanmıştır. Çalışma kapsamında kök, gövde, yaprak ve çiçeklerde RNA sekanslama teknolojisi kullanılarak (Illumina) transkriptom analizleri yapılmıştır. Farklı *L. glauca* dokularından toplamda 27.2 GB'lık okuma (ortalama 92.7 bç) gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonunda elde edilen toplam 264831 unigen arasından 98141 unigen farklı data bankalarında eşleştirilmiş ve terpenoid biyosentezi ile ilgili 114 potansiyel unigen tespit edilmiştir.

Legay ve ark (2015), elmalarda ekzokarpa meydana gelen ve russeting olarak adlandırılan bozulmanın mekanizmasını RNA-Seq analizleri ile araştırmışlardır. Bulk transkriptomik profillemeye üç russeted ('Patte de loup', 'Reinette Parmentier', 'St Edmund's Pippin') ve üç mumlanan ('CRAW/Ma/AF42', 'CRAW/ma/AG94', 'Gala') elma çeşitlerinin ekzokarpları kullanılarak gerçekleştirilmiştir. RNA-Seq analizlerinde Illumina platformu kullanılmıştır. GO analizleri russeted ekzokarplarda lignin ve kütikül biyosentez genlerinin baskılandığını, bununla birlikte suberin birikimi, stres cevabı, birincil algı, NAC ve MYB ailesi transkripsiyon faktörleri ve spesifik triterpen biyosentez genlerinin ifadesinin arttığını ortaya çıkarmıştır. Özellikle MYB93 benzeri transkripsiyon faktörü ve anahtar suberin biyosentetik genleri arasında güçlü bir korelasyon ($R^2 = 0.976$) bulunmuştur. Gerçekleştirilen bu çalışmaya ait bulgular russeting durumunun yalnızca suberin birikimi değil, aynı zamanda hücre

duvarının tüm yapısını etkileyen stres cevabına yol açan kütikül biyosentez genlerinin ifadesinin azalmasıyla indüklendiğini göstermiştir.

Wu ve ark (2015) elmada, karbonhidrat metabolizması ve stres cevabı ile ilişkili, fotosentezin en önemli ürünü olan sorbitol sentez mekanizmasını araştırmışlardır. Çalışmada, sorbitol fonksiyonunu anlamak için aldoz-6-fosfat redüktaz (A6PR)'ın baskılanmış ifadesini sergileyen 'Greensleeves' elma çeşidinin transgenik hatlarının yaprakları kullanılmıştır. İki antisens (A04 ve A10) ve kontrol grubu kullanılarak analizler gerçekleştirilmiştir. Transkriptom karakterizasyonu için RNA-Seq analizleri yapılmıştır. RNA-Seq analizlerinde Illumina Hiseq 2000 platformu kullanılmıştır. Antisens hatlarda 'stres ilişkili proses' kategorisine ait önemli ölçüde zenginleştirilmiş gen ontolojileri tespit edilmiştir. Bunlar absisik asit, salisilik asit ve jasmonik asit, nükleotid bağlayıcı site lörin-zengin tekrar (NBS-LRR) hastalık direnci genleri ve ATP-bağlayıcı kaset (ABC) taşıyıcı genlerin sentez/yıkımı ile ilişkili genleri kapsamaktadır. Bu elma ağaçlarında biyotik ve abiyotik strese cevapta sorbitolün önemli rol oynadığını göstermektedir.

Garcia-Seco ve ark (2015), böğürtlenle RNA-Seq analizleri ile transkriptom dizilemesi gerçekleştirmişlerdir. Rosaceae türleri için çok geniş bir genomik verinin olduğunu, fakat *Rubus* cinsinde bu verilerin yetersiz olduğunu bu yüzden de yeni çeşitlerin ıslah edilmesi çalışmalarının kısıtlandığını bildirmişlerdir. Bu amaçla bahçe koşullarında yetişen olgun böğürtlenler kullanarak RNA dizileme çalışmaları yürütmüşlerdir. RNA-Seq analizlerinde Illumina HiSeq 2000 teknolojisini kullanmışlardır. Çalışma sonucunda 9 milyar baz dizilenmiştir. Biyoinformatik analizler sonucunda 42062 consensus dizisi elde etmişlerdir. Elde ettikleri bu dizilerin fonksiyonel anotasyonunu farklı veri bankaları kullanarak araştırmışlardır. Sonuç olarak, 34552 dizinin fonksiyonu bilinen genler ile homoloji gösterdiği tespit edilmiştir. Bu çalışmada elde edilen bulgular genomik bilginin oldukça az olduğu olgun böğürtlenler için önemli bir veri sağlamıştır.

Chen ve ark (2016) yapmış oldukları çalışmada, hasat sonrası çilek (*Fragaria vesca*) meyvelerinde eksojen oksin ve absisik asit yanıtında fizyolojik ve

transkriptomik değişimleri araştırmışlardır. Eksojen IAA hasat sonrasında çileklerin olgunlaşma prosesini yavaşlatmakta iken ABA hasat sonrası olgunlaşma hızlandırmaktadır. Bununla birlikte, IAA ve ABA'nın birlikte uygulanması çilek meyvelerinde hasat sonrası olgunlaşmada değişim olmamıştır. Bu mekanizmanın araştırılmasında Illumina HiSeq 2000/2500 RNA dizileme platformunu kullanılmıştır. Moleküler düzeyde değerlendirildiğinde, AUX/IAA, ARF, TOPLESS ve E3 ubiquitin protein ligaz kodlayan genleri içeren IAA sinyali ile ilişkili genlerin ifadesi up regüle, pektin polimerizasyon, hücre duvarı degradasyonu, sükroz ve antosiyanin biyosentezi ile ilişkili genlerin ifadesi ise down regüle olmuştur. Eksojen ABA, meyve yumuşaması ile ilgili genleri ve *SKP1*, *HSPs*, *CK2*, ve *SRG1*'i kapsayan sinyal yolağı ile ilişkili genleri teşvik etmiştir. Farklı ifade olan genlerin %17'si IAA ve ABA'nın birlikte uygulandığı gruba özgü olmuştur.

Xue ve ark (2017), yürüttükleri çalışmada iki farklı nar çeşidi (Tunusia ve Sanbai) kullanmışlardır. Çalışmalarında ilk olarak çeşitlerin lignin içeriklerini farklı meyve gelişim dönemlerinde tespit etmişlerdir. Lignin içeriklerinin Sanbai çeşidinde tam çiçeklenmeden 120 gün sonra %29.81 olduğu, Tunusia çeşidinde ise %25.81 olduğunu belirlemişlerdir. Bu çeşitler kullanılarak *de novo* transkriptom dizileme çalışmaları gerçekleştirmişlerdir. Çalışma sonucunda farklı uzunluklarda toplam 104.142 unigen belirlemişlerdir. Elde edilen unigenler farklı veri tabanlarında araştırılmış ve GO çalışmaları yürütülmüştür. Araştırmacılar, GO analizlerinde metabolik proses sınıflandırmasında en fazla genin aynı şekilde biyolojik proses sınıfında yer aldığını, hücresel komponent sınıflandırılmasında ise en fazla genin hücrenin bölümlerinde olduğunu, moleküler fonksiyonlara göre sınıflandırmada ise en fazla genin katalitik ve bağlanma aktivitesi olduğunu belirlemişlerdir. Hücre duvarının gelişmesine ve ligninleşmeye katkı sağlayan 100'ün üzerinde gen tespit etmişlerdir. Ayrıca, yolak analizleri sonucunda ligninleşme mekanizması ile ilişkili genlerin yer aldığı yolaklar tespit edilmiştir.

Ayrıca, ligninleşme için önemli bir görev üstlenen peroksidaz geninin ifadesinin önemli seviyede farklı olduğunu bildirmişlerdir.

Akgöl (2017), nar meyvelerinde tohum sertliği-yumuşaklığının oluşmasından sorumlu aday genleri RNA sekanslama yöntemi ile araştırmıştır. Bu amaçla daha önce yapılmış çalışmalardan belirlenmiş yumuşak çekirdekli olan “33N26” ve sert çekirdekli olan “Hicaznar” çeşitlerini kullanmıştır. Çalışmada her iki çeşitten de meyveler, tozlanma ve döllemenin ardından, meyve tutumunu takiben belirli aralıklarda alınmış ve meyveler açılarak ilgili çeşitlere ait tohumlar kullanılmıştır. Toplanan tüm örneklerde çekirdek oluşum mekanizmasının histolojik olarak belirlenebilmesi için mikroskopik gözlemler yapılmıştır. Bu gözlemler sonucunda belirlenen dönemlere ait örnekler RNA sekanslama analizlerinde kullanılmıştır. Moleküler analizler için seçilen örneklerden toplam RNA izolasyonu, ardından RNA dizileme işlemleri gerçekleştirilmiştir. Tüm dizilemeler sonucunda toplam olarak 59.264 unigen tespit edilmiştir. GO analizleri sonucunda 12.328 unigenin fonksiyonu belirlenmiştir. KEGG analizleri sonucunda ise 27.698 unigenin hangi yollarda görev aldığı tespit edilmiştir.

Şimşek ve ark (2019), yapmış oldukları çalışmada, turuncgillerde nüseller embriyo mekanizması ile ilişkili genleri belirlemişlerdir. Çalışmada bitkisel materyal olarak %99 apomiktik tohumlar üreten ‘Orlando Tangelo’ ve monoembriyonik bir çeşit olan ‘Klemantin Mandarin’ kullanılmıştır. İlk olarak ‘Orlando Tangelo’ genotipinde nüseller embriyo başlangıç hücrelerinin hangi dönemde farklılaşmaya başladığı histolojik analizler ile belirlenmiştir. Histolojik analizler sonucunda nüseller embriyo başlangıç hücrelerinin tozlanmayı takip eden üçüncü günde farklılaşmaya başladığı tespit edilmiştir. RNA-Seq analizleri Illumina HiSeq™ 2000 ile gerçekleştirilmiş ve dizilerde kalite kontrol testleri yapılmıştır. Çalışmada referans genom olarak *Citrus clementina* kullanılmıştır. Daha sonra örnekler arasında farklı seviyelerde ifade olan genler belirlenmiş ve bu genlere dayalı olarak gen ontolojisi (GO) analizleri gerçekleştirilmiştir. Orlando balon- Orlando 3. gün örneklerinde 2359 (1996 up regule, 363 down regule) ve

klemantin 3. gün-Orlando 3. gün örneklerinde ise 2123 (1372 up regule, 751 down regule) farklı ifade olan gen (DEGs) belirlenmiştir. Bu veri seti nüseller embriyoni mekanizması için turunçgil transkriptom değişiklikleri ile ilişkili değerli bilgiler sağlamıştır. Çalışma sonunda elde edilen bulguların, poliembriyoni için önemli olan genlerin tanımlanması ve fonksiyonel analizleri için gelecekteki çalışmalara klavuz olabileceği vurgulanmıştır.

He ve ark (2019), beyaz (Feitao) ve kırmızı (Qiuxue) meyve kabuklu şeftali çeşitlerinde RNA-Seq teknolojisine dayanan transkriptomik dizileme gerçekleştirmişlerdir. Yapılan analizler sonucunda, iki çeşidin meyve kabuğunda farklı şekilde transkripte olan 2407 gen tanımlanmıştır. Bunlar arasında antosiyanin sentezine katkıda bulunduğu bilinen birkaç gen bulunmuştur. On dört farklı transkripte olmuş geni doğrulamak için qRT-PCR analizleri gerçekleştirilmiştir. Geç olgunlaşma safhasında Qiuxue meyvesinin kabuğunda antosiyanin sentezi gözlenmiş ve antosiyanin sentezinin son basamağı olan UDP glikozunu: flavonoid 3-O-glukosiltransferazı kodlayan genin yüksek transkript bolluğu ile eşleşmiştir.



3. MATERYAL METOD**3.1. Materyal****3.1.1. Bitkisel Materyal**

Tez çalışmasında bitkisel materyal olarak Adana ilinden selekte edilen bir siyah meyveli ve bir beyaz meyveli olmak üzere iki mersin genotipi kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan mersin bitkilerine ait görüntü Şekil 3.1’de sunulmuştur.



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan mersin bitkileri. A: Beyaz meyveli mersin genotipi, B: Siyah meyveli mersin genotipi

3.2. Metod

Transkriptom analizi ve SSR markırlarının geliştirilmesi amacıyla iki farklı Mersin genotipine ait örnekler ile RNA sekanslama analizleri gerçekleştirilmiştir. RNA sekanslama analizlerinde yeni nesil sekanslama yöntemleri kullanılmıştır. Bu amaçla, Illumina HiSeq 2000 Sequencing cihazı kullanılmıştır. RNA-Seq analizleri ve de novo analizleri, Aka Kaçar ve ark (2016)'nin izlediği yöntem kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

3.2.1. RNA izolasyonu

RNA izolasyonu için iki farklı ekstraksiyon buffer hazırlanmıştır.

Ekstraksiyon Buffer I: Bu solüsyonun hazırlanmasında %2 CTAB (Sietiltrimetil amniyum bromid), 25 mM EDTA (Etilen daimin tetra asedik asit), 100 mM Tris-HCL (pH:8), 2.0 M NaCl, 0.5 g/L Spermidin ve %2 PVP (Polyvinilpirolidon MA: 2.5g/mol) kullanılmıştır.

Solüsyon 121 °C'de 20 dk otoklav edilmiştir. Kullanılmadan önce 50 µg/ml proteinaz K eklenmiştir.

Ekstraksiyon Buffer II: Bu solüsyonun hazırlanmasında %2 CTAB, 1 mM, 10 mM Tris-HCL (pH:8), 1.0 M NaCl, 0.5 g/L Spermidin ve %0.5 Sodyum doesil sulfat (SDS) kullanılmıştır.

Ekstraksiyon Buffer II 121 °C'de 20 dakika otoklav edilmiş ve kullanılmadan önce 65 °C'ye kadar ısıtılmıştır.

Diğer Solüsyonlar: RNA izolasyonunda ayrıca kloroform: isoamil alkol (24:1), otoklavlanmış ve 4 °C'de muhafaza edilmiş 10 M lityum klorit, %70'lik etanol (DEPC ile hazırlanmış saf etanol), isopropanol (DEPC ile hazırlanmış) ve 3 M sodyum asetat (NaOAc, pH:5.2) solüsyonları kullanılmıştır.

3.2.1.1. RNA İzolasyon Aşamaları

- ✓ Örnekler havanda sıvı azot yardımıyla öğütülmüştür.
- ✓ Öğütülmüş örneklerden 100 mg alınarak 2mL'lik tüplere aktarılmıştır. Üzerlerine 65 °C'ye getirilmiş Ekstraksiyon Buffer I eklenmiştir. Daha sonra hızlı bir şekilde 20 µL β-merkaptoetanol eklenmiştir.
- ✓ Bu solüsyon 65 °C'de 15 dk inkübe edilmiştir.
- ✓ Örnekler 10 000xg'de 10 dk 4 °C'de santrifüj edilmiştir.
- ✓ Süpernatant 2 mL'lik tüplere transfer edilmiş ve eşit hacimli kloroform:isoamilalkol (24:1) eklenmiştir. Ardından 13 000xg'de 10 dk santrifüj edilmiştir
- ✓ Süpernatant yeni tüplere aktarılmış ¼ hacminde 10 M LiCl eklenmiştir. Tüpler ters çevirilip 4 °C'de bir gece bekletilmiştir.
- ✓ Tüpler 20 000xg'de 40 dk 4 °C'de santrifüj edilmiştir.
- ✓ Pelet 500 µL %70'lik soğuk etanol ile yıkanmıştır (Bu aşama iki defa tekrar edilmiştir).
- ✓ 300 µL önceden ısıtılmış ekstraksiyon buffer II pelete eklenmiş, 65 °C'lik su banyosu öncesinde 15 dk erimesi beklenmiştir.
- ✓ Eşit hacimli 24:1 kloroform ve isoamilalkol eklenmiş ve vortekslenmiştir. Karışım 13000 xg'de 10 dk 4 °C'de santrifüj edilmiştir (Bu aşama iki kere tekrar edilmiştir).
- ✓ Üzerine 0.1 oranında 3 M NaOAc (pH:5.2) ve 0.6 oranında isopropanol eklenerek karıştırılmış ve -20 °C'de 2 saat inkübe edilmiştir.
- ✓ Tüpler 20000xg'de 30 dk 4 °C'de santrifüj edilmiş ve pelet %70'lik etanol ve soğuk su ile yıkanmış, ardından 15 dk havlu üzerinde kurutulmuştur.
- ✓ Elde edilen RNA üzerine 30 µL DEPC su ve DNase I (1 ünite/1 µg RNA) eklenmiştir.

3.2.2. RNA Saflığı, Sağlamlığı ve Kalitesinin Ölçülmesi

İzole edilen RNA'nın saflığı ve konsantrasyonu NanoDrop spektrofotometre ve Agilent Bioanalyzer 2100 cihazı ile ölçülmüştür. RNA kalitesi ise 28S ve 18S ribozomal RNA alt birimlerinin varlığı ile değerlendirilmiştir. RNA'nın alt birimlerinin varlığı agaroz jel elektoroforezi ile belirlenmiştir. Bu amaçla %1 oranında agaroz gel hazırlanmıştır. Agaroz jel içerisine %0.05 oranında etidyum bromid eklenmiştir. İzole edilen RNA örneklerinden ise 1 µL alınmış üzerine 1 µL 6X yükleme boyası ve 5 µL ddH₂O eklenerek 120 voltta 2 saat süreyle koşturulmuştur. Agaroz jel UV ışık altında görüntülenmiştir.

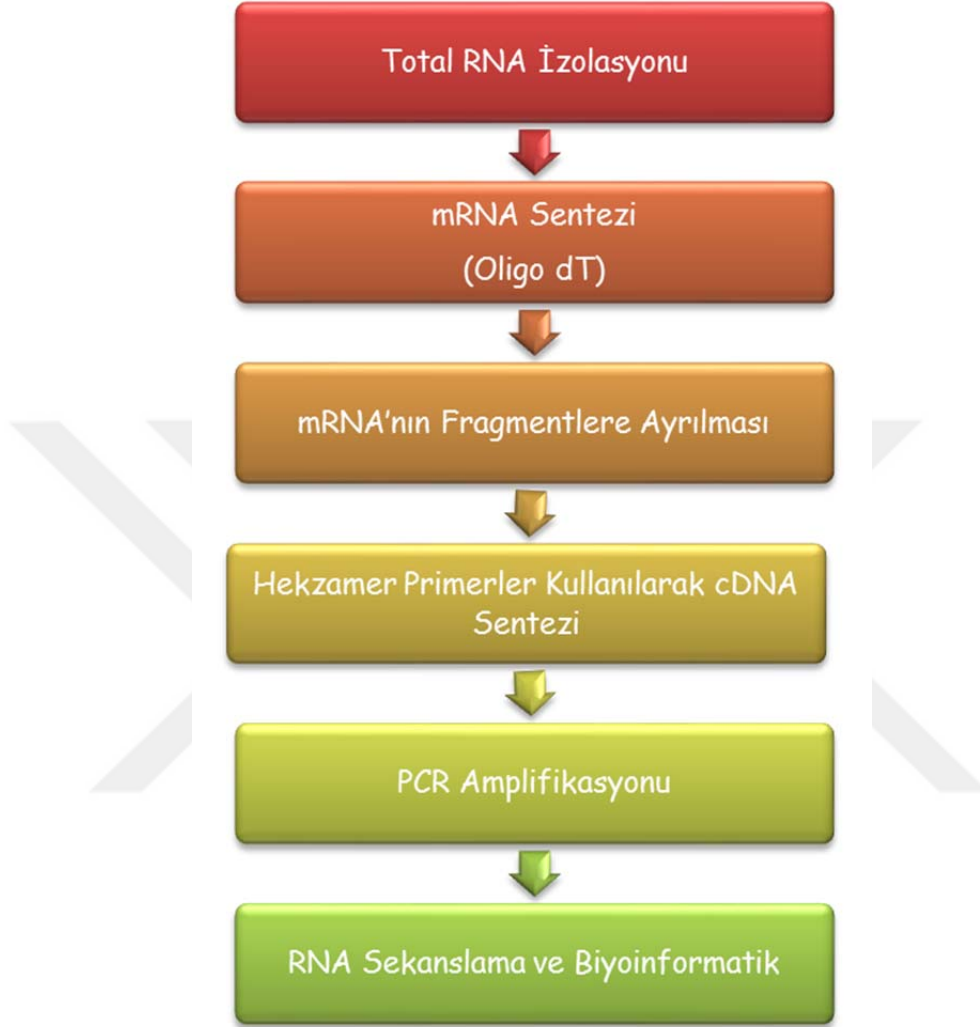
3.2.3. RNA Sekanslama Metodu

RNA sekanslama çalışmaları Beijing Genomics Institute (BGI) bünyesinde gerçekleştirilmiştir. Tez çalışmasında kullanılan örneklerin RNA izolasyonu ve herhangi bir DNA kontaminasyonunu engellemek amacıyla kullanılan Dnase 1 uygulamasından sonra mRNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Total RNA'lardan mRNA'ların izole edilmesinde manyetik bilyeler kullanılmıştır. Yöntem olarak ise Oligo dT tekniği tercih edilmiştir. mRNA'ların izole edilmesinden sonra her örnek üzerine fragmentasyon bufferı eklenerek mRNA'ların parçalara ayrılması sağlanmıştır. Bu işlem sonrasında mRNA'ların kalıp olarak kullanılması ile cDNA sentezi gerçekleştirilmiştir. Kısa cDNA zincirleri EB (10 mM Tris-Cl, pH 8.5) buffer içerisinde çözülmüş ve saflaştırılmıştır. Bu şekilde RNA sekanslamada kullanılan kütüphane oluşturulmuştur. Daha sonra kütüphane Illumina HiSeq™ 2000 cihazı (Şekil 3.2) kullanılarak sekanslanmıştır.



Şekil 3.2. RNA-Seq Analizlerinde Kullanılan Cihaz

RNA sekanslama işlemleri sırası ile Şekil 3.3'te şematize edilmiştir.



Şekil 3.3. RNA Sekanslama İşlemleri

3.2.3.1. Transkripsiyon *De novo* Çalışma Süreci

Toplam RNA ekstraksiyonu ve DNase I muamelesi yapıldıktan sonra oligo(dT)'ler mRNA izolasyonu için kullanılmıştır. Fragmentasyon bufferı ile karıştırılıp mRNA'lar fragmente edilmiştir. mRNA fragmentleri template olarak kullanılarak cDNA sentezi yapılmıştır. Kısa fragmanlar EB buferi ile saflaştırılmış, ayrıştırılmış ve tek adenin nükleotidi eklenmiştir. Daha sonra kısa fragmanlar

adaptörlere bağlanmıştır. PCR amplifikasyonu için uygun fragmentler seçilmiştir. QC aşaması süresince Agilent 2100 Bioanaylzer ve ABI StepOnePlus Real-Time PCR sistemleri örnek kütüphane kuantifikasyon ve kalifikasyon için kullanılmıştır. Daha sonra kütüphane Illumina HiSeq 3000 cihazı kullanılarak sekanslanmıştır.

Sekanslama sonrasında ham okumalar elde edilmiştir. İlk olarak bilinmeyen baz sıraları (N), adaptör kirliliğinden kaynaklı sıralar ve düşük kaliteli okumalar filtrelenmiş ve net okumalar elde edilmiştir. Daha sonra net okumalarla gerçekleştirilen *de novo* birleştirmesi unigen'lerin elde edilmesini sağlamıştır. Fonksiyonel ilişki ve ekspresyon sonuçları iki örnek arasında ileri fonksiyonel analizler DEG (Differentially Expression Gene) ile tespit edilmiştir.

3.2.3.2. Sekansların Filtrelenmesi

Downstream analizlerinden önce bilinmeyen baz sıraları (N), adaptör kirliliğinden kaynaklı sıralar ve düşük kaliteli okumalar tespit edilmiş ve bunlar internal software kullanılarak aşağıdaki aşamalardan geçirilerek filtrelenmiştir.

1. Sekansların adaptörlerden ayrılması
2. Sekansların bilinmeyen baz okumalarından ayrılması (%5'ten fazla)
3. Düşük kaliteli sekansların ayrıştırılması (%10'dan küçük kalitede olan okumalar)

Filtreleme işleminden sonra ham sekanslar net sekanslar (clean reads) olarak ifade edilmektedir. Net okumalar FASTQ sistemi ile saklanmıştır.

3.2.3.3. *De novo* Analizleri

Trinity kullanılarak PCR dublikasyonları net okumalardan ayıklanmıştır. Trinity üç farklı bağımsız program modüllerinden oluşmaktadır. Bunlar: Inchworm, Chrysalis ve Butterfly'dır. Bu modüller büyük hacimli sekans

okumalarını sağlamaktadır. Trinity modülleri sekans datalarını parçalara ayırarak bağımsız grafikler oluşturmaktadır. Her grafik gende veya lokusta transkripsiyonel kompleksliğini göstermektedir. Daha sonra her grafiği bağımsız olarak değerlendirerek büyük uzunlukta splice izoformlarını ayırmaktadır.

3.2.3.4. DEG ve Cluster Analizleri

DEG analizleri PossionDis kullanılarak yapılmıştır. Cluster analizleri ise birden fazla grup varlığında yapılmıştır. Gruplar arasında kesişme olup olmadığı tespit edilmiştir.

3.2.3.5. DEG Gen Ontoloji ve KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) Analizleri

GO analizleri DEG'lerin sınıflandırılması için yapılmıştır. Genler biyolojik proses, hücresel komponent ve moleküler fonksiyonlarına göre sınıflandırılmıştır. Araştırmada kullanılan örnekler arasında farklı seviyede ifade olan genlerin hangi yolaklarda görev aldığı ise KEGG analizleri ile belirlenmiştir.

3.2.4. SSR Bölgelerinin Belirlenmesi

RNA sekanslama sonucunda elde edilen dizilerde Kmer-SSR programı kullanılarak dizilerde tekrar bölgeleri ve motifleri belirlenmiştir. Bu bölgelere uygun primerler tasarlanarak SSR markırları geliştirilmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Tez çalışması kapsamında SSR markırlarının geliştirilmesi amacıyla Illumina HiSeq 2000™ platformu kullanılarak RNA-Seq çalışmaları yürütülmüştür. RNA sekanslama analizlerinde biri siyah, diğeri beyaz meyveli mersin genotipleri kullanılmıştır.

4.1. RNA İzolasyonu

Tez çalışması kapsamında gerçekleştirilen moleküler analizler için bitkisel materyallerden RNA izolasyonları gerçekleştirilmiştir. RNA izolasyonunda mersin bitkilerine ait taze yaprak örnekleri kullanılmıştır. RNA izolasyonları sonucunda elde edilen RNA kalite ve miktarları agaroz jelde koşularak, Nanodrop ve Agilent Bioanalyzer 2100 kullanılarak belirlenmiştir.

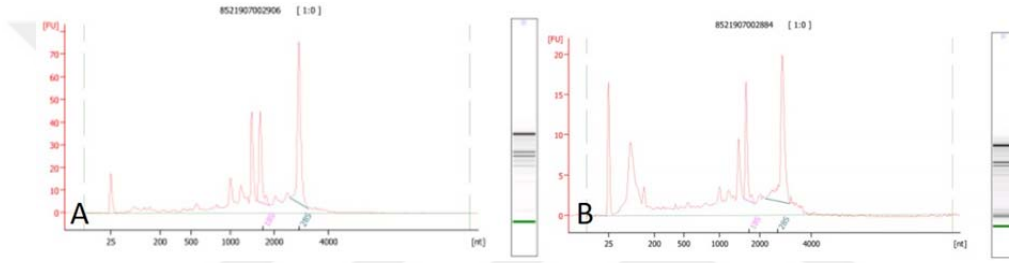
Agaroz jel elektroforezi sonuçları incelendiğinde ribozomal RNA'ların alt birimleri olan 28S ve 18S rRNA'ların net olarak gözlendiği ve 28S'in 18S'e göre daha parlak olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca net olmasa da 5s alt biriminin de varlığı tespit edilmiştir. Ayrıca tez çalışmasında kullanılan RNA örneklerinin kalite ve miktarlarına spektrofotometre aracılığıyla da bakılmıştır. Nanodrop ile yapılan ölçümler sonrasında elde edilen bulgular Çizelge 4.1'de gösterilmiştir.

Çizelge 4.1. Tez çalışmasında kullanılan RNA örneklerinin Nanodrop ile yapılan ölçümlerine ait sonuçlar

Örnek	ng/μL	A260	260/280	260/230
Beyaz meyveli - B	562.78	11.575	2.11	2.37
Siyah meyveli - S	495.18	11.892	2.12	2.36

RNA örneklerine ait spektrofotometrik sonuçlar değerlendirildiğinde elde edilen RNA miktarlarının 495.18 ve 562.78 ng/μL olduğu belirlenmiştir. 260/280 nm verdikleri dalga boylarının da 2.11 ve 2.12 olduğu gözlenmiştir. Bu sonuç

RNA'nın yüksek kalitede olduğu ve protein kontaminasyonu içermediğini göstermektedir. 260/230 nm dalga boyundaki absorbans değerleri incelendiğinde, RNA örneklerinin 2.37 ve 2.36 olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar değerlendirildiğinde polisakkarit kontaminasyonu olmadığı belirlenmiştir. Çalışma kapsamında izolasyonları gerçekleştirilen RNA'ların kaliteleri Agilent Bioanalyzer 2100 cihazı ile doğrulanmıştır. Bioanalyzer ile yapılan ölçümler sonucunda tüm örnekler için elde edilen sonuçlar Şekil 4.1'de sunulmuştur.



Şekil 4.1. Agilent Bioanalyzer ile yürütülen RNA Analiz Sonuçları. A. Beyaz meyveli mersin genotipi, B. Siyah meyveli mersin genotipi

Bioanalyzer sonuçları incelendiğinde, tüm örnekler için RNA'nın alt birimleri olan 28S ve 18S'in başarılı bir şekilde elde edildiği tespit edilmiştir. Tüm bu sonuçlar değerlendirildiğinde izole edilen RNA'ların RNA-Seq analizleri için uygun olduğu belirlenmiştir.

4.2. RNA Sekanslama Analizleri

Mersinde SSR markırlarının geliştirilmesi amacıyla yürütülen bu tez çalışmasında RNA-Seq analizleri Illumina HiSeq™ 2000 cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Sekanslama analizlerinde biri beyaz diğeri siyah meyveli mersin genotipleri kullanılmıştır. Tüm örneklerde dizileme çalışmalarının tamamlanmasını takiben ham veriler elde edilmiştir. *De novo* analizlerinden önce ilk olarak adaptörler dizilerden ayıklanmıştır.

Mersin genotiplerine ait RNA'lar Illumina HiSeq 2000 cihazı kullanılarak sekanslanmıştır. RNA dizilemesi gerçekleştirilen örneklerde 60.75 Mb uzunluğunda toplam ham okuma yapılmıştır. Çalışmada kullanılan tüm örneklerde %98'in üzerinde temiz okuma tespit edilmiştir. RNA-Seq analizlerinde elde edilen okuma verilerine ait bilgiler Çizelge 4.2'de sunulmuştur.

Çizelge 4.2. RNA-Seq analizlerinde elde edilen okuma verilerine ait bilgiler

Örnek	Toplam Ham Okuma (Mb)	Toplam Temiz Okuma (Mb)	Toplam Temiz Baz Sayısı (Gb)	Temiz Okuma Q20 (%)	Temiz Okuma Q30 (%)	Temiz Okuma Oranı (%)
B	60.75	59.10	8.86	98.60	96.00	97.28
S	60.75	59.14	8.87	98.66	96.16	97.35

Okumalar filtrelendikten sonra, temiz okumalar ile *de novo* analizlerini gerçekleştirmek için Trinity programı kullanılmıştır. Transkriptlerin kalite ölçütleri Çizelge 4.3'te gösterilmiştir. Örneklerde 111 binin üzerinde transkript elde edilmiştir. Transkriptlerin toplam uzunluğu 79.141.165-93.880.054 arasında, ortalama uzunluk ise 862-844 arasında değişmiştir. N50 verileri ise 1.523-1.570 arasında değişiklik göstermiştir. Tüm transkriptlerde GC bazlarının oranı %45 civarında belirlenmiştir.

Çizelge 4.3. Transkriptlerin kalite ölçütleri

Örnek	Toplam Sayı	Toplam Uzunluk	Ortalama Uzunluk	N50	N70	N90	GC (%)
B	91.783	79.141.165	862	1.523	935	332	45.33
S	111.166	93.880.054	844	1.570	897	314	45.31

Transkriptlerin unigenlere kümelmesi için Tgicl programı kullanılmıştır. Kümelenen kalite ölçütleri, Çizelge 4.4'te sunulmuştur. Çizelge 4.4 incelendiğinde tüm unigenlerin sayısı 68.476-79.802, toplam uzunluk ise 68.352.675-79.867.395

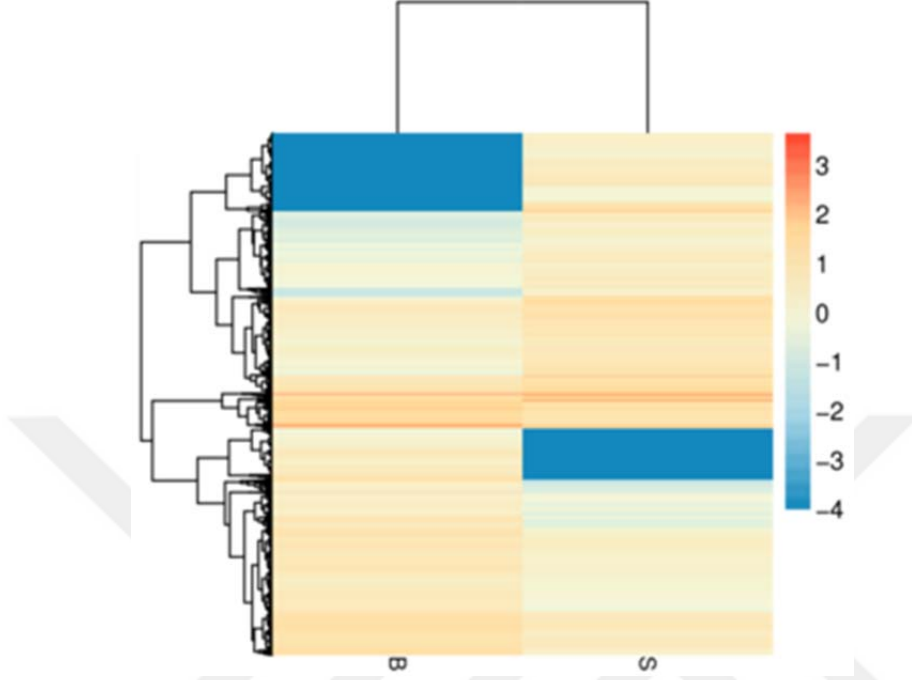
olarak belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan örneklerde ortalama uzunluk 998 ile 1.000 arasında değişiklik göstermiştir. N50 verileri 1.628-1.698 arasında değişmiştir. Tüm transkriptlerde GC bazlarının oranı %45 civarında belirlenmiştir.

Çizelge 4.4. Unigenlerin kalite ölçütleri

Örnek	Toplam Sayı	Toplam Uzunluk	Ortalama Uzunluk	N50	N70	N90	GC (%)
B	68.476	68.352.675	998	1.628	1.079	419	45.32
S	79.802	79.867.395	1,000	1.698	1.085	400	45.33

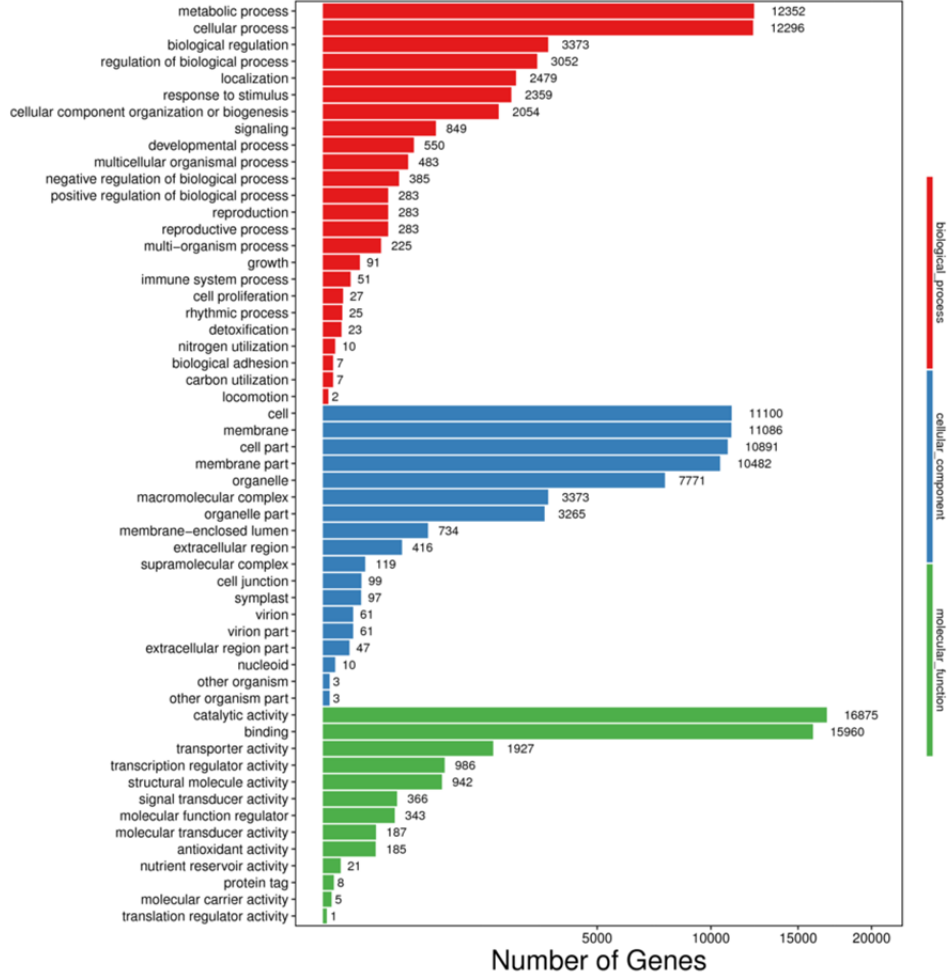
Mersin örneklerinin arasında farklı seviyede ifade olan genler incelendiğinde toplam gen sayısının 20.638 olduğu tespit edilmiştir. Bu genlerden 10.600 tanesinin up-regüle, 10.038'inin de down-regüle ifade seviyelerine sahip olduğu belirlenmiştir. Down regülasyon RNA veya protein gibi hücresel yapıların miktarında azalma olacak şekilde bir genin ifade olmasıdır. Up regülasyon ise hücresel komponentlerin artışı sağlayacak şekilde bir genin ifade olmasıdır (Şimşek, 2016). Bir genin up veya down regülasyon özellik göstermesi bulunduğu doku, dönem ve/veya koşula göre farklılık gösterebilir.

Tez çalışmasında kullanılan örnekler arasında çoklu karşılaştırmalar yapılarak gen tabanlı cluster analizleri de gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla iki mersin genotipine ait HeatMap görüntüsü Şekil 4.2'de sunulmuştur.



Şekil 4.2 Mersin örnekleri arasındaki farklı ifade olan genlerin HeatMap görüntüsü

Tez çalışmasında kullanılan örnekler arasında farklı seviyelerde ifade olan genlere ait GO analizleri yürütülmüştür. GO analizleri sonucunda genler hücresel komponent, moleküler fonksiyon ve biyolojik proseslerine göre sınıflandırılmıştır. Beyaz meyveli ve siyah meyveli mersin genotipleri arasındaki farklı seviyelerde ifade olan GO verileri, Şekil 4.3'te, gösterilmiştir.

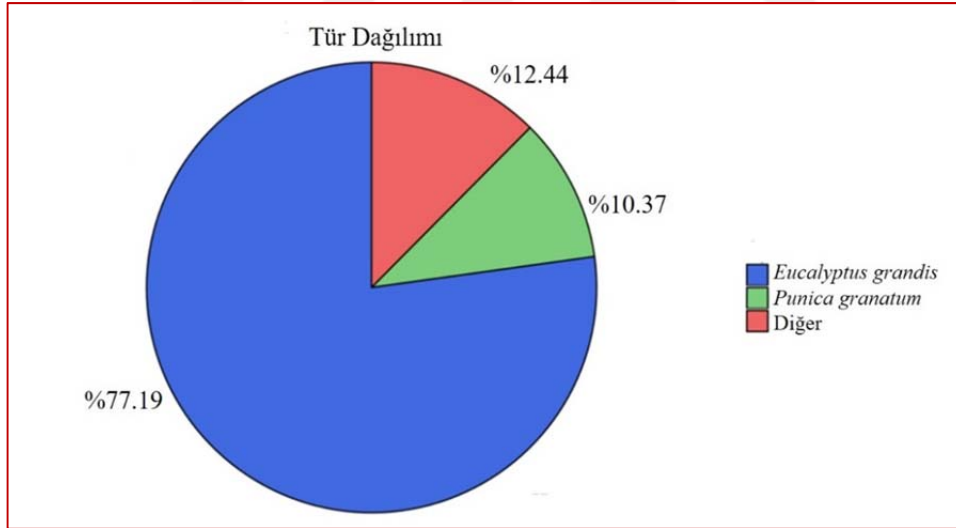


Şekil 4.3. Beyaz meyveli ve siyah meyveli mersin genotipleri arasındaki farklı seviyelerde ifade olan GO verileri

Örnekler arasında karşılaştırmalı olarak yürütülen GO verileri değerlendirildiğinde, biyolojik proses sınıflandırmasında en fazla genin metabolik ve hücresel proses içerisinde yer aldığı gözlenmiştir. Genlerin hücresel komponent olarak sınıflandırılmasında ise en fazla genin hücre grubunda olduğu tespit edilmiştir. Moleküler fonksiyonlara göre yapılan sınıflandırmada ise farklı seviyelerde ifade olan genlerin en çok katalitik ve bağlanma aktivitesi gösterdiği belirlenmiştir.

Şimşek (2016), turuncgillerde nüseller embriyonu mekanizması ile ilişkili genleri RNA-Seq analizleri ile belirlemiştir. Çalışmada kullanılan örnekler arasındaki farklı seviyelerde ifade olan genlerin ontoloji sınıflandırmaları değerlendirildiğinde, biyolojik proses sınıflandırılmasında en fazla metabolik proses genlerinin olduğu belirlenmiştir. Hücresel komponent sınıflandırılması incelendiğinde, en fazla genin hücre ve hücre bölümleri sınıflandırılmasında yer aldığı, moleküler fonksiyon sınıflandırılmasında ise en yüksek gen sayısının katalitik aktivite grubunda olduğu tespit edilmiştir.

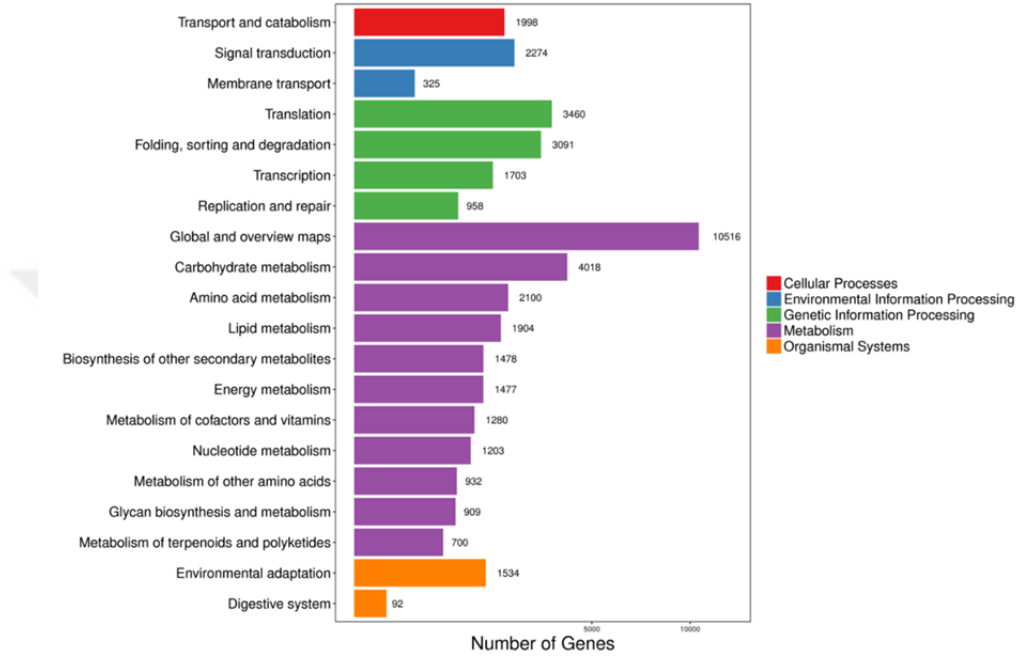
GO analizleri sonucunda belirlenen unigenlerin türlere dağılımı da tespit edilmiştir. Sırasıyla en yüksek oranda *Eucalyptus grandis* ve *Punica granatum* türleri ile eşleşme sağlanmıştır. Tür dağılımını gösteren grafik Şekil 4.4'te sunulmuştur.



Şekil 4.4. Unigenlerin tür dağılımını gösteren grafik

GO analizlerine ek olarak tezde kullanılan örnekler arasında farklı seviyede ifade olan genlere ait KEGG analizleri gerçekleştirilmiştir. KEGG analizleri sonucunda bu genlerin hangi yollaklarda görev aldığı tespit edilmiştir. İki mersin

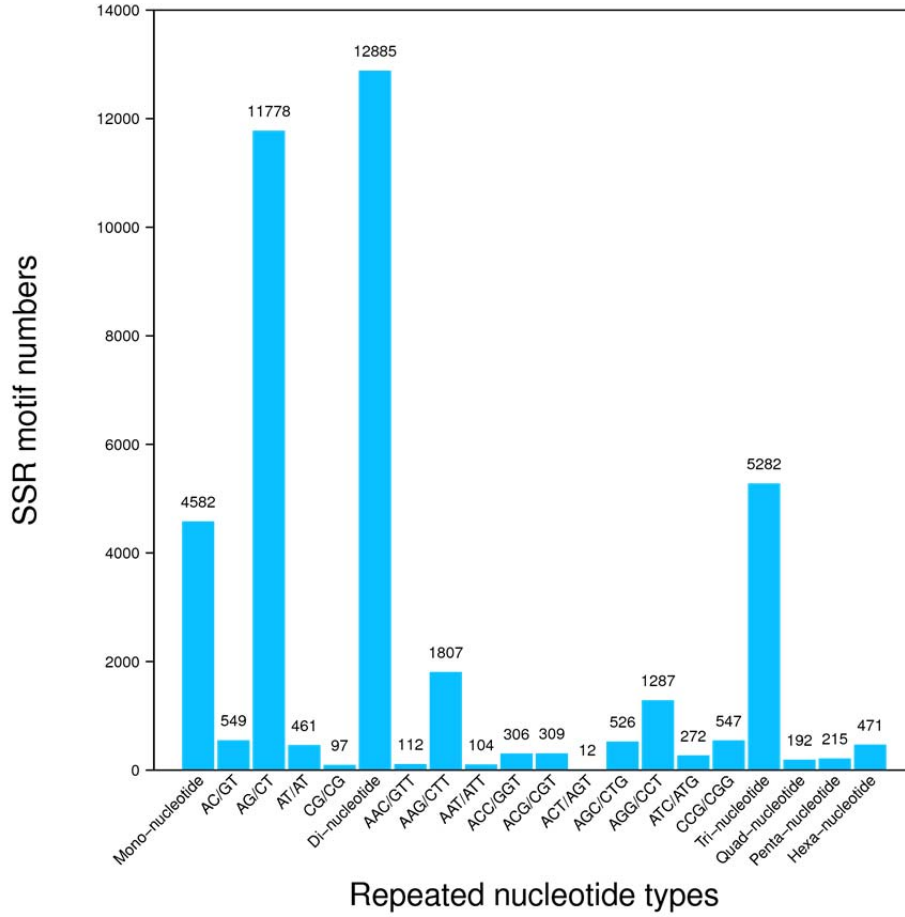
genotipi arasındaki farklı seviyelerde ifade olan genlerin yer aldığı ve istatistiki olarak önemli bulunan yollar, Şekil 4.5'te sunulmuştur.



Şekil 4.5. Farklı seviyelerde ifade olan genlerin yer aldığı yollar

4.3. Mikrosatellit Bölgelerinin Belirlenmesi

RNA-Seq analizleri sonucunda iki farklı mersin genotipinde gerçekleştirilen *de novo* analizleri ile genom üzerinde tekrar eden bölgeler tespit edilmiştir. Yapılan incelemeler sonucunda, tekrar bölgeleri içerdiği tekrar motiflerine göre sınıflandırılmıştır. Çalışma sonucunda elde edilen SSR tekrar sayıları ve motifleri Şekil 4.6'da sunulmuştur.



Şekil 4.6. RNA-Seq analizleri sonucunda tespit edilen tekrar sayıları ve tekrar motifleri

RNA-Seq analizleri sonucunda mersin bitkisi için tekrar sayıları ve motifleri belirlenmiştir. Yapılan tespitler sonucunda en yüksek tekrar motifinin 12.885 di-nükleotid olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Şekil 4.6’da da görüleceği gibi 12-11.776 arasında değişen sayıda farklı tekrar motifleri ortaya çıkarılmıştır.

Ülkemiz için oldukça yüksek bir potansiyele sahip olan mersin bitkisinde çok kısıtlı sayıda SSR markırı bulunmaktadır. Bu tez çalışması ile mersin için yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak birçok SSR markırı geliştirilmiştir. Tez

çalışması kapsamında yalnızca di-nükleotid tekrarı içeren toplam 12.885 mikrosatellit bölgesi tespit edilmiştir. Di-nükleotid tekrarlarından başka 12.000 üzerinde mikrosatellit bölgesinin varlığı belirlenmiştir. Bu bölgelere ait sekans bilgileri mevcut olup, istenildiği zaman yeni SSR primerlerinin satın alınabilmesi mümkün hale getirilmiştir. RNA-Seq sonucunda mersin bitkisi için geliştirilen SSR primerlerinin bir bölümüne ait bilgiler Ek-1’de sunulmuştur.

Yeni nesil dizileme teknolojileri yaygınlaşmadan önce klasik yöntemlerle SSR primerlerinin tasarlanması çalışmaları yürütülmüştür. Ancak, bu klasik yöntemlerde geliştirilen markır sayıları kısıtlı kalmıştır. Albaladejo ve ark (2010), İspanya’da yetişen mersin genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği araştırmak amacıyla SSR markırları geliştirmişlerdir. SSR markırlarının izolasyonu için rastgele genomik kütüphaneden çok sayıda klon ABI 3730 DNA Analyzer ile dizilenmiştir. SSR geliştirme çalışmalarında klasik yöntemler kullanmışlar ve son derece kısıtlı sayıda SSR markırı geliştirmişlerdir. Geliştirilen 14 primer çiftinden amplifikasyon elde edilmiştir. Polimorfik olduğu belirlenen 11 primer, 48 bireyde kontrol edilmiştir. Her lokustaki allel sayısı 3 ile 11 arasında değişmiş ve toplam allel sayısı 83 olarak belirlenmiştir. Pirseyedi ve ark (2010), narda SSR markırları geliştirerek moleküler karakterizasyon çalışmaları gerçekleştirmişlerdir. SSR markırları geliştirme stratejisi olarak 2’li ve 3’lü nükleotid tekrarlarını içeren hibridizasyon problemlerini kullanmışlar ve toplam 12 SSR primeri geliştirmişlerdir. Sonuç olarak araştırmacılar geliştirdikleri SSR markırlarının nar genetik çeşitliliği çalışmalarında kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Tez çalışması kapsamında ise toplam yaklaşık 19.000 SSR markırı geliştirilmiştir. Farklı bir çalışmada ise, nar bitkisi için 11 SSR markırı geliştirilmiştir. Çalışmada farklı tekrar içeriklerine sahip problemler ile hibridizasyon çalışmaları yürütülmüştür. Geliştirilen 11 mikrosatellit primerleri Tunus’tan örneklenen 27 nar genotipinde denenmiştir. (Hasnaoui ve ark, 2010). Curro ve ark (2010), nar için mikrosatellit-AFLP tekniğini kullanarak 9 SSR markırı geliştirmişlerdir. SSR markırlarının kullanışlılığını tespit etmek için toplam 33 nar genotipinde DNA çalışmaları

yürütmüşlerdir. Çalışma sonucunda geliştirilen SSR 29 markırlarının, daha önce yürütülen çalışmalarda olduğu gibi düşük polimorfizm gösterdiği bildirilmiştir. Diğer bir çalışmada benzer olarak narda SSR markırları geliştirilmiştir. Çalışmada, toplam 117 mikrosatellit lokusu geliştirilmiş ve bu markırların kullanılabilirliği 11 nar genotipinde test edilmiştir. Çalışmada geliştirilen 117 primerin 66'sının polimorfik, 38'inin monomorfik, geriye kalan 13 primerin ise istenilen amplifikasyonu sağlamadığı tespit edilmiştir (Soriano ve ark, 2011).

Yeni nesil dizileme teknolojilerini geliştirilmesi ile beraber birçok bitki türünde SSR markırlarının geliştirilmesi çalışmaları yürütülmüştür. Zhang ve ark (2012b), yer fıstığı bitkisinin tohum gelişimi sürecinde transkriptom karakterizasyonu, *de novo* analizleri ve SSR markır geliştirme çalışmaları yürütmüşlerdir. Bu amaçla, 3 yer fıstığı çeşidinin olgunlaşmamış tohumlarını kullanarak RNA-Seq analizleri gerçekleştirmişlerdir. Toplam 100 bç'den oluşan 27 milyonluk okuma gerçekleştirmişler ve 59.077 unigen belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda toplam 3.919 mikrosatellit markırı geliştirmişler ve 160 tanesini kontrol etmişlerdir. Farklı bir çalışmada, muzda (*Musa balbisiana*) yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak SSR markırları geliştirilmiştir. RNA-Seq analizlerinde Ion Torrent platformunu kullanarak yaklaşık 4.5 milyon okuma gerçekleştirilmiştir. Biyoinformatik analizler sonucunda ortalama uzunluğu 113 bç olan 82.413 transkript tespit edilmiştir. Transkriptlerin Swiss-Prot veri bankasında yapılan araştırmaları sonucunda, 35.783 transkript belirlenmiştir. Çalışma sonunda, toplam 4.780 SSR bölgesi tespit edilmiş ve toplam 2.628 SSR primeri tasarlanmıştır. Bu primerler arasından rastgele seçilen 30 tanesinin etkinliği muz genotiplerinde araştırılmıştır (Backiyarani ve ark, 2015). Şimşek ve ark (2018), narda SSR markırı geliştirmek amacıyla RNA dizileme çalışmaları yürütmüşlerdir. Çalışmalarında, Illumina Hi-Seq teknolojisini kullanmışlardır. RNA-Seq analizlerinde Hicaznar ve 33N26 çeşitlerini kullanmışlar ve SSR markırları geliştirmişlerdir. Geliştirilen SSR markırlarının polimorfik sonuçlar verdiği belirtilmiş ancak çalışmada kullanılan genotipler arasındaki genetik çeşitliliğin dar olduğunu bildirmişlerdir. Farklı bir

çalışmada ise Dong ve ark (2014), Sibiryaya kayısısında (*Prunus sibirica* L.) *de novo* transkriptom analizi ve potansiyel SSR markırlarının 454 pyrosequencing ile geliştirilmesini amaçlamışlardır. Çalışmada 454 GS FLX Titanyum sekansı kullanılarak tek bir çalışmada ortalama büyüklüğü 425 bp olan 1.243.067 yüksek kaliteli okuma ve toplamda 528.4 Mb dizi verisi elde edilmiştir. Elde edilen 6.509 unigenden 7.304 basit sekans tekrarı (SSR) tanımlanmış ve toplam 9930 primer çifti tasarlanmıştır. Çin alıcında (*Crataegus pinnatifida*) Ma ve ark (2019), illumina RNA-Seq tekniğini kullanarak polimorfik EST-SSR markırları geliştirmişlerdir. Çalışmada, toplamda, 5.091 EST-SSR lokusundan 14.364 unigen araştırılmıştır. En çok bulunan SSR'lar sırası ile di-nükleotitler (2.012, %39.52), mono- (1.989, %39.07) ve tri-nükleotitler (1.024, %20.11) olarak belirlenmiştir. Bu EST-SSR'lardan toplam 300 primer çifti tasarlanmış ve Çin'in farklı coğrafi bölgelerinden toplanan 70 Çin alıcı genotipinin polimorfizm analizleri için kullanılmıştır. Wang ve ark (2019), *Magnolia wufengensis* bitkisinde *de novo* transkriptom dizileme yaparak EST-SSR markırları geliştirmişlerdir. Çalışmada, binlerce fonksiyonel markırın geliştirildiği binlerce EST oluşturmak için RNA-Seq tekniği kullanılmıştır. Tanımlanan 9567 basit dizi tekrarından (SSR) 8.306'sı unigen dizileri içermiştir. Farklı SSR motif tipleri arasında, en fazla dinükleotid tekrarları (%50.8) ve bunu takiben trinükleotid tekrarları (% 32.4) bulunmuştur. AG / CT (%37.8) ve AAG / CTT (%11.8) en zengin tekrarlanan motifler olmuştur. Tez çalışmasında da diğer yeni nesil dizileme çalışmalarında olduğu gibi çok yüksek sayıda SSR markırı geliştirilmiştir. Bu tez çalışmasına kadar mersinde yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak SSR markırları geliştirilmemiştir. Yeni nesil dizileme teknolojilerinin birçok avantajı bulunmaktadır. RNA sekanslama tekniği, dizileme teknolojisinin kullanımı ile transkriptomların belirlenmesinde kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntem kullanılarak yapılan çalışmalar, ökaryotik transkriptomlara bakışı değiştirmiştir. RNA-Seq yöntemi, diğer yöntemlere göre transkriptlerin izoformlarının seviyelerinin çok daha hassas ölçümünü sağlar. RNA-Seq tekniği yüksek düzeyde DNA sekanslamayı, transkriptomların ileri

analizini, SSR/SNP tespiti ve haritalamayı mümkün kılmaktadır. RNA sekanslama teknięi řu ana kadar ortaya atılan dięer bütün tekniklerden daha üst bir ökaryotik transkriptom analizi ortaya koymaktadır. Tez çalışması kapsamında da RNA-Seq çalışmaları ile çok yüklü dizi bilgisi sağlanmıştır. Bu dizilerde tekrar bölgeleri taranarak, 19.000'in üzerinde SSR markırı geliştirilmiştir.





5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Tez çalışmasında mersin bitkisinde yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak transkriptom dizileme ile SSR markırları geliştirilmiştir. Dizileme İllumina HiSeq 2000™ platformu kullanılarak, RNA-Seq çalışmaları ile yürütülmüştür. RNA dizilemesi gerçekleştirilen örneklerde 60.75 Mb uzunluğunda toplam ham okuma yapılmıştır. Örneklerde 111.000'in üzerinde transkript elde edilmiştir. Transkriptlerin toplam uzunluğu 79.141.165-93.880.054 arasında, ortalama uzunluk ise 862-844 arasında değişmiştir. N50 verileri ise 1523-1570 arasında değişiklik göstermiştir. Tüm transkriptlerde GC bazlarının oranı %45 civarında belirlenmiştir. Tez çalışmasında örneklerde tespit edilen unigenlerin sayısı ise 68.476-79.802, toplam uzunluk ise 68.352.675-79.867.395 olarak belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan örneklerde ortalama uzunluk 998 ile 1000 arasında değişiklik göstermiştir. N50 verileri, 1628-1.698 arasında değişmiştir. Tüm transkriptlerde GC bazlarının oranı %45 civarında belirlenmiştir. Mersin örneklerinin arasında farklı seviyede ifade olan genler incelendiğinde, toplam gen sayısının 20.638 olduğu tespit edilmiştir. Mersin örnekleri arasında karşılaştırmalı olarak yürütülen GO verileri değerlendirildiğinde biyolojik proses sınıflandırmasında en fazla genin metabolik ve hücresel proses içerisinde yer aldığı gözlenmiştir. Genlerin hücresel komponent olarak sınıflandırılmasında ise en fazla genin hücre grubunda olduğu tespit edilmiştir. Moleküler fonksiyonlara göre yapılan sınıflandırmada ise farklı seviyelerde ifade olan genlerin en çok katalitik ve bağlanma aktivitesi gösterdiği belirlenmiştir.

RNA-Seq analizleri sonucunda iki farklı mersin genotipinde gerçekleştirilen *de novo* analizleri ile genom üzerinde tekrar eden bölgeler tespit edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda, en yüksek tekrar motifinin 12885 dinükleotid olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca 12-11776 arasında değişen sayıda farklı tekrar motifleri ortaya çıkarılmıştır. Belirlenen bu tekrar motiflerini çoğaltacak

uygun SSR primerleri tasarlanmıştır. Tez çalışması sonucunda 10.000 üzerinde SSR primeri geliştirilmiştir.

Bu tez çalışmasının devamında geliştirilen SSR primlerinin test edilmesi ve polimorfik sonuç verenlerin belirlenmesi gerekmektedir. Ülkemiz mersin genotiplerinin doğal yayılış alanı içerisinde yer almaktadır. Ülkemiz mersin genetik kaynaklarının tanımlanması ve mevcut varyasyonun ortaya konulması mersin bitkisinde yapılacak ıslah çalışmaları için önemli bir altyapı oluşturabilecektir. Bu tez çalışmasında mersin bitkisi için geliştirilen SSR primerleri bu amaç için oldukça uygundur. Bununla beraber ileride yürütülecek genetik haritalama, ilişkilendirme haritası, mutasyon tespiti gibi çalışmalarda da bu markırların kullanımı söz konusu olabilecektir.

KAYNAKLAR

- Agrimonti C, Bianchi R, Bianchi A, Ballero M, Poli F, and Marmioli N., 2007. Understanding Biological Conservation Strategies: A Molecular-Genetic Approach to The Case of Myrtle (*Myrtus communis* L.) in Two Italian Regions: Sardinia and Calabria. *Conserv Genetic*, 8:385–396.
- Aka Kaçar, Y., Özgüven, A. I., Eti, S., and Yılmaz, M., 2016., Narda (*Punica granatum*) Yumuşak-Sert Çekirdek Oluşum Mekanizmasının Moleküler ve Histolojik Yöntemlerle Araştırılması. TÜBİTAK 114O910 Numaralı Proje Sonuç Raporu.
- Akgöl, M., 2017. Nar'da (*Punica granatum*) Yumuşak-Sert Çekirdek Oluşum Mekanizmasının Moleküler, Histolojik ve Biyokimyasal Yöntemlerle Araştırılması. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Adana
- Albaladejo, R.G., Sebastiani, F., González-Martínez, S.C., González-Varo, J.P., Vendramin, G.G., and Aparicio, A., 2010. Isolation of microsatellite markers for the common Mediterranean shrub *Myrtus communis* (Myrtaceae). *American Journal of Botany*, 97(5):23-25.
- Alkio, M., Jonas, U., Declercq, M., Van Nocker, S., and Knoche, M., 2014. Transcriptional Dynamics of The Developing Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Fruit: Sequencing, Annotation and Expression Profiling of Exocarp-Associated Genes. *Horticulture Research*, 11;1-15.
- Avcı, A.B., and Bayram, E., 2008. Mersin Bitkisi (*Myrtus communis* L.)'nde Farklı Hasat Zamanlarının Uçucu Yağ Oranlarına Etkisi. Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 12(3):178-181.
- Aydın, C., and Özcan, M.M., 2007. Determination of Nutritional and Physical Properties of Myrtle (*Myrtus communis* L.) Fruits Growing Wild in Turkey. *Journal of Food Engineering*, 79:453-458.

- Azim, M.K., Khan, I.A., and Zhang, Y., 2014. Characterization of Mango (*Mangifera indica* L.) Transcriptome and Chloroplast Genome. *Plant Molecular Biology*, 85(1-2):193-208.
- Backiyarani, S., Uma, S., Saraswathi, M.S., Saravanakumar, A.S., and Chandrasekar, A., 2015. Transcriptome Analysis of Banana (*Musa balbisiana*) Based on Next-Generation Sequencing Technology. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 39(5):705-717.
- Bai, Y., Dougherty, L., and Xu, K., 2014. Towards An Improved Apple Reference Transcriptome Using RNA-Seq. *Molecular Genetics and Genomics*, 289(3):427-438.
- Baytop, T., 1997. Türkçe Bitki Adları Sözlüğü. Türk Dil Kurumu Yayınları, No: 578, Ankara, Türkiye.
- Bonjar, G.H.S. 2004. Antibacterial Screening of Plants Used in Iranian Folkloric Medicine. *Fitoterapia*, 75:231–235.
- Bruna, S., Mercuri, A., Cervelli, C., Braglia, L., De Benedetti, L., and Schiva, T., 2003. Genetic Characterization of *Myrtus communis* L. Wild Genotypes Using AFLP Markers. In V International Symposium on New Floricultural Crops, 683:431-436.
- Buermans H.P., and Dunnen, J.T., 2014. Next generation Sequencing Technology: Advances and Applications. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1842(10):1932-1941.
- Cai, K., Zhu, L., Zhang, K., Li, L., Zhao, Z., Zeng, W., and Lin, X., 2019. Development and Characterization of EST-SSR Markers from RNA-Seq Data in *Phyllostachys violascens*. *Frontiers in plant science*, 10:50.
- Chen, J., Mao, L., Lu, W., Ying, T., and Luo, Z., 2016. Transcriptome Profiling of Postharvest Strawberry Fruit in Response to Exogenous Auxin and Absciscic Acid. *Planta*, 243(1):183-197.

- Cioć, M., Szewczyk, A., Żupnik, M., Kalisz, A., and Pawłowska, B., 2018. LED Lighting Affects Plant Growth, Morphogenesis and Phytochemical Contents of *Myrtus communis* L. In Vitro. Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC), 132(3):433-447.
- Curro, S., Caruso, M., Distefano, G., Gentile, A., and La Malfa, S., 2010. New Microsatellite Loci for Pomegranate, *Punica granatum* (Lythraceae). American Journal of Botany, 97:58–60.
- Davis, P.H., 1972. Flora of Turkey and The East Aegean Islands, 4, Edinburgh, Edinburgh University Press.
- Dong, S., Liu, Y., Niu, J., Ning, Y., Lin, S., and Zhang, Z., 2014. *De novo* Transcriptome Analysis of the Siberian Apricot (*Prunus sibirica* L.) and Search for Potential SSR Markers by 454 Pyrosequencing. Gene, 544(2):220-227.
- Dönmez, D., Şimşek, Ö., and Aka Kaçar, Y., 2015. Yeni Nesil DNA Dizileme Teknolojileri ve Bitkilerde Kullanımı. Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi, 8(1):30-37.
- Erlaçın, S., and Erciyas, E., (1978). Mersin Bitkisi (*Myrtus communis* L.) Yapraklarının Tanen Yönünden İncelenmesi. Doğa Bilim Dergisi, 2:75.
- Flamini, G., Cioni, P.L., Morelli, I., Maccioni, S., and Baldini, R., 2004. Phytochemical Typologies in Some Populations of *Myrtus communis* L. on Caprione Promontory (East Liguria, Italy). Food Chemistry, 85:599-604.
- Francis, D., 2010. Next Generation Sequencing of the Tomato Transcriptome. 28th International Horticultural Congress. Abstracts Volume 1, p:10, August 22-27, Lisbon.
- Garcia-Seco, D., Zhang, Y., Gutierrez-Mañero, F.J., Martin, C., and Amos-Solano, B., 2015. RNA-Seq Analysis and Transcriptome Assembly for Blackberry (*Rubus* sp. Var. Lochness) Fruit. BMC genomics, 16(1):5.

- Hasnaoui, N., Mars, M., Chibani, J., and Trifi, M., 2010. Molecular Polymorphisms in Tunisian Pomegranate (*Punica granatum* L.) as Revealed by RAPD Fingerprints. *Diversity*, 2(1):107-114.
- Hayder, N., Abdelwahed, A., Kilani, S., Ben, A.R., Mahmoud, A., Ghedira, K., and Chekir Ghedira, L., 2004. Antigenotoxic and Free-Radical Scavenging Activities of Extracts From (Tunisian) *Myrtus communis*. *Mutation Research*, 564:89-95.
- He, P., Li, L., Wang, H., and Chang, Y., 2019. An RNA-Seq Analysis of The Peach Transcriptome with A Focus on Genes Associated with Skin Colour. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*.
- İnce, A.G., and Karaca, M., 2019. Td-DAMD-PCR Markers for Myrtle (*Myrtus communis* L.) Genetic Studies. *International Congress on Agriculture and Forestry Research (AGRIFOR) Marmaris / Turkey*, 8-10 April 2019, p. 530-536.
- Ji, X.H., Zhang, R., Wang, N., Yang, L., and Chen, X.S., 2015. Transcriptome Profiling Reveals Auxin Suppressed Anthocyanin Biosynthesis in Red-Fleshed Apple Callus (*Malus sieversii* f. *niedzwetzkyana*). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, 123(2):389-404.
- Legay, S., Guerriero, G., Deleruelle, A., Lateur, M., Evers, D., André, C.M., and Hausman, J.F., 2015. Apple Russetting as Seen through The RNA-Seq Lens: Strong Alterations in The Exocarp Cell Wall. *Plant Molecular Biology*, 88(1-2):21-40.
- Li, D., Deng, Z., Qin, B., Liu, X., and Men, Z., 2012. *De novo* Assembly and Characterization of Bark Transcriptome using Illumina Sequencing and Development of EST-SSR Markers in Rubber Tree (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.)", *BMC genomics*, 13(1):192.

- Li, X., Shangguan, L., Song, C., Wang, C., Gao, Z., Yu, H., and Fang, J., 2010. Analysis of Expressed Sequence Tags from *Prunus mume* Flower and Fruit and Development of Simple Sequence Repeat Markers. BMC genetics, 11(1):66.
- Ma, S., Dong, W., Lyu, T., and Lyu, Y., 2019. An RNA Sequencing Transcriptome Analysis and Development of EST-SSR Markers in Chinese Hawthorn through Illumina Sequencing. Forests, 10(2):82.
- Mele, C., Corona, L., Melito, S., Raggi, L., and Mulas, M., 2019. The Genetic Diversity of Selections and Wild Populations of Myrtle Revealed by Molecular Geographic Contexts. Industrial Crops and Products, 132:168-176.
- Melito, S., Chessa, I., Erre, P., Podani, J., and Mulas, M., 2013. The Genetic Diversity of Sardinian Myrtle (*Myrtus communis* L.) Populations. Electronic Journal of Biotechnology, 16(6):7-7.
- Melito, S., Dessena, L., Sale, L., and Mulas, M., 2017. Genetic Diversity and Population Structure of Wild Sardinian Myrtle (*Myrtus communis* L.) Genotypes from Different Microclimatic Areas. Australian Journal of Crop Science, 11(11):1488.
- Melito, S., La Bella, S., Martinelli, F., Cammalleri, I., Tuttolomondo, T., Leto, C., and Mulas, M., 2016. Morphological, Chemical, and Genetic Diversity of Wild Myrtle (*Myrtus communis* L.) Populations in Sicily. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 40.
- Messaoud C., Béjaoui A., and Boussaid M., 2011. Fruit Color, Chemical and Genetic Diversity Andstructure of *Myrtus communis* L. var. *italica* Mill. Morph Populations. Biochem Syst Ecol, 39:570–580.
- Messaoud, C., Afif, M., Boulila, A., Rejeb, M.N., and Boussaid, M., 2007. Genetic Variation of Tunisian *Myrtus communis* L. (Myrtaceae) Populations Assessed by Isozymes and RAPDs. Annals of forest science, 64(8):845-853.

- Metzker, M.L., 2010. Sequencing Technologies — The Next Generation. *Nature Rev. Genet.*, 11:31–46.
- Niu, J., Hou, X., Fang, C., An, J., Ha, D., Qiu, L., Ju, Y., Zhao, H., Du, W., Qi, J., Zhang Z., Liu, G., and Lin, S., 2015. Transcriptome Analysis of Distinct *Lindera glauca* Tissues Revealed The Differences in The Unigenes Related to Terpenoid Biosynthesis. *Gene*, 15, 559(1):22-30.
- Nobre, J., 1994. *In vitro* Shoot Proliferation of *Myrtus communis* L. From Field-Grown Plants. *Scientia Horticulturae*, 58(3):253-258.
- Ogur, R., 1994. A Review About Myrtle (*Myrtus communis* L.). *Çevre Dergisi*, 10:21-25.
- Ozsolak, F., Milos, and P.M., 2011. RNA Sequencing: Advances, Challenges and Opportunities", *Nature Reviews/Genetic*, 12:87-98.
- Picci, V., and Atzei, A.D., 1996. Ricerche su Specie di Interesse Medicinale ed Aromatico della Sardegna. Ricerche Morfo-Sistematiche e Biologiche su Finocchio, Liquirizia, Mirto, Rosmarino e Zafferano. *Rivista Italiana EPPOS*, 7(19):21-86.
- Pirseyedi, S.M., Valizadehghan, S., Mardi, M., Ghaffari, M.R., Mahmoodi, P., Zahravi, M., Zeinalabedini, M., and Nekoui, S.M.K., 2010. Isolation and Characterization of Novel Microsatellite Markers in pomegranate (*Punica granatum* L.). *International Journal of Molecular Sciences*, 11:2010-2016.
- Rezaee, A., and Kamali, K., 2014. A New Commercial Protocol for Micropropagation of Myrtus tree. *Adv. Biores.*, 5(4):73-79.
- Romani, A., Pinelli, P., Mulinacci, N., Vincieri, F.F., and Tattini, M., 1999. Identification and Quantitation of Polyphenols in Leaves of *Myrtus communis* L. *Chromatographia*, 49(1-2):17-20.

- Wang, L., Gong, X., Jin, L., Li, H., Lu, J., Duan, J., and Ma, L., 2019. Development and Validation of EST-SSR Markers of *Magnolia wufengensis* Using *de novo* Transcriptome Sequencing. *Trees*, 1-11.
- Wang, N., Zheng, Y., Duan, N., Zhang, Z., Ji, X., Jiang, S., Sun, S., Yang, L., Bai, Y., Fei, Z., and Chen, X., 2015. Comparative Transcriptomes Analysis of Red-and White-Fleshed Apples in An F1 Population of *Malus sieversii* f. *niedzwetzkyana* Crossed with *M. domestica* 'Fuji'. *PloS One*, 10(7):e0133468.
- Wang, S., Lu, B., Wu, T., Zhang, X., Xu, X., Han, Z., and Wang, Y., 2014. Transcriptomic Analysis Demonstrates The Early Responses of Local Ethylene and Redox Signaling to Low Iron Stress in *Malus xiaojinensis*. *Tree Genetics & Genomes*, 10(3):573-584.
- Wei, H., Chen, X., Zong, X., Shu, H., Gao, D., and Liu, Q., 2015. Comparative Transcriptome Analysis of Genes Involved in Anthocyanin Biosynthesis in The Red and Yellow Fruits of Sweet Cherry (*Prunus avium* L.). *PloS One*, 10(3):0121164.
- Wu, H.X., Ma, X.W., Wang, S.B., Yao, Q.S., Xu, W.T., Zhou, Y.G., Gao, Z.S., and Zhan, R.L., 2014. Transcriptome and Proteomic Analysis of Mango (*Mangifera indica* Linn) Fruits. *Journal of Proteomics*, 105:19-30.
- Wu, T., Wang, Y., Zheng, Y., Fei, Z., Dandekar, A.M., Xu, K., Han, Z., and Cheng, L., 2015. Suppressing Sorbitol Synthesis Substantially Alters the Global Expression Profile of Stress Response Genes in Apple (*Malus domestica*) Leaves. *Plant and Cell Physiology*, pcv092.
- Xue, H., Cao, S., Li, H., Zhang, J., Niu, J., Chen, L., Zhang, F., and Zhao, D., 2017. *De novo* Transcriptome Assembly and Quantification Reveal Differentially Expressed Genes Between Soft-Seed and Hard-Seed Pomegranate (*Punica granatum* L.). *PloS one*, 12(6):e0178809.

- Yan, X., Zhang, X., Lu, M., He, Y., and An, H., 2015. *De novo* Sequencing Analysis of The *Rosa roxburghii* Fruit Transcriptome Reveals Putative Ascorbate Biosynthetic Genes and EST-SSR Markers. *Gene*, 25, 561(1):54-62.
- Yıldırım, H., 2012. Adana ve Mersin Ekolojik Koşullarında Yetişen Mersin Bitkisi (*Myrtus Communis* L.)’de Bazı Bitkisel ve Pomolojik Özellikler ile Yaprak Uçucu Yağ Bileşenlerinin Belirlenmesi. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, s:110.
- Zalapa, J.E., Cuevas, H., Zhu, H., Steffan, S., Senalik, D., Zeldin, E., and Mccown, B., 2012. Using Next Generation Sequencing Approaches for The Isolation of Simple Sequence Repeat (SSR) Loci in The Plant Sciences. *American Journal of Botany*, 99:193-208.
- Zhang, H., Wei, L., Miao, H., Zhang, T., and Wang, C., 2012a. Development and Validation of Genic-SSR Markers in Sesame by RNA-Seq. *BMC genomics*, 13(1):316.
- Zhang, J., Liang, S., Duan, J., Wang, J., Chen, S., Cheng, Z., Zhang, Q., Liang, X., and Li, Y., 2012b. *De novo* Assembly and Characterisation of the Transcriptome during Seed Development, and Generation of Genic-SSR Markers in Peanut (*Arachis hypogaea* L.). *BMC genomics*, 13(1):90.
- Zhao, D., and Song, G., 2014. High-Throughput Sequencing as An Effective Approach in Profiling Small RNAs Derived from A Hairpin RNA Expression Vector in Woody Plants. *Plant Science*, 228:39–47.
- Zhou, Y., Chen, L., Fan, X., and Bian, Y., 2014. *De novo* Assembly of *Auricularia polytricha* Transcriptome Using Illumina Sequencing for Gene Discovery and SSR Marker Identification. *PLoS One*, 9(3):91740.
- Zhu, Y., Li, Y., Xin, D., Chen, W., Shao, X., Wang, Y., and Guo, W., 2015. RNA-Seq-Based Transcriptome Analysis of Dormant Flower Buds of Chinese Cherry (*Prunus pseudocerasus*). *Gene*. 25, 555(2):362-76.



ÖZGEÇMİŞ

1985 yılında Adana’da doğdu. İlk, orta ve lise öğrenimini Adana’da tamamladı. Fırat Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümünden 2009 yılında mezun oldu. 2017 yılında Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoteknoloji Anabilim Dalında yüksek lisans eğitimine başlamıştır. Biyoloji öğretmenliği yapmaktadır.





EKLER



EK 1. RNA-Seq sonucunda mersin bitkisi için geliştirilen SSR primerlerinin bir bölümüne ait bilgiler

SSR Motifi	Tekrar	Forward Primer (5'-3')	Reverse Primer (5'-3')
CGC(3*5)		CGGCAAGGAAGAGGACAG	CTTTGGCTTCCCAAACACAT
CGC(3*5)		CGGCAAGGAAGAGGACAG	CTTTGGCTTCCCAAACACATT
CGC(3*5)		CGGCAAGGAAGAGGACAG	TTTGGCTTCCCAAACACATT
CGC(3*5)		CGGCAAGGAAGAGGACAG	GTCTTTGGCTTCCCAAACACAT
CGC(3*5)		CGGCAAGGAAGAGGACAG	GTCTTTGGCTTCCCAAACACATT
AG(2*8)		TTGAGCAGACAAACAAGAGAACA	GATCTGATCATGGCTGAAAAATC
AG(2*8)		TTGAGCAGACAAACAAGAGAACA	ATCATGGCTGAAAAATCACAAAG
AG(2*8)		CATTAACTGAAGAATGAAGGGT	GATCTGATCATGGCTGAAAAATC
AG(2*8)		ACATTAACTGAAGAATGAAGGG	GATCTGATCATGGCTGAAAAATC
AG(2*8)		AAAACGAAGTTTGAGCAGACAAA	ATCATGGCTGAAAAATCACAAAG
TCC(3*6)		CTCTCCCTCCCTTTCCTACC	GTTATGTCCAGGCTCATGTTGTT
TCC(3*6)		CCTCTCCCTCCCTTTCCTAC	GTTATGTCCAGGCTCATGTTGTT
TCC(3*6)		AGTCCCTCTCCCTCCCTTTC	GTTATGTCCAGGCTCATGTTGTT
TCC(3*6)		GTCCCTCTCCCTCCCTTTC	GTTATGTCCAGGCTCATGTTGTT
TCC(3*6)		CTCCCTCCCTTTCCTACCC	GTTATGTCCAGGCTCATGTTGTT
CT(2*6)		AATAATTCACCCACATTTGTTTCG	ATGAGTTTGAAGAAGCATGTGGT
CT(2*6)		AATAATTCACCCACATTTGTTTCG	GCTTCATGAGTTTGAAGAAGCAT
CT(2*6)		ACATGTCCAAATAATTCACCCAC	ATGAGTTTGAAGAAGCATGTGGT
CT(2*6)		ACATGTCCAAATAATTCACCCAC	GCTTCATGAGTTTGAAGAAGCAT
CT(2*6)		AATAATTCACCCACATTTGTTTCG	TCATGAGTTTGAAGAAGCATGTG
TC(2*13)		ATGTCCTCCGTGCTAATGTTG	GAGAGAAATTCGTCAAGGTGAGA
TC(2*13)		ATGTCCTCCGTGCTAATGTTG	CGACGAGGCGACTATAACTCTAC
TC(2*13)		ATGTCCTCCGTGCTAATGTTG	ACGACGAGGCGACTATAACTCTA
GA(2*8)		AAATCTTGATTGCTGATCTTGC	AAATCTTCTTGACAGGGTCAGTG
GA(2*8)		AAATCTTGATTGCTGATCTTGC	CAAATCTTCTTGACAGGGTCAGT
GA(2*8)		TTGCTGATCTTGCGTTTATTCT	AAATCTTCTTGACAGGGTCAGTG
GA(2*8)		TTGCTGATCTTGCGTTTATTCT	CAAATCTTCTTGACAGGGTCAGT
GA(2*8)		AAATCTTGATTGCTGATCTTGC	TTCTTGACAGGGTCAGTGATGTA
GGA(3*5)		GTACCACAATCACAAGACCCCTA	GAAGGAAAGTTTAGAGGGGATGA
GGA(3*5)		CAATCACAAGACCCCTAGCAATA	GAAGGAAAGTTTAGAGGGGATGA
GGA(3*5)		ATCACAAGACCCCTAGCAATATG	GAAGGAAAGTTTAGAGGGGATGA

GGA(3*5)	CAATATGCCAAACCCAATGAATA	GAAGGAAAGTTTAGAGGGGATGA
GGA(3*5)	GAGAAAGCATGGTCCTTCAAAAT	GAAGGAAAGTTTAGAGGGGATGA
AGA(3*5)	ATGTGGAAACAGCAGATGAAGAC	CATGCTTCTTCCCTTTCTTCTTT
AGA(3*5)	ATGTGGAAACAGCAGATGAAGAC	CTCATGCTTCTTCCCTTTCTTCT
AGA(3*5)	GATGTGGAAACAGCAGATGAAG	CATGCTTCTTCCCTTTCTTCTTT
AGA(3*5)	TGTGGAAACAGCAGATGAAGAC	CATGCTTCTTCCCTTTCTTCTTT
AGA(3*5)	TGTGGAAACAGCAGATGAAGAC	CTCATGCTTCTTCCCTTTCTTCT
GAC(3*5)	AGAGGAGGAAGAGAAGGAACAGT	TGTACAACAGTCGCTGTGTTCTC
GAC(3*5)	AGGAAGAGAAGGAACAGTGCAG	TGTACAACAGTCGCTGTGTTCTC
GAC(3*5)	AGAGGAGGAAGAGAAGGAACAGT	TACAACAGTCGCTGTGTTCTCTG
GAC(3*5)	AGGAAGAGAAGGAACAGTGCAG	TACAACAGTCGCTGTGTTCTCTG
GAC(3*5)	AAGAGGAGGAAGAGAAGGAACAGT	TGTACAACAGTCGCTGTGTTCTC
CTT(3*6)	ATCAGAGACAAGTTCCCCAGATG	AAACCCAATCAGGCTTAACATTT
CTT(3*6)	CATCAGAGACAAGTTCCCCAGAT	AAACCCAATCAGGCTTAACATTT
CTT(3*6)	ACGAGCCATCAGAGACAAGTTC	AAACCCAATCAGGCTTAACATTT
CTT(3*6)	GACGAGCCATCAGAGACAAGTT	AAACCCAATCAGGCTTAACATTT
CTT(3*6)	ATCAGAGACAAGTTCCCCAGATG	AGAAACCCAATCAGGCTTAACAT
CT(2*14)	GTTAGAAGCCTCCTCCATCAGAG	CAGAATAGATCCTCTGTCTTGGC
CT(2*14)	TTAGAAGCCTCCTCCATCAGAG	CAGAATAGATCCTCTGTCTTGGC
CT(2*14)	GTTAGAAGCCTCCTCCATCAGA	CAGAATAGATCCTCTGTCTTGGC
CT(2*14)	GTTAGAAGCCTCCTCCATCAGAG	AATAGATCCTCTGTCTTGGCTCG
CT(2*14)	GTTAGAAGCCTCCTCCATCAGAG	ATAGATCCTCTGTCTTGGCTCG
AAG(3*8)	CTTCTGGATTTCAGTGTCT	GACGTACATTTGATCCGAATCTT
AAG(3*8)	CGCTCTCTCAAGCTTAAAGTAACA	TCTTCGTTTTTATTTTTGACCGA
AAG(3*8)	TTCTGGATTTCAGTGTCTT	GACGTACATTTGATCCGAATCTT
AAG(3*8)	TTTCTGGATTTCAGTGTCT	GACGTACATTTGATCCGAATCTT
AAG(3*8)	CTTCTGGATTTCAGTGTTC	GACGTACATTTGATCCGAATCTT
AG(2*13)	TAGCAATGGTTGTTTCAGAGTTCA	CCAGTTCCTTATGTGTTTTGAC
AG(2*13)	GTGCAAGTCCTGTCTTTCATAGG	GTTGGTCTGTTCATTTCCTCAA
AG(2*13)	TAGCAATGGTTGTTTCAGAGTTCA	GTTGGTCTGTTCATTTCCTCAA
AG(2*13)	GGTTGTTTCAGAGTTCAGACCATT	CCAGTTCCTTATGTGTTTTGAC
AG(2*13)	GGTTGTTTCAGAGTTCAGACCATT	GTTGGTCTGTTCATTTCCTCAA
GAA(3*5)	TCCGTCCTTGTGAAAGAAATTAG	GAGAGAAGGTGAGGAGAGGAGG
GAA(3*5)	TCCGTCCTTGTGAAAGAAATTAG	GGAGAGAAGGTGAGGAGAGGAG
GAA(3*5)	GTCCGTCCTTGTGAAAGAAATTA	GAGAGAAGGTGAGGAGAGGAGG

GAA(3*5)	GTCCGTCCTTGTGAAAGAAATTA	GGAGAGAAGGTGAGGAGAGGAG
GAA(3*5)	TCCGTCCTTGTGAAAGAAATTAG	GGAGAGAAGGTGAGGAGAGGA
TTC(3*5)	GAGAGAAGGTGAGGAGAGGAGG	TCCGTCCTTGTGAAAGAAATTAG
TTC(3*5)	GGAGAGAAGGTGAGGAGAGGAG	TCCGTCCTTGTGAAAGAAATTAG
TTC(3*5)	GAGAGAAGGTGAGGAGAGGAGG	GTCCGTCCTTGTGAAAGAAATTA
TTC(3*5)	GGAGAGAAGGTGAGGAGAGGAG	GTCCGTCCTTGTGAAAGAAATTA
TTC(3*5)	GGAGAGAAGGTGAGGAGAGGA	TCCGTCCTTGTGAAAGAAATTAG
CT(2*8)	AATACGCACTAAATGGCACAAGT	CCCTATTCTGTCTCTCTGGGTCT
CT(2*8)	GAGACAAATACGCACTAAATGGC	CCCTATTCTGTCTCTCTGGGTCT
CT(2*8)	AATACGCACTAAATGGCACAAGT	TTCCCTATTCTGTCTCTCTGGGT
CTG(3*5)	ACATCAGCCGCCTCAAATAAT	GCGTTTCTGCTGGACCAC
CTG(3*5)	ATCAGCCGCCTCAAATAATG	GCGTTTCTGCTGGACCAC
CTG(3*5)	CATCAGCCGCCTCAAATAAT	GCGTTTCTGCTGGACCAC
CTG(3*5)	AGCCGCCTCAAATAATGACAG	GCGTTTCTGCTGGACCAC
CTG(3*5)	ATCAGCCGCCTCAAATAATGAC	GCGTTTCTGCTGGACCAC
CAG(3*6)	GCGTTTCTGCTGGACCAC	AACGACCCGAAATCGTAGC
CAG(3*6)	GCGTTTCTGCTGGACCAC	GAACGACCCGAAATCGTAGC
CAG(3*6)	GCGTTTCTGCTGGACCAC	ACATCAGCCGCCTCAAAA
CAG(3*6)	GCGTTTCTGCTGGACCAC	ACATCAGCCGCCTCAAAAA
CAG(3*6)	GCGTTTCTGCTGGACCAC	CGAACGACCCGAAATCGTAG
GCTCG(5*5)	ATTCATGAGAGACATGATGAGGG	CCCGCTGATCTAGCAATTTAGTA
GCTCG(5*5)	ATTCATGAGAGACATGATGAGGG	TAGTTTAGGAAATGCATGTTGGC
GCTCG(5*5)	TTCATGAGAGACATGATGAGGG	CCCGCTGATCTAGCAATTTAGTA
GCTCG(5*5)	ATTCATGAGAGACATGATGAGGG	CCCGCTGATCTAGCAATTTAGTAT
GCTCG(5*5)	TTCATGAGAGACATGATGAGGG	TAGTTTAGGAAATGCATGTTGGC
CACCGT(6*4)	GTGTCGGATCAAGTCTCAAACCTC	GTCGGTCAACTCTCGCTGTT
CACCGT(6*4)	AGCGATTCTTGCTAAGTGAACCTC	GTCGGTCAACTCTCGCTGTT
CACCGT(6*4)	TTGTAGCAGACTCCTCAAACCTCG	GTCGGTCAACTCTCGCTGTT
CACCGT(6*4)	TGCTAAGTGAACCTCCGTACTCTTG	GTCGGTCAACTCTCGCTGTT
CACCGT(6*4)	GATTCTTGCTAAGTGAACCTCCGT	GTCGGTCAACTCTCGCTGTT
CACCGT(6*4)	GGCTTGAAATAAGAGCTTAGCGA	GTCGGTCAACTCTCGCTGTT
CCG(3*6)	TTTCTTTACACCTTCAACTGGGA	CCATGATATTTGAGCTTCTGAGG
CCG(3*6)	TTTCTTTACACCTTCAACTGGGA	GCCATGATATTTGAGCTTCTGAG
CCG(3*6)	TTTCTTTACACCTTCAACTGGGA	TTCTGAGGATGAAAATGGAGATG
CCG(3*6)	TTCTTTACACCTTCAACTGGGAC	CCATGATATTTGAGCTTCTGAGG

CCG(3*6)	TTTCTTTACACCTTCAACTGGGA	TTTGAGCTTCTGAGGATGAAAAT
GT(2*7)	CAGAATCATGTCGAACGAAAGTA	TCTACACTCAGAAGCAAAAACCC
GT(2*7)	GAATAGGGAATGATTCAACCAAA	TCTACACTCAGAAGCAAAAACCC
GT(2*7)	GAATAGGGAATGATTCAACCAAA	ATGAGTGCTTGATGAGAAGAACC
GT(2*7)	GAATAGGGAATGATTCAACCAAA	AATTGGAGAAGATGAGTGCTTGA
GT(2*7)	GAATAGGGAATGATTCAACCAAA	GAATTGGAGAAGATGAGTGCTTG
GAGC(4*5)	AGAACTTTCGCGGAAAGAGAAG	ACCTCATATTTGTGCGAAACCCT
GAGC(4*5)	AAAGAGAAGGCAGGGGAATTT	ACCTCATATTTGTGCGAAACCCT
GAGC(4*5)	AGAACTTTCGCGGAAAGAGAAG	TCACCTCATATTTGTGCGAAACC
GAGC(4*5)	GAACCTTTCGCGGAAAGAGAAG	ACCTCATATTTGTGCGAAACCCT
GAGC(4*5)	AGAACTTTCGCGGAAAGAGAA	ACCTCATATTTGTGCGAAACCCT
TC(2*12)	CCTCTCACGTTCTTGATTGATCT	AAACAATTACGCTGGCATAAAAA
TC(2*12)	CTCCTCTCACGTTCTTGATTGAT	AAACAATTACGCTGGCATAAAAA
TC(2*12)	ACTCCTCTCACGTTCTTGATTGA	AAACAATTACGCTGGCATAAAAA
TC(2*12)	TGATCTCATCATTGGTAGTGGA	GTATCTCAAACAATTACGCTGGC
TC(2*12)	TTGATCTCATCATTGGTAGTGGA	GTATCTCAAACAATTACGCTGGC
TC(2*6)	CAGCTCTCTGAACGACTTCTCTC	CTCTCGACTGCGCAAGAAATAC
TC(2*6)	CAGCTCTCTGAACGACTTCTCTC	TCTCGACTGCGCAAGAAATAC
TC(2*6)	CAGCTCTCTGAACGACTTCTCTC	CTCTCGACTGCGCAAGAAATA
TC(2*6)	CAGCTCTCTGAACGACTTCTCTC	TCTCGACTGCGCAAGAAATA
TC(2*6)	CAGCTCTCTGAACGACTTCTCTC	CTCTCGACTGCGCAAGAAAT
AT(2*6)	TGGTCAGGCTCATGCTAGTAAAC	GATGCACAAATTTAGCAACAACA
AT(2*6)	GTTGGTCAGGCTCATGCTAGTAA	GATGCACAAATTTAGCAACAACA
AT(2*6)	TGGTCAGGCTCATGCTAGTAAAC	TGCACAAATTTAGCAACAACAAC
AT(2*6)	GTTGGTCAGGCTCATGCTAGTAA	TGCACAAATTTAGCAACAACAAC
AT(2*6)	TGGTCAGGCTCATGCTAGTAAAC	ATGCACAAATTTAGCAACAACAA
TC(2*10)	GCACTATCTTCTTCTCCACCCT	GACCCTCCCTAGAATAAAGCAAAA
TC(2*10)	GCACTATCTTCTTCTCCACCCT	CCCTCCCTAGAATAAAGCAAAAA
TC(2*10)	CTATCTACCGCACGCACTATCTT	GACCCTCCCTAGAATAAAGCAAAA
TC(2*10)	CTATCTACCGCACGCACTATCTT	CCCTCCCTAGAATAAAGCAAAAA
TC(2*10)	TCTTCTTCTTCCACCCTTCTTTT	GACCCTCCCTAGAATAAAGCAAAA
CT(2*7)	AATATCTCTGCAATCTTCCCCTC	ATAGGAGCCATCATTTACAGAA
CT(2*7)	AATATCTCTGCAATCTTCCCCTC	CTTGATAGGAGCCATCATTTAC
CT(2*7)	AATATCTCTGCAATCTTCCCCTC	TGAACTTGATAGGAGCCATCATT
CT(2*7)	GAATATCTCTGCAATCTTCCCCT	ATAGGAGCCATCATTTACAGAA

CT(2*7)	GAATATCTCTGCAATCTTCCCCT	CTTGATAGGAGCCATCATTTCAC
CTT(3*7)	ACTCTCGACTCCGACGTTCTAT	CACTTCTTGATCTCGAATCGCT
CTT(3*7)	ACTCTCGACTCCGACGTTCTAT	CACTTCTTGATCTCGAATCGC
CTT(3*7)	GACTCCGACGTTCTATGGTC	CACTTCTTGATCTCGAATCGCT
CTT(3*7)	GACTCTCGACTCCGACGTTCT	CACTTCTTGATCTCGAATCGCT
CTT(3*7)	CTCTCGACTCCGACGTTCTAT	CACTTCTTGATCTCGAATCGCT
GAG(3*6)	TAGACAAGGAAAGAAGATGGCTG	CTATGTGCATATTTGCATTCTCG
GAG(3*6)	TAGACAAGGAAAGAAGATGGCTG	GGCTATGTGCATATTTGCATTCT
GAG(3*6)	TAGACAAGGAAAGAAGATGGCTG	TATGTGCATATTTGCATTCTCGT
GAG(3*6)	TAGACAAGGAAAGAAGATGGCTG	ATGTGCATATTTGCATTCTCGTT
GAG(3*6)	AGACAAGGAAAGAAGATGGCTG	TTGGTTGTTTCAGAGGAGTAGAGC
TCC(3*6)	GCTCTACTCCTCTGAACAACCAA	GCGAAAGAAGAAGCTTGAAGAGT
TCC(3*6)	TCCTCTGAACAACCAAGTTCTGT	GCGAAAGAAGAAGCTTGAAGAGT
TCC(3*6)	TGAACAACCAAGTTCTGTTCTCA	GCGAAAGAAGAAGCTTGAAGAGT
TCC(3*6)	GCTCTACTCCTCTGAACAACCAA	AGAAGAAGCTTGAAGAGTCATGG
TCC(3*6)	CTCCTCTGAACAACCAAGTTCTG	GCGAAAGAAGAAGCTTGAAGAGT
GTC(3*5)	GAAGTTCAGCAACAGAGAGGAAA	CAAAAGGAGAAAGAGAAGCTCGT
GTC(3*5)	GAAGTTCAGCAACAGAGAGGAAA	ACAAAAGGAGAAAGAGAAGCTCG
GTC(3*5)	GAAGTTCAGCAACAGAGAGGAAA	TAAGTTGAGAAGAGGAGCAGGAG
GTC(3*5)	GAAGTTCAGCAACAGAGAGGAAA	ACGTAAGTTGAGAAGAGGAGCAG
GTC(3*5)	GAAGTTCAGCAACAGAGAGGAAA	GTAAGTTGAGAAGAGGAGCAGGA
GCA(3*5)	CATAAATTGAGTTGGGTGAGAGC	CGAGAGACCCTAATTTGACTGG
GCA(3*5)	AGCAGTTGGTCGATGTCATAAAT	CGAGAGACCCTAATTTGACTGG
GCA(3*5)	CGATGTCATAAATTGAGTTGGGT	CGAGAGACCCTAATTTGACTGG
GCA(3*5)	CATAAATTGAGTTGGGTGAGAGC	GCGAGAGACCCTAATTTGACTG
GCA(3*5)	AGCAGTTGGTCGATGTCATAAAT	GCGAGAGACCCTAATTTGACTG
TC(2*9)	CTCTCTCACAGGTCTCGCTTTT	CACAGTGTGGTAAACAAATCGAA
TC(2*9)	CTCTCTCACAGGTCTCGCTTTT	TTCACAGTGTGGTAAACAAATCG
TC(2*9)	CTCTCTCACAGGTCTCGCTTTT	TGGTGATTCACAGTGTGGTAAAC
TC(2*9)	CTCTCTCACAGGTCTCGCTTTT	TTGGTGATTCACAGTGTGGTAAA
TC(2*9)	CTCTCTCACAGGTCTCGCTTTT	TGGTGATTCACAGTGTGGTAAAC
TC(2*17)	CGGGTAGATGATACCAAAACGTA	AGGAGGTGGAGAACGCAGTAG
TC(2*17)	TATAGGCGGGTAGATGATACCAA	AGGAGGTGGAGAACGCAGTAG
TC(2*17)	CGGGTAGATGATACCAAAACGTA	GAGGTGGAGAACGCAGTAGC
TC(2*17)	CGGGTAGATGATACCAAAACGTA	GGAGGTGGAGAACGCAGTAG

TC(2*17)	CGGGTAGATGATACCAAAACGTA	AGGAGGTGGAGAACGCAGTA
TC(2*7)	CTTGCCGGGTATGTCCTCTAT	AAGATTGGTTGGCTCAGTCGT
TC(2*7)	CTTGCCGGGTATGTCCTCTAT	CCAAGATTGGTTGGCTCAGT
TC(2*7)	TTTGCCGGGTATGTCCTCTAT	AAGATTGGTTGGCTCAGTCGT
TC(2*7)	CTTGCCGGGTATGTCCTCTAT	AAGATTGGTTGGCTCAGTCG
TC(2*7)	CTTGCCGGGTATGTCCTCTAT	AGATTGGTTGGCTCAGTCGT
GA(2*6)	ATAGCTAGGCGGAGTAGATTGG	TCTCTACACCTCTCGCCGAT
GA(2*6)	TAGCTAGGCGGAGTAGATTGG	ATCTCTACACCTCTCGCCGAT
GA(2*6)	ATAGCTAGGCGGAGTAGATTGG	CTCTACACCTCTCGCCGATG
GA(2*6)	TAGCTAGGCGGAGTAGATTGG	TCTCTACACCTCTCGCCGAT
GA(2*6)	ATAGCTAGGCGGAGTAGATTGG	TCTACACCTCTCGCCGATG
AAAACA(6*4)	TTAACTGCCGTAAAATGGAAAAA	TAATCATAAGCCATCACCGACAG
AAAACA(6*4)	TTAACTGCCGTAAAATGGAAAAA	TAATCATAAGCCATCACCGACA
AAAACA(6*4)	TAAGTCCGTAAAATGGAAAAAC	GTAATCATAAGCCATCACCGACA
AAAACA(6*4)	TAAGTCCGTAAAATGGAAAAAC	TAATCATAAGCCATCACCGACAG
AAAACA(6*4)	TCTTAACTGCCGTAAAATGGAAA	ACAGTGTGATCACCATCATCG
CT(2*11)	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA	ATTTTCTCATCTTCAAAGGAGCC
CT(2*11)	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA	GCAGGGGACTTTTCAATTTACTTTT
CT(2*11)	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA	TGGAGAAGCTGAATTTTCTCATC
CT(2*11)	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA	ACTTTTCCTTGGAGAAGCTGAAT
CT(2*11)	ATACACAAAAGCCTCATCATCG	ATTTTCTCATCTTCAAAGGAGCC
AG(2*21)	ATTTTCTCATCTTCAAAGGAGCC	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA
AG(2*21)	TGGAGAAGCTGAATTTTCTCATC	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA
AG(2*21)	ACTTTTCCTTGGAGAAGCTGAAT	AGCCTCATCATCGTGAATCTCTA
AG(2*21)	ATTTTCTCATCTTCAAAGGAGCC	ATACACAAAAGCCTCATCATCG
AG(2*21)	TGGAGAAGCTGAATTTTCTCATC	ATACACAAAAGCCTCATCATCG
AT(2*15)	ACTAATCCAAGCAAAAGAGGGAA	GGTCCCCAATAGATGCTTTATC
AT(2*15)	AACTAATCCAAGCAAAAGAGGGA	GGTCCCCAATAGATGCTTTATC
AT(2*15)	GAATAATCCAAGCAAAAGAGGG	GGTCCCCAATAGATGCTTTATC
AT(2*15)	ACTAATCCAAGCAAAAGAGGGAA	ATCTAGACCTATTTCCAGCCCAA
AT(2*15)	AACTAATCCAAGCAAAAGAGGGA	ATCTAGACCTATTTCCAGCCCAA
GGC(3*5)	TTCCTATGACCTTCCCTTCTAGC	CCTACTGATTCTGAGCTTGAGGA
GGC(3*5)	GGTTCCTATGACCTTCCCTTCTA	CCTACTGATTCTGAGCTTGAGGA
GGC(3*5)	GGTTCCTATGACCTTCCCTTCTA	TCCTACTGATTCTGAGCTTGAGG
GGC(3*5)	GGTTCCTATGACCTTCCCTTCTA	GGTCCTACTGATTCTGAGCTTGA

GGC(3*5)	TTCCTATGACCTTCCCTTCTAGC	TACTGATTCTGAGCTTGAGGAGC
TC(2*9)	AATTGAAAAAGTTCCCAAAATCA	CTTTTCAACTTCCGCTCTCTGT
TC(2*9)	AAATTGAAAAAGTTCCCAAAATCA	CTTTTCAACTTCCGCTCTCTGT
TC(2*9)	GAAAAAGTTCCCAAAATCATGC	CTTTTCAACTTCCGCTCTCTGT
TC(2*9)	TGAAATTGAAAAAGTTCCCAAAA	TTTCAACTTCCGCTCTCTGTG
TC(2*9)	TTGAAATTGAAAAAGTTCCCAAAA	TTTCAACTTCCGCTCTCTGTG
GA(2*12)	AGCGACAAGGAGTATGAAAGTCA	GGCGAAATCTCCATAAGTAGGAA
GA(2*12)	GCGACAAGGAGTATGAAAGTCAA	GGCGAAATCTCCATAAGTAGGAA
GA(2*12)	AGCGACAAGGAGTATGAAAGTCA	CAGGCGAAATCTCCATAAGTAGG
GA(2*12)	AGCGACAAGGAGTATGAAAGTCA	AGCAGGCGAAATCTCCATAAGTA
GA(2*12)	CAAGGAGTATGAAAGTCAACACCA	GGAAGTTTTCTTATTCCTCCAGC
CT(2*8)	TATACTCAATCCTCGGCTGTCTG	ATTTTCATTTCCCTTCGTCCTAA
CT(2*8)	TTATACTCAATCCTCGGCTGTCT	ATTTTCATTTCCCTTCGTCCTAA
CT(2*8)	TATACTCAATCCTCGGCTGTCTG	CATTCCCTTCGTCCTAACAAATA
CT(2*8)	TTATACTCAATCCTCGGCTGTCT	CATTCCCTTCGTCCTAACAAATA
CT(2*8)	TATACTCAATCCTCGGCTGTCTG	TTTTTCATTTCCCTTCGTCCTAAC
ATG(3*5)	ATGATCACAGTCATGGTCACG	AATCCATGAGTATGCAAATCACC
ATG(3*5)	ATGATCACAGTCATGGTCACG	GAGTATGCAAATCACCATGATCC
AG(2*6)	CGTGTAGTGGAGTCCTCCTAAAA	AAGGCAGTGTCTCTCTTTTCATA
AG(2*6)	CGTGTAGTGGAGTCCTCCTAAAA	GGCAGTGTCTCTCTCTTTTCATATT
AG(2*6)	CGTGTAGTGGAGTCCTCCTAAAA	GAGAAGGAACAAAATGCATCAGT
AG(2*6)	CGTGTAGTGGAGTCCTCCTAAAA	AATTCGTAACCTTCACTCCCTCGT
AG(2*6)	TGGAGTCCTCCTAAAAGCAGAAT	AAGGCAGTGTCTCTCTTTTCATA
CT(2*6)	GAGATACGTTCCCTCACACCACTT	GTGTCATAATCCTGATGGTCGTT
CT(2*6)	AGATACGTTCCCTCACACCACTTG	GTGTCATAATCCTGATGGTCGTT
CT(2*6)	CACTTGGGATTCTTCAAAATCAA	AAAATGAGTGACATGGCTGCTAC
CTCCT(5*4)	AGCAGAAGCAGAAGAAGGAAAAA	GACAGTAAGGCGGACGAAGAG
CTCCT(5*4)	AGCAGAAGCAGAAGAAGGAAAAA	GACAGTAAGGCGGACGAAGA
CTCCT(5*4)	GCAGAAGCAGAAGAAGGAAAAA	GACAGTAAGGCGGACGAAGAG
CTCCT(5*4)	AGCAGAAGCAGAAGAAGGAAAAA	ACAGTAAGGCGGACGAAGAG
CTCCT(5*4)	GCAGAAGCAGAAGAAGGAAAAA	GACAGTAAGGCGGACGAAGA
CGG(3*5)	CTTCTGCAAGATCAAGCTCAACT	GTACTTGGTGAGGTGGAAGGTG
CGG(3*5)	CTGCAAGATCAAGCTCAACTTCT	GTCGTACTTGGTGAGGTGGAAG
CGG(3*5)	CTTCTGCAAGATCAAGCTCAACT	TACTTGGTGAGGTGGAAGGTG
CGG(3*5)	CTGCAAGATCAAGCTCAACTTCT	GTCGTACTTGGTGAGGTGGAAG

CGG(3*5)	CTTCTGCAAGATCAAGCTCAACT	GTCGTA CTGGTGAGGTGGAA
CTT(3*6)	CTTATCCCTCCTATCCTCCTCCT	AGTCTTGGTGAATACGAGGGTTT
CTT(3*6)	CTTATCCCTCCTATCCTCCTCCT	GTCTTGGTGAATACGAGGGTTT
CTT(3*6)	TTATCCCTCCTATCCTCCTCCTC	GTCTTGGTGAATACGAGGGTTT
CTT(3*6)	TCTTATCCCTCCTATCCTCCTCC	GTCTTGGTGAATACGAGGGTTT
CGG(3*6)	AGCTCTTGTCTGGCCGTT	AAAAGTGAAGGAGCTCGAGACA
CGG(3*6)	AAGCTCTTGTCTGGCCGTT	AAAAGTGAAGGAGCTCGAGACA
CGG(3*6)	AGCTCTTGTCTGGCCGTT	AAAAAGTGAAGGAGCTCGAGACA
CGG(3*6)	AAGCTCTTGTCTGGCCGTT	AAAAAGTGAAGGAGCTCGAGACA
CGG(3*6)	AGCTCTTGTCTGGCCGTTT	AAAAGTGAAGGAGCTCGAGACA
CAT(3*5)	CTGAAACAACAGAACAAAGAACCC	GCTTGTTTCGCTGTTACGTTTAC
CAT(3*5)	GCTGAAACAACAGAACAAAGAACCC	GCTTGTTTCGCTGTTACGTTTAC
CAT(3*5)	CTTCCTGTACACTCCGATCCTC	ACGTTTACTTGCTGGGTAATGAA
CAT(3*5)	ACGCTGAAACAACAGAACAAAGA	GTTTCGCTGTTACGTTTACTTGC
CAT(3*5)	CTTCCTGTACACTCCGATCCTC	GTTTCGCTGTTACGTTTACTTGC
CT(2*12)	CCTCTCCTGCCTGTTTATATGC	CACCCGCTGTTGATTACTTACAT
CT(2*12)	GCCTCTCCTGCCTGTTTATATG	CACCCGCTGTTGATTACTTACAT
CT(2*12)	ATTTTGGTGGCTGTGGTACTT	CACCCGCTGTTGATTACTTACAT
CT(2*12)	AGGTAATGCTCTACCATTTTGG	CACCCGCTGTTGATTACTTACAT
CT(2*12)	CTCTACCATTTTGGTGGCTGT	CACCCGCTGTTGATTACTTACAT
GA(2*12)	CAGTAGTTTTACGTTCAATCCCG	CCTCTCCTGCCTGTTTATATGC
GA(2*12)	CAGTAGTTTTACGTTCAATCCCG	GCCTCTCCTGCCTGTTTATATG
GA(2*12)	TCAGGAGCAACACATCAGTAGAA	CCTCTCCTGCCTGTTTATATGC
GA(2*12)	AATCCCGCTGTTGATTACTTACA	CCTCTCCTGCCTGTTTATATGC
GA(2*12)	AATCCCGCTGTTGATTACTTACA	GCCTCTCCTGCCTGTTTATATG
AGA(3*6)	CCCATAAGAAGAGATGACGACAG	GACGGTAGGGTCAGGTGCT
AGA(3*6)	GCGAGTTTTCTTATTGCTACACG	GACGGTAGGGTCAGGTGCT
AGA(3*6)	TTGAAGCGAGTTTTCTTATTGCT	GACGGTAGGGTCAGGTGCT
AGA(3*6)	CTTGAAGCGAGTTTTCTTATTGC	GACGGTAGGGTCAGGTGCT
AGA(3*6)	GAGATGACGACAGAGAGAACAGG	GACGGTAGGGTCAGGTGCT
AGA(3*6)	CCCATAAGAAGAGATGACGACAG	GTTGCGATCTTTGAATCTTTCAG
AGA(3*6)	GCGAGTTTTCTTATTGCTACACG	GTTGCGATCTTTGAATCTTTCAG
AGA(3*6)	GCGAGTTTTCTTATTGCTACACG	CTGTTGCGATCTTTGAATCTTTC
AGA(3*6)	GCGAGTTTTCTTATTGCTACACG	GTAAGGTCACTGTTGCGATCTTT
AGA(3*6)	GCGAGTTTTCTTATTGCTACACG	GACTCCTGAGAGCAGAGCAGATA

CT(2*11)	ATATTACCTATTTCCCGAGCCAA	GTCGAGAAGCAAATAAGGGATCT
CT(2*11)	ACAGATCAATTTTTATCCTGCGA	AAGAGGGTCGAGAAGCAAATAAG
CT(2*11)	ATATTACCTATTTCCCGAGCCAA	AAGAGGGTCGAGAAGCAAATAAG
CT(2*11)	CAGATCAATTTTTATCCTGCGAG	AAGAGGGTCGAGAAGCAAATAAG
CT(2*11)	ACAGATCAATTTTTATCCTGCGA	AGATTGAGAAGAAGAGGGTCGAG
AC(2*6)	CTTGAAGCTCATCGTTTCAAAGT	CCTTTACTCTTTTCATGGCCTCT
AC(2*6)	CTTGAAGCTCATCGTTTCAAAGT	TTCCTTTACTCTTTTCATGGCCT
AC(2*6)	CTTGAAGCTCATCGTTTCAAAGT	TCTTTTCATGGCCTCTTATGTTG
AC(2*6)	GTACATTTGACCATAACCAAGGA	ATTCTGGCTTCACTTGAATGAGT
AC(2*6)	GGAGTACATTTGACCATAACCAA	ATTCTGGCTTCACTTGAATGAGT
CTAG(4*5)	GTTTTTCGAGTCCTCATCACTGT	ATCTTCATCTTCTAATGCCACACA
CTAG(4*5)	GTTTTTCGAGTCCTCATCACTGT	CATCTTCATCTTCTAATGCCACAC
CTAG(4*5)	GTTTTTCGAGTCCTCATCACTGT	ACATCTTCATCTTCTAATGCCACA
CTAG(4*5)	GTTTTTCGAGTCCTCATCACTGT	CATCTTCTAATGCCACACTAGC
CTAG(4*5)	GTTTTTCGAGTCCTCATCACTGT	CTTCATCTTCTAATGCCACACT
CGC(3*7)	CTACGACCGGACGCTGTT	TAACACTAACTCAAGGGTCCTCC
CGC(3*7)	CTACGACCGGACGCTGTT	CTAACACTAACTCAAGGGTCCTCC
CGC(3*7)	ACTACGACCGGACGCTGTTC	TAACACTAACTCAAGGGTCCTCC
CGC(3*7)	CTACGACCGGACGCTGTT	ACACTAACTCAAGGGTCCTCCC
CGC(3*7)	CTACGACCGGACGCTGTT	GCTACTAGCTACCAGCACTGATCC
CGC(3*7)	ACTACGACCGGACTCTGTTCC	CAAAGAAGAAGATGAAATCGCAC
CGC(3*7)	ACTACGACCGGACTCTGTTCC	TTGCAAAGAAGAAGATGAAATCG
CGC(3*7)	CTACGACCGGACTCTGTTCC	CAAAGAAGAAGATGAAATCGCAC
CGC(3*7)	CGACTACGACCGGACTCTGT	CAAAGAAGAAGATGAAATCGCAC
CGC(3*7)	GACTACGACCGGACTCTGTTCC	CAAAGAAGAAGATGAAATCGCAC
TGTTC(5*4)	ATGACAAGCCAACACATTTCTCT	TCTACTAAAGCACCACACGGAAT
TGTTC(5*4)	CGAACATGTATATGACAAGCCAA	TCTACTAAAGCACCACACGGAAT
TGTTC(5*4)	CGAACATGTATATGACAAGCCAA	AGCAGGCAGAGAGTTGTTTTCTA
TGTTC(5*4)	CGAACATGTATATGACAAGCCAA	TAGCAGGCAGAGAGTTGTTTTCT
TGTTC(5*4)	CGAACATGTATATGACAAGCCAA	CTAGCAGGCAGAGAGTTGTTTTCT
CT(2*10)	AGCTCGAGTCCAGACAAAAAGAG	ATCGAAAGAGAAAACTGAAAGGG
CT(2*10)	AGCTCGAGTCCAGACAAAAAGAG	AGGAGCGAAATAAATCGAAAGAG
CT(2*10)	CTCGAGTCCAGACAAAAAGAGC	ATCGAAAGAGAAAACTGAAAGGG
CT(2*10)	GCTCGAGTCCAGACAAAAAGAG	ATCGAAAGAGAAAACTGAAAGGG
CT(2*10)	AGCTCGAGTCCAGACAAAAAGA	ATCGAAAGAGAAAACTGAAAGGG

CT(2*12)	CCCTTTCAGTTTTCTCTTTCGAT	GTTCTTCGCCATGCTTGTG
CT(2*12)	CTCTTTCGATTTATTTTCGCTCCT	GTTCTTCGCCATGCTTGTG
CT(2*12)	GATTTATTTTCGCTCCTCGAAGTC	GTTCTTCGCCATGCTTGTG
CT(2*12)	CCTTTTCCCTTTTCAGTTTTCTCT	GTTCTTCGCCATGCTTGTG
CT(2*12)	CCCTTTCAGTTTTCTCTTTCGAT	GAGCACGTTCTTCGCCAT
TG(2*6)	CCTTGAGAAGTTGTTGCTGACTT	AGAAGACAAAGAGCTCCCCTTTA
TG(2*6)	CTGATGCTTGGCCTTATCTATTG	AGAAGACAAAGAGCTCCCCTTTA
TG(2*6)	GAAGTATGCTTGGCCTTATCTA	AGAAGACAAAGAGCTCCCCTTTA
TG(2*6)	CAAGATAAGAAGTATGCTTGGC	AGAAGACAAAGAGCTCCCCTTTA
TG(2*6)	TTTGACCTTGAGAAGTTGTTGCT	AGAAGACAAAGAGCTCCCCTTTA
CTT(3*5)	GGATAGTAATGACCTTTGACGGA	AAGGAACGATCGACTATTTCTCC
CTT(3*5)	TAGTAATGACCTTTGACGGAGGA	GATCGACTATTTCTCCAAGTGC
CTT(3*5)	TAGTAATGACCTTTGACGGAGGA	TCGACTATTTCTCCAAGTGC
CTT(3*5)	TAGTAATGACCTTTGACGGAGGA	GAACGATCGACTATTTCTCCAAC
CTT(3*5)	TAGTAATGACCTTTGACGGAGGA	GAACGATCGACTATTTCTCCAAGT
CTT(3*5)	ATTTAGCACCTTTGACGGAGG	AAGGAACGATCGACTATTTCTCC
AG(2*6)	GACGATTTGGTTCGAAAAAGAC	GTTACAGGAGGGGAGAGGAGAGAG
AG(2*6)	TGATAAAGTGACGATTTGGTTCG	GTTACAGGAGGGGAGAGGAGAGAG
AG(2*6)	GACGATTTGGTTCGAAAAAGAC	CTACGTTACAGGAGGGGAGAGGAG
AG(2*6)	CGATTTGGTTCGAAAAAGACAGT	GTTACAGGAGGGGAGAGGAGAGAG
AG(2*6)	ACGATTTGGTTCGAAAAAGACAG	GTTACAGGAGGGGAGAGGAGAGAG
GA(2*6)	ATGAGGGATTTGAGAAGCTGGT	ATGTCCCTCTTCACCAAAAATCT
AT(2*8)	CCAAGATCAAGAAGGTTGTATGG	AGAAAACCACTATTGCACGTGTT
AT(2*8)	CCCAAGATCAAGAAGGTTGTATG	AGAAAACCACTATTGCACGTGTT
AT(2*8)	CCAAGATCAAGAAGGTTGTATGG	CCACTATTGCACGTGTTTTTGTA
AT(2*8)	CCCAAGATCAAGAAGGTTGTATG	CCACTATTGCACGTGTTTTTGTA
AT(2*8)	CCAAGATCAAGAAGGTTGTATGG	AAACCACTATTGCACGTGTTTTT
CTC(3*6)	CTACCCTCGTTAGCTAGCTCCTC	CAACTTCACTTCCTCCAAGACAT
CTC(3*6)	CTACCCTCGTTAGCTAGCTCCTC	TCCAAATTCAATGTCTCACACAA
CTC(3*6)	CACCAGGCTATGAACCTATCAAC	TCCAAATTCAATGTCTCACACAA
CTC(3*6)	ACACCAGGCTATGAACCTATCAA	TCCAAATTCAATGTCTCACACAA
CTC(3*6)	CTACCCTCGTTAGCTAGCTCCTC	CCAAATTCAATGTCTCACACAAG
TCG(3*5)	TTCTCAGACAAACCACATCTCT	CGGGAAGATACAGAAGAACTCAA
TCG(3*5)	CGTGATCTATCATCGTACTGGGT	CGGGAAGATACAGAAGAACTCAA
TCG(3*5)	CTTCTCAGACAAACCACATCT	CGGGAAGATACAGAAGAACTCAA

TCG(3*5)	TTCCTCAGACAAACCACATCTCT	ATGCGGGAAGATACAGAAGAACT
TCG(3*5)	ACTTTCCTCAGACAAACCACATC	CGGGAAGATACAGAAGAACTCAA
CT(2*11)	GGAAGAAAATGGGAAAGAAACTC	GTTTCGGACACAGACTCGTCAT
CT(2*11)	GGAAGAAAATGGGAAAGAAACTC	TTTCGGACACAGACTCGTCAT
CT(2*11)	GAGGAAGAAAATGGGAAAGAAAC	TTTCGGACACAGACTCGTCAT
CT(2*11)	AAGGAAGGGGAGGAAGAAAATG	GTTTCGGACACAGACTCGTCAT
CT(2*11)	AAAGGAAGGGGAGGAAGAAAATG	GTTTCGGACACAGACTCGTCAT
CT(2*12)	CTCTCGCTGATCTTTTCTCTCAA	CCTCCTCTTCCTTGTCACTAAGC
CT(2*12)	CTCTCGCTGATCTTTTCTCTCAA	TCCTCTTCCTTGTCACTAAGCTC
CT(2*12)	CTCGCTGATCTTTTCTCTCAAAC	CCTCCTCTTCCTTGTCACTAAGC
AG(2*6)	GATGTGAGAGCCGCTAGATAGAA	GAATCATACCTTGCATCTGGTTC
AG(2*6)	TAACATTGAGCCAACTTGATGTG	GAATCATACCTTGCATCTGGTTC
AG(2*6)	ACCTTAACATTGAGCCAACTTGA	GAATCATACCTTGCATCTGGTTC
AG(2*6)	GATGTGAGAGCCGCTAGATAGAA	TCGAAAAGACTGAAATCTGAAT
CA(2*6)	AGATGACCTTGCTGTGATTCAAT	TTTATGCTATTCTTTTGTGCGTG
CA(2*6)	AAGATGACCTTGCTGTGATTCAAT	TTTATGCTATTCTTTTGTGCGTG
CA(2*6)	CCCTAACCAGTGATTCTAGGGAC	GGTTAATAACCGGTGCAGATTT
CA(2*6)	GAAAGATGACCTTGCTGTGATTCT	TTTATGCTATTCTTTTGTGCGTG
CA(2*6)	CTAGCTTAAATAAATGGCAGCCC	GGTTAATAACCGGTGCAGATTT
AG(2*6)	TGAACCCTAACGAGAAAAACAAA	GTCTATTTCCTCGCCTCTCCTT
AG(2*6)	TTGAACCCTAACGAGAAAAACAAA	GTCTATTTCCTCGCCTCTCCTT
AG(2*6)	TGAACCCTAACGAGAAAAACAAA	GTCTATTTCCTCGCCTCTCCTTT
AG(2*6)	TTGAACCCTAACGAGAAAAACAAA	GTCTATTTCCTCGCCTCTCCTTT
AG(2*6)	TGAACCCTAACGAGAAAAACAAA	CTCTCCTTTGACCTGCAAAAAG
CCG(3*5)	CTTCCTCTGCTCCTACTCTCCTC	AGATCAATCTAACCCGGCACT
CCG(3*5)	CTCCTACTCTCCTCACCCTGACT	AGATCAATCTAACCCGGCACT
CCG(3*5)	CTTCCTCTGCTCCTACTCTCCTC	GAGATCAATCTAACCCGGCACT
CCG(3*5)	CTTCCTCTGCTCCTACTCTCCTC	GAGATCAATCTAACCCGGCAC
CCG(3*5)	CTCCTACTCTCCTCACCCTGACT	GAGATCAATCTAACCCGGCACT
CCCGAA(6*4)	TAGCTAGGGTACCCGATCAATGT	TACGATTTGTACAAGAAGAGGGG
CCCGAA(6*4)	TAGCTAGGGTACCCGATCAATGT	GCCGTACGATTTGTACAAGAAGA
CCCGAA(6*4)	CAATCCTCCAATTCTTCACAACA	GCCGTACGATTTGTACAAGAAGA
CCCGAA(6*4)	TAGCTAGGGTACCCGATCAATG	TACGATTTGTACAAGAAGAGGGG
CCCGAA(6*4)	TAGCTAGGGTACCCGATCAATG	GCCGTACGATTTGTACAAGAAGA
AG(2*9)	CCCCAGAAAAATTGAGTGAGTTA	GGACGAGGACTACCTCTATCAT

AG(2*9)	CGAGTCTCGGACTTACTGGTAGA	TATTTGCAACTCAACTCTCGTCC
AG(2*9)	TCGAGTCTCGGACTTACTGGTAG	TATTTGCAACTCAACTCTCGTCC
AG(2*9)	CGAGTCTCGGACTTACTGGTAGA	AACTCAACTCTCGTCCTCCACTT
AG(2*9)	TCGAGTCTCGGACTTACTGGTAG	AACTCAACTCTCGTCCTCCACTT
CT(2*9)	TATTTGCAACTCAACTCTCGTCC	CGAGTCTCGGACTTACTGGTAGA
CT(2*9)	TATTTGCAACTCAACTCTCGTCC	TCGAGTCTCGGACTTACTGGTAG
CT(2*9)	AACTCAACTCTCGTCCTCCACTT	CGAGTCTCGGACTTACTGGTAGA
CT(2*9)	AACTCAACTCTCGTCCTCCACTT	TCGAGTCTCGGACTTACTGGTAG
CT(2*9)	TCTATTTGCAACTCAACTCTCGTC	TCGAGTCTCGGACTTACTGGTAG
TCT(3*5)	ACAATCTCGTCCTTGTTCCTACA	AGTGAGAATGCAGAGTTGGACAC
TCT(3*5)	ACAATCTCGTCCTTGTTCCTACA	CAGAGTTGGACACACTCAACAAT
TCT(3*5)	ACGACTCTACAATCTCGTCCTTG	CAGAGTTGGACACACTCAACAAT
TCT(3*5)	CAACGACTCTACAATCTCGTCCT	CAGAGTTGGACACACTCAACAAT
TCT(3*5)	CAATAGCTTGTTTTTCATCGTCCT	AGTGAGAATGCAGAGTTGGACAC
CT(2*13)	ACTTTCATTTCTCTCCGATTTT	CTCGACTTTAACTTCGATCGCT
CT(2*13)	ACTTTCATTTCTCTCCGATTTT	ACTTTAACTTCGATCGCTTCGAG
CT(2*13)	ACTTTCATTTCTCTCCGATTTT	CTCGACTTTAACTTCGATCGCTT
CT(2*13)	ACTTTCATTTCTCTCCGATTTT	GACTTTAACTTCGATCGCTTCG
CT(2*13)	ACTTTCATTTCTCTCCGATTTT	CGACTTTAACTTCGATCGCTTC
TG(2*6)	GTTGGCATGCTCTAGTCAAACT	TTCAGCAACATTCTTCACAGAAA
TG(2*6)	TTGGCATGCTCTAGTCAAACTT	TTCAGCAACATTCTTCACAGAAA
TG(2*6)	GTTGGCATGCTCTAGTCAAACT	TCATTACAGCAACATTCTTCACAG
TG(2*6)	TTGGCATGCTCTAGTCAAACTT	CATTACAGCAACATTCTTCACAGA
TG(2*6)	TTGGCATGCTCTAGTCAAACTT	TCATTACAGCAACATTCTTCACAG
CT(2*10)	TTCGTCTTCTTCATCTTCGTTTC	GTGGATTTTCGCACTAGAGACAAT
CT(2*10)	GGATTTTCTCCTCCTCCTTCTTT	GTGGATTTTCGCACTAGAGACAAT
CT(2*10)	ATTTTCTCCTCCTCCTTCTTTTG	GTGGATTTTCGCACTAGAGACAAT
CT(2*10)	TTCGTCTTCTTCATCTTCGTTTC	TTTCGCACTAGAGACAATGTGAT
CT(2*10)	TTCGTCTTCTTCATCTTCGTTTC	GATTTTCGCACTAGAGACAATGTG
GA(2*10)	GTGGATTTTCGCACTAGAGACAAT	TTCGTCTTCTTCATCTTCGTTTC
GA(2*10)	TTTCGCACTAGAGACAATGTGATG	GGATTTTCTCCTCCTCCTTCTTT
GA(2*10)	GTGGATTTTCGCACTAGAGACAAT	GGATTTTCTCCTCCTCCTTCTTT
GA(2*10)	TTTCGCACTAGAGACAATGTGATG	ATTTTCTCCTCCTCCTTCTTTTG
GA(2*10)	GTGGATTTTCGCACTAGAGACAAT	ATTTTCTCCTCCTCCTTCTTTTG
GA(2*20)	GAAGATCGGATTCGTTGTTTTTA	GCAATGTCAAAGCCCACTTC

GA(2*20)	AGATCGGATTCGTTGTTTTTAGG	GCAATGTCAAAGCCCCTTC
GA(2*20)	GAAGATCGGATTCGTTGTTTTTA	ATCTGGATCGGCAATGTCA
GA(2*20)	GAAGATCGGATTCGTTGTTTTTA	CATCTGGATCGGCAATGTC
GA(2*20)	GAAGATCGGATTCGTTGTTTTTA	CCACTTCGCGTTTCAAGATA
CT(2*12)	CAGGAAGTGACGAAGAAAGAAGA	GTCAAACATAGGGAAGGTGAACA
CT(2*12)	TAAGCAGGAAGTGACGAAGAAAG	GTCAAACATAGGGAAGGTGAACA
CT(2*12)	CTTAAGCAGGAAGTGACGAAGA	GTCAAACATAGGGAAGGTGAACA
CT(2*12)	TTAAGCAGGAAGTGACGAAGAAA	GTCAAACATAGGGAAGGTGAACA
CT(2*12)	TTAAGCAGGAAGTGACGAAGAA	GTCAAACATAGGGAAGGTGAACA
AG(2*10)	CCTGAACATAAATACCATCCCTC	GGTAACTTCATCGACCCAGAGT
AG(2*10)	TCCTGAACATAAATACCATCCCT	GGTAACTTCATCGACCCAGAGT
AG(2*10)	GCATTGTCTAGGACACATCTAGGA	GGTAACTTCATCGACCCAGAGT
AG(2*10)	CCTGAACATAAATACCATCCCTCT	GGTAACTTCATCGACCCAGAGT
AG(2*10)	CCTCTATAGACAAGTATGTCGGCAC	TTCTAGGAACTTGGTGGTTGTTG
GA(2*8)	AATTCCCCACGGGATACTAGAG	ATGAGCTATAAAGCCCAACATCA
GA(2*8)	AATTCCCCACGGGATACTAGAG	GGTCAAGAAGCAAAGAATGAGAA
GA(2*8)	AATTCCCCACGGGATACTAGAG	GAGCTATAAAGCCCAACATCAAA
GA(2*8)	AATTCCCCACGGGATACTAGAG	CAGGTCAAGAAGCAAAGAATGAG
GA(2*8)	AATTCCCCACGGGATACTAGAG	AGGTCAAGAAGCAAAGAATGAGA
GA(2*13)	GGAGCTAGGGGTGTAATTTTGAC	ATTAAACCCTTCAGTCCATCGTC
GA(2*13)	AGGAGCTAGGGGTGTAATTTTGA	ATTAAACCCTTCAGTCCATCGTC
GA(2*13)	GGAGCTAGGGGTGTAATTTTGAC	CCTTCAGTCCATCGTCTCTTCT
GA(2*13)	AGGAGCTAGGGGTGTAATTTTGA	CCTTCAGTCCATCGTCTCTTCT
GA(2*13)	GGAGCTAGGGGTGTAATTTTGAC	TTAAACCCTTCAGTCCATCGTC
CT(2*16)	GATCAGACTCGTTGCTCTTCTTA	TCAAGAAACTGATGGAATTGACA
CT(2*16)	GTTTGATCAGACTCGTTGCTCTT	TCAAGAAACTGATGGAATTGACA
CT(2*16)	TCTTCCTAAGTTCACTTTGCCTG	TCAAGAAACTGATGGAATTGACA
CT(2*16)	TCAGACTCGTTGCTCTTCTTAAG	TCAAGAAACTGATGGAATTGACA
CT(2*16)	CTCGTTGCTCTTCTTAAGTTCAC	TCAAGAAACTGATGGAATTGACA
GT(2*11)	GGTGTCGATCTGTTAGCATTCTG	AGCTAGCGTCTTTACCTCCTTTT
GT(2*11)	GGTGTCGATCTGTTAGCATTCTG	AAGCTAGCGTCTTTACCTCCTTT
GT(2*11)	GGTGTCGATCTGTTAGCATTCTG	AAAGCTAGCGTCTTTACCTCCTT
GT(2*11)	GTGTCGATCTGTTAGCATTCTGC	AGCTAGCGTCTTTACCTCCTTTT
GT(2*11)	GTGTCGATCTGTTAGCATTCTGC	AAGCTAGCGTCTTTACCTCCTTT
AT(2*6)	TGAAATCTCAAAGAAGCAAGGAG	TTAACCTGAACATGGTCCTCAAC

AT(2*6)	CTGAAATCTCAAAGAAGCAAGGA	TTAACCTGAACATGGTCCTCAAC
AT(2*6)	ACACGTGAATGATTAAGTCGG	ATCTTCCTCAAATTGTAGCCCTC
AT(2*6)	ACACGTGAATGATTAAGTCGG	CGCATCAAACAATTATCTTCCTC
AT(2*6)	GGTTGATTTCCAAAGTGCTTAGA	ATCTTCCTCAAATTGTAGCCCTC
TTTT(5*4)	TATAAGTTCGTGCCTGAACGATT	CCAAATTCAAGAAGACGACTGAC
TTTT(5*4)	TATAAGTTCGTGCCTGAACGATT	ACCAAATTCAAGAAGACGACTGA
TTTT(5*4)	TATAAGTTCGTGCCTGAACGATT	AACCAAATTCAAGAAGACGACTG
TTTT(5*4)	AGTCGTTTATAAGTTCGTGCCTG	CCAAATTCAAGAAGACGACTGAC
TTTT(5*4)	AGTCGTTTATAAGTTCGTGCCTG	ACCAAATTCAAGAAGACGACTGA
AGATG(5*4)	TTGGTCCTTGCCTTTGTGTTACTA	CATCAATGCAGATAAACGAGGAT
AGATG(5*4)	TATCACTTTGCATTTGGTCCTT	CATCAATGCAGATAAACGAGGAT
AGATG(5*4)	TTGGTCCTTGCCTTTGTGTTACTA	GATATGTCGTTTCCCAACAGATG
AGATG(5*4)	TTGGTCCTTGCCTTTGTGTTACTA	TAGATCCCCATCAATGCAGATAA
AGATG(5*4)	TATCACTTTGCATTTGGTCCTT	GATATGTCGTTTCCCAACAGATG
CGA(3*5)	CCGCGGCTGATGAGTCTG	CCTTGTTTTTCTCCCCTTCAG
CGA(3*5)	CCGCGGCTGATGAGTCTG	CTTGTTTTTCTCCCCTTCAGC
CGA(3*5)	GACCCGCGGCTGATGAGT	CCTTGTTTTTCTCCCCTTCAG
CGA(3*5)	CCCGCGGCTGATGAGTCT	CCTTGTTTTTCTCCCCTTCAG
CGA(3*5)	CCCGCGGCTGATGAGTCT	CTTGTTTTTCTCCCCTTCAGC
AG(2*6)	GAGGCAGCAGAGGTTACAAGTTA	TATCTCCTCTTCTCGAATGTTGC
AG(2*6)	GAGGCAGCAGAGGTTACAAGTTA	AGTCTGCACTTGTCGCTCTATCT
GA(2*10)	AGATAGAGCGACAAGTGCAGACT	ACTCCTATCTGTTACTCCTCCCG
GA(2*10)	GATAGAGCGACAAGTGCAGACTC	ACTCCTATCTGTTACTCCTCCCG
GA(2*10)	GAGATAGAGCGACAAGTGCAGAC	ACTCCTATCTGTTACTCCTCCCG
GA(2*10)	AAAAAGGCTACAAGAGGAAGGGT	ACTCCTATCTGTTACTCCTCCCG
GA(2*10)	AAAAAGGCTACAAGAGGAAGGGT	CCCCACAGCTTCTTTACTCCTAT
TC(2*8)	ACGTGAATATCCAAACACCTCAC	CGACCACTAATGGATCTTTTTCA
TC(2*8)	AATTCGAAACGTGAATATCCAAA	CGACCACTAATGGATCTTTTTCA
TC(2*8)	ACGTGAATATCCAAACACCTCAC	TGGATCTTTTTCACGTACATTCA
TC(2*8)	ACGTGAATATCCAAACACCTCAC	ACCACTAATGGATCTTTTTCACG
TC(2*8)	AATTCGAAACGTGAATATCCAAA	TGGATCTTTTTCACGTACATTCA
T(1*14)	ACGTGAATATCCAAACACCTCAC	CGACCACTAATGGATCTTTTTCA
T(1*14)	AATTCGAAACGTGAATATCCAAA	CGACCACTAATGGATCTTTTTCA
T(1*14)	ACGTGAATATCCAAACACCTCAC	TGGATCTTTTTCACGTACATTCA
T(1*14)	ACGTGAATATCCAAACACCTCAC	ACCACTAATGGATCTTTTTCACG

T(1*14)	AATTCGAAACGTGAATATCCAAA	TGGATCTTTTTCACGTACATTCA
TC(2*7)	TTACACCAGGAGGAGTTCAAAAA	CAAGCTTTGCTACAAACCAAATA
TC(2*7)	GTTACACCAGGAGGAGTTCAAAAA	CAAGCTTTGCTACAAACCAAATA
TC(2*7)	AAAAATAACAGAATCAAGCCGC	ATGACAAAACCAAGCTTTGCTAC
TC(2*7)	CTGTTACACCAGGAGGAGTTCAA	CAAGCTTTGCTACAAACCAAATA
TC(2*7)	TTACACCAGGAGGAGTTCAAAAA	ACTCTTTCAAACAGAACAAAGCAA
CT(2*9)	GGGTAGCTGTTTGTAAATTGCTTG	ATAGACTGCCTGAAATTCCCATT
CT(2*9)	GGGTAGCTGTTTGTAAATTGCTTG	AATAGACTGCCTGAAATTCCCATT
CT(2*9)	TGCAATCCTGGTTATCTACAGGT	ATAGACTGCCTGAAATTCCCATT
CT(2*9)	TGCAATCCTGGTTATCTACAGGT	AATAGACTGCCTGAAATTCCCATT
CT(2*9)	GGGTAGCTGTTTGTAAATTGCTTG	CCATTGTGAAACCTCCTAAAATG
CT(2*21)	TAATTCATCTCCTCTCTCCCTCC	GGATTCACTAGCTACAAAAACCAAA
CT(2*21)	TAATTCATCTCCTCTCTCCCTCC	GGATTCACTAGCTACAAAAACCAA
CT(2*21)	TAATTCATCTCCTCTCTCCCTCC	AAACCAAAAGAGTTATTCTTCAGCA
CT(2*21)	TAATTCATCTCCTCTCTCCCTCC	AGGATTCACTAGCTACAAAAACCAA
CT(2*21)	CCTTAATTCATCTCCTCTCTCCC	GGATTCACTAGCTACAAAAACCAAA
TA(2*6)	AGAGCTTCACTTCATTCATAGGG	GACGAAGACAAGAACGAGTATGG
TA(2*6)	GCGCAAACCATATTGTAGAACAC	AAAGCAGATGATGTTTCCATGAG
TA(2*6)	AAGAGCTTCACTTCATTCATAGGG	GACGAAGACAAGAACGAGTATGG
TA(2*6)	GAGCTTCACTTCATTCATAGGGT	GACGAAGACAAGAACGAGTATGG
TA(2*6)	TGTCTCGAATAGCTAACCTTCCC	AAAGCAGATGATGTTTCCATGAG
CTT(3*5)	ATTCTACTCCTTTGACCTTTGCC	AAGAAACCTGAAAGCAAGAAAGC
CAG(3*6)	GTAGGTATGATGTACGGCGATCC	CAGGCTGGTGGTGTGATAAT
CAG(3*6)	TAGGTATGATGTACGGCGATCC	CAGGCTGGTGGTGTGATAAT
CAG(3*6)	GTATGATGTACGGCGATCCTC	CAGGCTGGTGGTGTGATAAT
CAG(3*6)	GTAGGTATGATGTACGGCGATCC	AGGCTGGTGGTGTGATAATCC
CAG(3*6)	GTAGGTATGATGTACGGCGATCC	CAGGCTGGTGGTGTGATAA
CT(2*12)	TGTCCACATAACAACAGCTCAAC	AAATGGAAGGAAGACAAAAGGAG
CT(2*12)	TGTCCACATAACAACAGCTCAAC	GAAAGGCTAAAATGGAAGGAAGA
CT(2*12)	TAACAACAGCTCAACTCAATCCA	AAATGGAAGGAAGACAAAAGGAG
CT(2*12)	CCACATAACAACAGCTCAACTCA	AAATGGAAGGAAGACAAAAGGAG
CT(2*12)	CTGTCCACATAACAACAGCTCAA	AAATGGAAGGAAGACAAAAGGAG
GA(2*11)	TCAGCTCTTCGTCAATACCTTTC	GACAACTTCTTCCATGTCTCACC
GA(2*11)	TGTCAGCTCTTCGTCAATACCTT	GACAACTTCTTCCATGTCTCACC
GA(2*11)	TTGTCAGCTCTTCGTCAATACCT	GACAACTTCTTCCATGTCTCACC

GA(2*11)	TCAGCTCTTCGTC AATACCTTTC	ATGGATGACA ACTTCTTCCATGT
GA(2*11)	ATTGTCAGCTCTTCGTC AATACC	GACA ACTTCTTCCATGTCTCACC
GT(2*9)	CAGGGGAGCATTATGTCTATCTG	TTTGCAGAGAGGATTT CATCAAT
GT(2*9)	CAGGGGAGCATTATGTCTATCTG	TGCAGAGAGGATTT CATCAATCT
GT(2*9)	ACATCATGGTCGTTCCAGATAAA	TTTGCAGAGAGGATTT CATCAAT
GT(2*9)	CATCATGGTCGTTCCAGATAAAG	TTTGCAGAGAGGATTT CATCAAT
GT(2*9)	ACATCATGGTCGTTCCAGATAAA	TGCAGAGAGGATTT CATCAATCT
AC(2*7)	TTTGCAGAGAGGATTT CATCAAT	ACATCATGGTCGTTCCAGATAAA
AC(2*7)	TTTGCAGAGAGGATTT CATCAAT	CATCATGGTCGTTCCAGATAAAG
AC(2*7)	TGCAGAGAGGATTT CATCAATCT	ACATCATGGTCGTTCCAGATAAA
AC(2*7)	TTTGCAGAGAGGATTT CATCAAT	CTATCTGACATCATGGTCGTTCC
AC(2*7)	TGCAGAGAGGATTT CATCAATCT	CATCATGGTCGTTCCAGATAAAG
CTT(3*5)	TTTAAATATGCTTCAAGAGGCCA	GGCAAATAAAGATGTGCTGTACC
CTT(3*5)	TTTAAATATGCTTCAAGAGGCCA	AATGGCAAATAAAGATGTGCTGT
CTT(3*5)	TTTAAATATGCTTCAAGAGGCCAG	GGCAAATAAAGATGTGCTGTACC
CTT(3*5)	TTTAAATATGCTTCAAGAGGCCAG	AATGGCAAATAAAGATGTGCTGT
CTT(3*5)	TAGCTAAGAACACGGTAGATGGG	GGCAAATAAAGATGTGCTGTACC
GAA(3*7)	GCACCAAATGAATCTGAACTAGC	GTCTGTT CAGTTCCTCCATCATC
GAA(3*7)	TGAATCTGAACTAGCTTTACGGG	GTCTGTT CAGTTCCTCCATCATC
CT(2*8)	TGCTATAACTGTGGGCTTTTGAT	GGATTTCTGTTATCTTGGCTGTG
CT(2*8)	CGGACTTTTGTTCTTTTCTGCTA	GGATTTCTGTTATCTTGGCTGTG
CT(2*8)	TGCTATAACTGTGGGCTTTTGAT	TGTTTTGGACTTCTCTAGCAAGG
CT(2*8)	TCTTTTCTGCTATAACTGTGGGC	GGATTTCTGTTATCTTGGCTGTG
CT(2*8)	TGCTATAACTGTGGGCTTTTGAT	TTCTGTTATCTTGGCTGTGAGGT
GA(2*9)	GGAGTACACTCACACACCCAGAT	TTTTTCCATGCTTCAAATCTCTG
GA(2*9)	GAGTACACTCACACACCCAGATG	TTTTTCCATGCTTCAAATCTCTG
GA(2*9)	AAAAGGGGAGTACACTCACACAC	TTTTTCCATGCTTCAAATCTCTG
GA(2*9)	TTAAAAGGGGAGTACACTCACACA	TTTTTCCATGCTTCAAATCTCTG
AG(2*6)	CTTCAGAAGCTGTA ACTCCTGCG	AGTCGTGTTCTCTTTGTCTACGC
GAAGAG(6*4)	AAGAATGGTTCTCACGCGAC	AAAGAGAAGAGCTGGAAGAGGTC
GAAGAG(6*4)	AAGAATGGTTCTCACGCGAC	GAAAGAGAAGAGCTGGAAGAGGT
GAAGAG(6*4)	GTACGGCCTTGTTGCTCTTG	AAAGAGAAGAGCTGGAAGAGGTC
GAAGAG(6*4)	GTACGGCCTTGTTGCTCTTG	GAAAGAGAAGAGCTGGAAGAGGT
GAAGAG(6*4)	CTCTGATTT CCTCGAAGCCCT	AGTGCAGGCAAGAACAGATAGAG
TC(2*17)	TTGACACAAGAAGTAGACCCACC	ATTCATCTCACAAGGTT CATCC

TC(2*17)	TTGACACAAGAAGTAGACCCACC	GGATTTTCATCTCACAAGGTTTCAT
TC(2*17)	ACATACTCAGCACAACACCACAT	ATTTTCATCTCACAAGGTTTCATCC
TC(2*17)	ACATACTCAGCACAACACCACAT	GGATTTTCATCTCACAAGGTTTCAT
TC(2*17)	GACACAAGAAGTAGACCCACCAT	ATTTTCATCTCACAAGGTTTCATCC
AT(2*11)	AGCTCTCGAGTCCTGCTATGAAT	GTCACAAGAATCTTCCTACACGG
AT(2*11)	GCTCTCGAGTCCTGCTATGAAT	GTCACAAGAATCTTCCTACACGG
AT(2*11)	AGCTCTCGAGTCCTGCTATGAAT	CACAAGAATCTTCCTACACGGAG
AT(2*11)	GCTCTCGAGTCCTGCTATGAAT	CACAAGAATCTTCCTACACGGAG
AT(2*11)	AGCTCTCGAGTCCTGCTATGAAT	AGCGTCACAAGAATCTTCCTACA
TTG(3*5)	CCAACATCTTCTGTGAAATCCTC	ATGAAGATCACAAATTGGAAGGA
TTG(3*5)	CTCCAACATCTTCTGTGAAATCC	AAGATCACAAATTGGAAGGATCA
TTG(3*5)	CTCCAACATCTTCTGTGAAATCC	ATGAAGATCACAAATTGGAAGGA
TTG(3*5)	GCTCCAACATCTTCTGTGAAATC	AGATCACAAATTGGAAGGATCAA
TTG(3*5)	GCTCCAACATCTTCTGTGAAATC	AAGATCACAAATTGGAAGGATCA
TCT(3*6)	TGTTGCTGCCTTTTTGTAATTTT	TAATGATAAGGTGGGAAAGCTCA
TCT(3*6)	TTTGTAATTTTCCTCTGGTGCAT	TAATGATAAGGTGGGAAAGCTCA
TCT(3*6)	CTGTGCTGCCTTTTTGTAATTT	TAATGATAAGGTGGGAAAGCTCA
TCT(3*6)	GCCTTTTTGTAATTTTCCTCTGG	TAATGATAAGGTGGGAAAGCTCA
TCT(3*6)	TGCCTTTTTGTAATTTTCCTCTG	TAATGATAAGGTGGGAAAGCTCA
CT(2*8)	TATAGTGTTATCCAGCCTGTGCC	TACTCAAAGCGGGAAATTAAACA
CT(2*8)	TATAGTGTTATCCAGCCTGTGCC	AAGAGTGTACGGTACTCAAAGCG
CT(2*8)	ACACTTGAATTCTCCTTCCAAGC	TACTCAAAGCGGGAAATTAAACA
CT(2*8)	TATAGTGTTATCCAGCCTGTGCC	GGTACTCAAAGCGGGAAATTAAA
CT(2*8)	ACACTTGAATTCTCCTTCCAAGC	AAGAGTGTACGGTACTCAAAGCG
TCG(3*5)	AACCCTAAAAGGCTGATTGACTC	CCAAGTTGGTTGAACGACTTAAC
TCG(3*5)	AAAACCCTAAAAGGCTGATTGAC	CCAAGTTGGTTGAACGACTTAAC
TCG(3*5)	CAGAACACATTCACTCAGTCGTC	CCAAGTTGGTTGAACGACTTAAC
TCG(3*5)	AAACCCTAAAAGGCTGATTGACT	CCAAGTTGGTTGAACGACTTAAC
TCG(3*5)	GATCCTCTCAAAGTTTCAGGTCC	CCAAGTTGGTTGAACGACTTAAC
GCT(3*5)	ATGTTCAAGCTTCCTCTGTTGAG	ACAACAGTTTCAGGCACAATGAG
GCT(3*5)	ATGTTCAAGCTTCCTCTGTTGAG	ACAACAGTTTCAGGCACAATGA
GCT(3*5)	ATGTTCAAGCTTCCTCTGTTGAG	CAACAGTTTCAGGCACAATGAG
GCT(3*5)	AAGTTTGCCATGTCGCTAAAAA	ATCTTTGCTTATAGCCCAGAACC
GCT(3*5)	CAGGAAACAAGTTTGCCATGT	ATCTTTGCTTATAGCCCAGAACC
CAG(3*5)	TGAGAAGTGCTTGAACAGCAGTA	ATCGCATCTAGGACACTTCAGAG

CAG(3*5)	TCGGATGATAGATGAGAAAGTGCT	ATCGCATCTAGGACACTTCAGAG
CAG(3*5)	GAAGTGCTTGAACAGCAGTAACA	ATCGCATCTAGGACACTTCAGAG
CAG(3*5)	ATCGGATGATAGATGAGAAAGTGC	ATCGCATCTAGGACACTTCAGAG
CAG(3*5)	CAGGATCGGATGATAGATGAGAA	ATCGCATCTAGGACACTTCAGAG
GAT(3*5)	CATAGTTCATCACTATAACCGGGC	AAATGCAACAAGAGTCTCTCAGC
GAT(3*5)	CATAGTTCATCACTATAACCGGGC	GAGATCCAAATGCAACAAGAGTC
GAT(3*5)	CATAGTTCATCACTATAACCGGGC	TCTCTAGATGTCGGATTCTCTCAA
GAT(3*5)	ACTATAACCGGGCTCTTCAGATGT	AAATGCAACAAGAGTCTCTCAGC
GAT(3*5)	AGTTCATCACTATAACCGGGCTCT	AAATGCAACAAGAGTCTCTCAGC
TGC(3*5)	GTGAAGCTGTGGACTTTGTGGT	ATGAAGCTGAAGAAGCAACGAG
TGC(3*5)	GTGAAGCTGTGGACTTTGTGGT	ATGAAGCTGAAGAAGCAACGA
TGC(3*5)	GTGAAGCTGTGGACTTTGTGGT	GATGAAGCTGAAGAAGCAACG
TGC(3*5)	GTGAAGCTGTGGACTTTGTGGT	CGATGAAGCTGAAGAAGCAAC
TGC(3*5)	GAAGCTGTGGACTTTGTGGTG	ATGAAGCTGAAGAAGCAACGAG
CAG(3*6)	AAGTATGAAAGAAGGGAAATCGG	ACATCTCCCAACTGATCCTTGT
CAG(3*6)	AAGTATGAAAGAAGGGAAATCGG	ACATCTCCCAACTGATCCTTGTC
CAG(3*6)	AAGTATGAAAGAAGGGAAATCGG	CATCTCCCAACTGATCCTTGTC
CAG(3*6)	TATGAAAGAAGGGAAATCGGCTA	ACATCTCCCAACTGATCCTTGT
CAG(3*6)	AAGTATGAAAGAAGGGAAATCGG	AACGGAGACAGGTGATCCTTC
CT(2*9)	GATGTGCTTCTCAATCTGCTTCT	GAGAGAGGAATGGAGTAATGGAG
CT(2*9)	ATGTGCTTCTCAATCTGCTTCTC	ATCTGAGATCGGAAACTTCGTT
TG(2*9)	CAATACGACGTTTGACCTCTTCT	TTTTCCAATGCATCCATAATCTT
TG(2*9)	CAATACGACGTTTGACCTCTTCT	CATTTTCCAATGCATCCATAATC
TG(2*9)	TACGACGTTTGACCTCTTCTTCT	TTTTCCAATGCATCCATAATCTT
TG(2*9)	TACGACGTTTGACCTCTTCTTCT	CATTTTCCAATGCATCCATAATC
TG(2*9)	ACGACGTTTGACCTCTTCTTCTT	TTTTCCAATGCATCCATAATCTT
CA(2*9)	TTTTCCAATGCATCCATAATCTT	CAATACGACGTTTGACCTCTTCT
CA(2*9)	CATTTTCCAATGCATCCATAATC	CAATACGACGTTTGACCTCTTCT
CA(2*9)	TTTTCCAATGCATCCATAATCTT	TACGACGTTTGACCTCTTCTTCT
CA(2*9)	CATTTTCCAATGCATCCATAATC	TACGACGTTTGACCTCTTCTTCT
CA(2*9)	TTTTCCAATGCATCCATAATCTT	ACGACGTTTGACCTCTTCTTCTT
AG(2*7)	GAACATTAGCTGGCCTAATCAGA	CCAATCTCAACTTGCTTTATGTCA
AG(2*7)	ACATTAGCTGGCCTAATCAGATG	CCAATCTCAACTTGCTTTATGTCA
AG(2*7)	GCCTAATCAGATGGAAAAACAAA	CCAATCTCAACTTGCTTTATGTCA
AG(2*7)	GAACATTAGCTGGCCTAATCAGA	AACCAATCTCAACTTGCTTTATGTC

AG(2*7)	TCAGATGGAAAAACAAAGAGCAG	CCAATCTCAACTTGCTTTATGTCA
CT(2*8)	GATTTCTTCTCGCTCTCCATCTC	GCGATTGGTTTTTCTTTTCTTT
CT(2*8)	GATTTCTTCTCGCTCTCCATCTC	TGGTTTTTCTTTTCTTTTGGGA
CT(2*8)	GATTTCTTCTCGCTCTCCATCTC	TTCTTTTCTTTTGGAGTTTCG
CT(2*8)	GATTTCTTCTCGCTCTCCATCTC	TGGTTTTTCTTTTCTTTTGGAG
CT(2*8)	GATTTCTTCTCGCTCTCCATCTC	TCTTTTCTTTTGGAGTTTCGC
TCT(3*5)	CTCTCACTTCACACCTCACTCCT	TCATGACTTCATCAATCCAACAG
TCT(3*5)	CCTCACTCCTCCTCACTACTTT	TCATGACTTCATCAATCCAACAG
TCT(3*5)	CTCTCACTTCACACCTCACTCCT	GTCATGACTTCATCAATCCAACA
GA(2*17)	GCAATGTGGTTATGCTTCAAAAT	TGTCAGCCAAATTTTGTAGGT
GA(2*17)	GAAGAAGCAATGTGGTTATGCTT	TGTCAGCCAAATTTTGTAGGT
GA(2*17)	GCAATGTGGTTATGCTTCAAAAT	CTGCCTCAAGCTAATTCTCTCAA
GA(2*17)	GAAGAAGCAATGTGGTTATGCTT	TCAGCCAAATTTTGTAGGTCAT
GA(2*17)	GCAATGTGGTTATGCTTCAAAAT	TTTGTAGGTCATTCTGCACTTGA
CT(2*11)	AAAATTTTACTCCGCCAAGAAAG	TGAAAACCTCTCGGATGTTATGGT
CT(2*11)	AAAATTTTACTCCGCCAAGAAAG	GTGAAAACCTCTCGGATGTTATGG
CT(2*11)	AAAATTTTACTCCGCCAAGAAAG	GTCGTGTTCCGTGAAAACCTCTC
CT(2*11)	AAAATTTTACTCCGCCAAGAAAG	CCTGTGAAAACCTCTCGGATGTTA
CT(2*11)	CCTTCTCATTGACTTCACGTTGT	TGAAAACCTCTCGGATGTTATGGT
CT(2*21)	AACACTTTGTGGGTTGCTTTCT	AATTCGTGGACTTTGTCTGTTTTA
CT(2*21)	AACACTTTGTGGGTTGCTTTCT	ATGATGAATTCGTGGACTTTGTC
CT(2*21)	AACACTTTGTGGGTTGCTTTCT	GATGATGAATTCGTGGACTTTGT
CT(2*21)	AAACACTTTGTGGGTTGCTTTCT	AATTCGTGGACTTTGTCTGTTTTA
CT(2*21)	AAACACTTTGTGGGTTGCTTTC	AATTCGTGGACTTTGTCTGTTTTA
GTC(3*6)	AGTGGGAGAGCTGTTGGAGAG	CCAGTCACTGAAACAGGCTAAAG
GTC(3*6)	AGAGTGGGAGAGCTGTTGGAG	CCAGTCACTGAAACAGGCTAAAG
GTC(3*6)	GTGGGAGAGCTGTTGGAGAG	CCAGTCACTGAAACAGGCTAAAG
GTC(3*6)	AGTGGGAGAGCTGTTGGAGA	CCAGTCACTGAAACAGGCTAAAG
GTC(3*6)	GAGTGGGAGAGCTGTTGGAG	CCAGTCACTGAAACAGGCTAAAG
CT(2*8)	GAGATAGGAAAATCTCAGCTCCC	TCAAGAACAAGAACTGAACCAGA
CT(2*8)	GAGATAGGAAAATCTCAGCTCCC	CAAGAACAAGAACTGAACCAGAAA
CT(2*8)	GATAGGAAAATCTCAGCTCCCTG	TCAAGAACAAGAACTGAACCAGA
CT(2*8)	GAGATAGGAAAATCTCAGCTCCC	TCAAGAACAAGAACTGAACCAGAA
CT(2*8)	GATAGGAAAATCTCAGCTCCCTG	CAAGAACAAGAACTGAACCAGAAA
AAGAC(5*4)	TGGTGTGAGGTTTAGTTGGATCT	CTCAAAATTAAGCTTCGCACTGT

AAGAC(5*4)	TGGTGTGAGGTTTAGTTGGATCT	GAAACCCTCAAAATTAAGCTTCG
AAGAC(5*4)	CATGGTGTGAGGTTTAGTTGGAT	GAAACCCTCAAAATTAAGCTTCG
AAGAC(5*4)	TGGTGTGAGGTTTAGTTGGATCT	TCAAAATTAAGCTTCGCACTGTC
AAGAC(5*4)	GGTTTAGTTGGATCTTCAACAGG	CTCAAAATTAAGCTTCGCACTGT
AAGAGG(6*4)	AGATTCCCACTCAGAAACATGAC	TCAAATAATCAAAGATGTGAACTTGA
AAGAGG(6*4)	CCACTCAGAAACATGACCATTTTC	TCAAATAATCAAAGATGTGAACTTGA
AAGAGG(6*4)	AGATTCCCACTCAGAAACATGAC	TTCAAATAATCAAAGATGTGAACTTG
AAGAGG(6*4)	AGATTCCCACTCAGAAACATGAC	TTGAACTTACAATACAGTGAAGCA
AAGAGG(6*4)	AGATTCCCACTCAGAAACATGAC	CTTGAAGTTACAATACAGTGAAGCA
AG(2*7)	ATGTATCCCATGTTTGTTAACCG	AGCTCTGAACTCATCCCTTATCA
AG(2*7)	ATGTATCCCATGTTTGTTAACCG	CAGCTCTGAACTCATCCCTTATC
AG(2*7)	ATGTATCCCATGTTTGTTAACCG	GCTCTGAACTCATCCCTTATCAC
CT(2*8)	AAGAAGGAAAAATCGATTACACACA	CCCTACTGCACAAAAAGTCAAGT
CT(2*8)	AGGAAAAATCGATTACACATCAT	CCCTACTGCACAAAAAGTCAAGT
CT(2*8)	AAGAAGGAAAAATCGATTACACATCA	CCCTACTGCACAAAAAGTCAAGT
CT(2*8)	AAGAAGGAAAAATCGATTACACACA	CTGCACAAAAAGTCAAGTCCAC
CT(2*8)	AAGAAGGAAAAATCGATTACACACA	ACTGCACAAAAAGTCAAGTCCA
CT(2*26)	AGCTAGCCATCCTTGTGTATGTG	AAGCTGTTCTTTCTCAACACCTG
CT(2*26)	CAGCTAGCCATCCTTGTGTATGT	AAGCTGTTCTTTCTCAACACCTG
CT(2*26)	AGCTAGCCATCCTTGTGTATGTG	CTTTCTCAACACCTGATCCAGAC
CT(2*26)	CAGCTAGCCATCCTTGTGTATGT	CTTTCTCAACACCTGATCCAGAC
CT(2*26)	AGCTAGCCATCCTTGTGTATGTG	CCACTTCATTCAAAGCTGTTCTT
CT(2*8)	TGCTCTTCATCATCTCGTCAGTA	GAAGTCCACATTTTGCTGAACTC
CT(2*8)	TTCCCTTGATGCTCTTCATCATCT	GAAGTCCACATTTTGCTGAACTC
CT(2*8)	TGCTCTTCATCATCTCGTCAGTA	ATGAACGTCTACCCTTTTCAAGT
CT(2*8)	ATGCTCTTCATCATCTCGTCAGT	GAAGTCCACATTTTGCTGAACTC
GAA(3*5)	GGGTTTCTGGATTTCTATTAGGG	GACAATAAAATCACCACCTACGC
GAA(3*5)	GGGGTTTCTGGATTTCTATTAGG	GACAATAAAATCACCACCTACGC
GAA(3*5)	GGGTTTCTGGATTTCTATTAGGG	ACATTGCCGTTTGACAATAAAAT
TC(2*8)	TGACCAGGACGTATTTTCATCTCT	GATAGATTTGTGGAGGGGAAGTC
TC(2*8)	GTGACCAGGACGTATTTTCATCTC	GATAGATTTGTGGAGGGGAAGTC
TC(2*8)	TGACCAGGACGTATTTTCATCTCT	GAAACAGAGGCGGATAGATTTGT
TTC(3*5)	CCACATCCATAGTGCTATCATCA	AACGTTTGCAGAAGGCATATAAA
TTC(3*5)	CCACATCCATAGTGCTATCATCA	ATATAAAGAAGCGTCTGTGCGAG
TTC(3*5)	CCACATCCATAGTGCTATCATCA	TTGCAGAAGGCATATAAAGAAGC

TTC(3*5)	ATCAGCATTCTCCACATCCATAG	AACGTTTGCAGAAGGCATATAAA
TTC(3*5)	ATCAGCATTCTCCACATCCATAG	ATATAAAGAAGCGTCTGTGCGAG
CT(2*17)	AGTTTACAACAGTGTCAATTGGGG	AGTAACTCAGTTTTGAGCAACGC
CT(2*17)	GGTCAGTGTGCCATGTTAGTTTA	AGTAACTCAGTTTTGAGCAACGC
CT(2*17)	AGTTTACAACAGTGTCAATTGGGG	CAACGCATCAGATGTGACTTAAT
CT(2*17)	TTTACAACAGTGTCAATTGGGGAC	AGTAACTCAGTTTTGAGCAACGC
CT(2*17)	GTTTACAACAGTGTCAATTGGGGA	AGTAACTCAGTTTTGAGCAACGC
GCTCAA(6*4)	TCCTTGGCAAAGATGTCTAAGTC	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA
GCTCAA(6*4)	TGGGAAATTGAGTCCTCAGATAG	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA
GCTCAA(6*4)	CTTCCTTGGCAAAGATGTCTAAG	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA
GCTCAA(6*4)	TGGGAAATTGAGTCCTCAGATAG	CGTAGCATACGCAATGAAGTGTA
GCTCAA(6*4)	TTCTTGGCAAAGATGTCTAAGT	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA
CTTGAG(6*4)	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA	TCCTTGGCAAAGATGTCTAAGTC
CTTGAG(6*4)	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA	TGGGAAATTGAGTCCTCAGATAG
CTTGAG(6*4)	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA	CTTCCTTGGCAAAGATGTCTAAG
CTTGAG(6*4)	CGTAGCATACGCAATGAAGTGTA	TGGGAAATTGAGTCCTCAGATAG
CTTGAG(6*4)	ATAATTTGGCTGACAGGATCAGA	TTCTTGGCAAAGATGTCTAAGT
ATAAA(5*4)	TCGTCTCAACTTTGGTATTACCC	TGGAAGATGCTCTTGAGCTAGAA
ATAAA(5*4)	CGTCTCAACTTTGGTATTACCT	TGGAAGATGCTCTTGAGCTAGAA
GAG(3*8)	AGCCAAGAAGTGGGAAAAATAAG	CTGCAGTGTACCACCAACTGAT
GAG(3*8)	AAGCCAAGAAGTGGGAAAAATAA	CTGCAGTGTACCACCAACTGAT
GAG(3*8)	TGACGAAGAGATTGTTTCGATTC	CTGCAGTGTACCACCAACTGAT
GAG(3*8)	GCCAAGAAGTGGGAAAAATAAGA	CTGCAGTGTACCACCAACTGAT
GAG(3*8)	ATGACGAAGAGATTGTTTCGATT	CTGCAGTGTACCACCAACTGAT
CAG(3*7)	AGGAAGATTGAGGGCTATGTACC	GGAAGTAGCATCCTTGTGTTTCA
CAG(3*7)	AGGAAGATTGAGGGCTATGTACC	AGTAGCATCCTTGTGTTTCAACG
CAG(3*7)	AGGAAGATTGAGGGCTATGTACC	CTTGTGTTTCAACGAGAGGTTTG
CAG(3*7)	TTAGAGCGCGAAATAGGAAGATT	GGAAGTAGCATCCTTGTGTTTCA
CAG(3*7)	TATGTACCAGCAACAGCAGAATC	GGAAGTAGCATCCTTGTGTTTCA
CT(2*8)	CGATGATGACAATCTTGAAAAGG	TCAAGGAACAAGGAGACAGAAGA
CT(2*8)	CCGATGATGACAATCTTGAAAAG	TCAAGGAACAAGGAGACAGAAGA
CT(2*8)	CGATGATGACAATCTTGAAAAGG	CAAGGAACAAGGAGACAGAAGAG
CT(2*8)	CGATGATGACAATCTTGAAAAGG	CTCAAGGAACAAGGAGACAGAAG
CT(2*8)	CCGATGATGACAATCTTGAAAAG	CAAGGAACAAGGAGACAGAAGAG
GAA(3*6)	TGCACATCGATCATACTCAAAC	GTTCGTCATCAAGATCAGCTTTT

GAA(3*6)	TGCACATCGATCATACTCAAAAC	TTCGTCATCAAGATCAGCTTTTT
GAA(3*6)	TGCACATCGATCATACTCAAAAC	CATATCAAAGAAGGGTTCGTCAT
GAA(3*6)	TGCACATCGATCATACTCAAAAC	TCGTCATCAAGATCAGCTTTTTC
GAA(3*6)	TGCACATCGATCATACTCAAAAC	TATCAAAGAAGGGTTCGTCATCA
CAC(3*5)	TTCCGAATCACCAGAGACATTAT	CAATGGTTGAAGAAAATCAGAGC
CAC(3*5)	ATTCCGAATCACCAGAGACATTA	CAATGGTTGAAGAAAATCAGAGC
CAC(3*5)	TTCCGAATCACCAGAGACATTAT	CATGACATCAATGGTTGAAGAAA
CAC(3*5)	ATTCCGAATCACCAGAGACATTA	CATGACATCAATGGTTGAAGAAA
CAC(3*5)	TCCGAATCACCAGAGACATTATC	CAATGGTTGAAGAAAATCAGAGC
CT(2*16)	GCGCAAAGTCTTCAGAAATAAGA	CGATCATCAAGAACTTCAAACC
CT(2*16)	GCGCAAAGTCTTCAGAAATAAGA	ATCATCAAGAACTTCAAACCCA
CT(2*16)	GCGCAAAGTCTTCAGAAATAAGA	CTTGGACGATCATCAAGAACTT
CT(2*16)	GCGCAAAGTCTTCAGAAATAAGA	GGACGATCATCAAGAACTTCAA
CT(2*16)	GCGCAAAGTCTTCAGAAATAAGA	CATCAAGAACTTCAAACCCAGA
GGT(3*5)	CAATGGTTGAAGAAAATCAGAGC	TTCCGAATCACCAGAGACATTAT
GGT(3*5)	CAATGGTTGAAGAAAATCAGAGC	ATTCCGAATCACCAGAGACATTA
GGT(3*5)	CATGACATCAATGGTTGAAGAAA	TTCCGAATCACCAGAGACATTAT
GGT(3*5)	CATGACATCAATGGTTGAAGAAA	ATTCCGAATCACCAGAGACATTA
GGT(3*5)	TCATGACATCAATGGTTGAAGAA	TTCCGAATCACCAGAGACATTAT
TCT(3*6)	GTTCGTCATCAAGATCAGCTTTT	TGCACATCGATCATACTCAAAAC
TCT(3*6)	TTCGTCATCAAGATCAGCTTTTT	TGCACATCGATCATACTCAAAAC
TCT(3*6)	CATATCAAAGAAGGGTTCGTCAT	TGCACATCGATCATACTCAAAAC
TCT(3*6)	TCGTCATCAAGATCAGCTTTTTC	TGCACATCGATCATACTCAAAAC
TCT(3*6)	TATCAAAGAAGGGTTCGTCATCA	TGCACATCGATCATACTCAAAAC
CAC(3*5)	CTGGTTTGTTCAGTGACAGTTG	CACAAGAGGTCTGATTCTTCAGC
AAC(3*6)	AGGTTCTCGGAAGAAGAGGAAG	TAAAGATTGATGGTCGATGTTCC
AAC(3*6)	AGGTTCTCGGAAGAAGAGGAAG	GCATAAAGATTGATGGTCGATGT
AAC(3*6)	AGGTTCTCGGAAGAAGAGGAAG	ATTTCGCATAAAGATTGATGGTC
AAC(3*6)	AGGTTCTCGGAAGAAGAGGAAG	GATTTCGCATAAAGATTGATGGT
AAC(3*6)	GATTGTCATGAGGCAGGTTCTC	TAAAGATTGATGGTCGATGTTCC
CGC(3*5)	AGAGACAAAATGGGAAATTGGTT	TTGTACGAGGACTCCAACATTCT
CGC(3*5)	AGAGACAAAATGGGAAATTGGTT	AACAAATTGTACGAGGACTCCAA
CGC(3*5)	AGAGACAAAATGGGAAATTGGTT	CCCAAATAACAAATTGTACGAGG
CGC(3*5)	GAGAGACAAAATGGGAAATTGGT	TTGTACGAGGACTCCAACATTCT
CGC(3*5)	GAGAGACAAAATGGGAAATTGGT	AACAAATTGTACGAGGACTCCAA

ATG(3*5)	GAGAAAAGAGGACTGAAGAGGGA	AACCGAGAACCAATCTCCTTATC
ATG(3*5)	GAGAAAAGAGGACTGAAGAGGGA	AACCAATCTCCTTATCGATAGCC
ATG(3*5)	AAAGAGGACTGAAGAGGGATGAT	AACCGAGAACCAATCTCCTTATC
ATG(3*5)	AAAGAGGACTGAAGAGGGATGAT	AACCAATCTCCTTATCGATAGCC
ATG(3*5)	GAGGACTGAAGAGGGATGATACA	AACCGAGAACCAATCTCCTTATC
AC(2*12)	AGCACAAAAACCTCAAAACAAGA	TCGTCTTCTTCGATAACAGGAAA
AC(2*12)	GAGCACAAAAACCTCAAAACAAG	TCGTCTTCTTCGATAACAGGAAA
AC(2*12)	AGCACAAAAACCTCAAAACAAGA	TCTTCTTCGATAACAGGAAATGC
AC(2*12)	GAGCACAAAAACCTCAAAACAAG	TCTTCTTCGATAACAGGAAATGC
AC(2*12)	AACAAGAATACGGATGGCATAAA	TCGTCTTCTTCGATAACAGGAAA
AG(2*21)	GAGAAACAGAGCGGAAACAGAG	GGCTCTGTTCGTCTTCTGAGAG
AG(2*21)	GAGAAACAGAGCGGAAACAGA	GGCTCTGTTCGTCTTCTGAGAG
AG(2*21)	AGAGAAACAGAGCGGAAACAGAG	ACGTACGTACCGGAAGATGC
AG(2*21)	AGAGAAACAGAGCGGAAACAGAG	CCACGTACGTACCGGAAGAT
AG(2*21)	GAGAAACAGAGCGGAAACAGAG	ACGTACGTACCGGAAGATGC
GA(2*17)	AGGGTTCGAAAAGCAGAGAGA	CAAACCCAACTCTGTTTCTTCAG
GA(2*17)	AAGAGGGTTCGAAAAGCAGAG	GTTTGTGACTTCCAAACCCAACTC
GA(2*17)	AGAGGGTTCGAAAAGCAGAGAG	ACTTCCAAACCCAACTCTGTTTC
GA(2*17)	AGAGGGTTCGAAAAGCAGAGAGA	CAAACCCAACTCTGTTTCTTCAG
AG(2*7)	GGGAATTTTCGGTTAAAAGTGTC	AAGGGATATGTGCCTTCCATATT
AG(2*7)	GGGAATTTTCGGTTAAAAGTGTC	TATGTGCCTTCCATATTCCATTC
AG(2*7)	AGACAAGTTGAAATGGACTGGAA	TTCGCGATGGTTGATCTAAAATA
AG(2*7)	AAGACAAGTTGAAATGGACTGGA	TTCGCGATGGTTGATCTAAAATA
AG(2*7)	GAAGACAAGTTGAAATGGACTGG	TTCGCGATGGTTGATCTAAAATA
TCT(3*7)	AGGACTACACTGAAGAGCTCGC	GTTAGGCTTGGAGGAGGAGTCT
TCT(3*7)	ACATTCGTAGACTCCTCGACATC	CTGTTAGGCTTGGAGGAGGAGT
TCT(3*7)	ACATTCGTAGACTCCTCGACATC	TGTTAGGCTTGGAGGAGGAGT
TCT(3*7)	ACATTCGTAGACTCCTCGACATC	CTGTTAGGCTTGGAGGAGGAG
TCT(3*7)	AGGACTACACTGAAGAGCTCGC	TAGGCTTGGAGGAGGAGTCTTT
TC(2*10)	TGTAGTTTCGAGCGCTTATTTTT	TGCACATGAAAGTTGATAATTGC
TC(2*10)	CTGTAGTTTCGAGCGCTTATTTTT	TGCACATGAAAGTTGATAATTGC
TC(2*10)	ACAAATTTGGCTGTAGTTTCGAG	ATGAAAGTTGATAATTGCCAAG
TC(2*10)	TGTAGTTTCGAGCGCTTATTTTT	ACATGAAAGTTGATAATTGCCA
TC(2*10)	TGTAGTTTCGAGCGCTTATTTTT	CACATGAAAGTTGATAATTGCC
ATCG(4*5)	AAATCACCAGAGAAAAACACTCG	CTGTCTCCTTCTTCTCCTCCT

ATCG(4*5)	GCTCAAATCACCAGAGAAAAACA	CTGTCTCCTTCCTTCTCCTCCT
ATCG(4*5)	AAATCACCAGAGAAAAACACTCG	CTTCCTTCTCCTCCTCCTTGTC
ATCG(4*5)	AAAACGAATCCACCTCAAAGAAC	CTGTCTCCTTCCTTCTCCTCCT
ATCG(4*5)	AATCCACCTCAAAGAACGAAGAC	CTGTCTCCTTCCTTCTCCTCCT
GA(2*9)	TTCTAGACCAACTAGTGCCGAAC	CGTATCCAAAAGTCACAACCTGGT
GA(2*9)	AGTAGCACACAAGAATTTGGCAT	TGCTCCTCAAGAGAAACAGATTT
GA(2*9)	TTCTAGACCAACTAGTGCCGAAC	TGAGATCGTATCCAAAAGTCACA
GA(2*9)	TTCTAGACCAACTAGTGCCGAAC	TGCTCCTCAAGAGAAACAGATTT
GA(2*9)	TAGTAGCACACAAGAATTTGGCA	TGCTCCTCAAGAGAAACAGATTT
CCT(3*5)	CTCATCTCCTCCACCTCTTC	GCGGTTGAGATACGGTTCC
CCT(3*5)	CTCATCTCCTCCACCTCTTC	ACGCGGTTGAGATACGGTT
CCT(3*5)	CTCATCTCCTCCACCTCTTC	GTTGAGATACGGTTCCGGAGG
CCT(3*5)	CTCATCTCCTCCACCTCTTC	TGAGATACGGTTCCGGAGG
CCT(3*5)	CTCATCTCCTCCACCTCTTC	GACGCGGTTGAGATACGGT
CCG(3*7)	AGACCTATCTCTTCTACGACCCG	CACGGTAGATTTGTTGCTTTTTT
CCG(3*7)	AGACCTATCTCTTCTACGACCCG	TCACGGTAGATTTGTTGCTTTTT
CCG(3*7)	CCGGTACGAGACCTATCTCTTCT	CACGGTAGATTTGTTGCTTTTTT
CCG(3*7)	CCGGTACGAGACCTATCTCTTCT	TCACGGTAGATTTGTTGCTTTTT
CCG(3*7)	ACTTCAAGGAGTGTTGTCTCTGG	CACGGTAGATTTGTTGCTTTTTT
AT(2*7)	AGTGGTGATAGGGACGGAATC	CGAAGTGATTACAGTCACAAGAGC
AT(2*7)	GAGTGGTGATAGGGACGGAAT	CGAAGTGATTACAGTCACAAGAGC
AT(2*7)	GTGGGTGTGGAGTGGTGATAG	CGAAGTGATTACAGTCACAAGAGC
AT(2*7)	GTGATAGGGACGGAATCCTTG	CGAAGTGATTACAGTCACAAGAGC
AT(2*7)	GTGTGGAGTGGTGATAGGGAC	CGAAGTGATTACAGTCACAAGAGC
AG(2*10)	GACTGGAGACAAAATAGCACCTG	TTAAGAGTGTTGTGCTACGCTGA
AG(2*10)	CAGACTGGAGACAAAATAGCACCTG	TTAAGAGTGTTGTGCTACGCTGA
AG(2*10)	GACTGGAGACAAAATAGCACCTG	TAAGAGTGTTGTGCTACGCTGAG
AG(2*10)	CAGACTGGAGACAAAATAGCACCTG	TAAGAGTGTTGTGCTACGCTGAG
AG(2*10)	TTCAGACTGGAGACAAAATAGCA	TTAAGAGTGTTGTGCTACGCTGA
TCT(3*8)	ACTGGTTCGTCTTCTCCATCTTC	TAGTCGTCTCAGCTAACCGCTAT
TCT(3*8)	GACTGGTTCGTCTTCTCCATCTT	TAGTCGTCTCAGCTAACCGCTAT
TCT(3*8)	GGTTCGTCTTCTCCATCTTCAT	ACACTAGTCGTCTCAGCTAACCG
TCT(3*8)	GGGCCTAACATCTTCCAGTCTAC	AGAAAGCAACAGCCCATAAGAG
TCT(3*8)	CTGGTTCGTCTTCTCCATCTTC	TAGTCGTCTCAGCTAACCGCTAT
TC(2*9)	CAAATCTCTCTTTAGCCCCCTTA	CTCTCAACTACAACAAGGATGGG

TC(2*9)	CAAATCTCTCTTTAGCCCCCTTA	ATGTCATTGGTTAAGCAAAAGGA
TC(2*9)	CAAATCTCTCTTTAGCCCCCTTA	GGCATCTCTCAACTACAACAAGG
TC(2*9)	CAAATCTCTCTTTAGCCCCCTTA	GGGCATCTCTCAACTACAACAAG
TC(2*9)	CAAATCTCTCTTTAGCCCCCTTA	TGTCATTGGTTAAGCAAAAGGAG
TCT(3*11)	CATCTCTCCTCTTTCTCTGTCA	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT
TCT(3*11)	TCTCCATCTCTCCTCTTTCTCT	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT
TCT(3*11)	CTCTCCATCTCTCCTCTTTCTCT	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT
TCT(3*11)	TCTCTCCATCTCTCCTCTTTCTCT	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT
TCT(3*11)	CATCTCTCCTCTTTCTCTGTCA	CTTCCTCTGGAAAGCACTGTCT
AGA(3*8)	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT	CATCTTCCTCTTTCTCTGTCA
AGA(3*8)	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT	TCTCCATCTTTCTCTTTCTCT
AGA(3*8)	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT	CTCTCCATCTTTCTCTTTCTCT
AGA(3*8)	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT	TCTCTCCATCTTTCTCTTTCTCT
AGA(3*8)	AGTCTTCCTCTGGAAAGCACTGT	TTCTCTCCATCTTTCTCTTTCTCT
CT(2*12)	ATTTCCTCAGTAGCCAACTTT	CTTCAAAATTGGATAGTTCCACG
CT(2*12)	TAGAGGTAAGCATTTCCCATCAG	CTTCAAAATTGGATAGTTCCACG
CT(2*12)	AGAGGTAAGCATTTCCCATCAGT	CTTCAAAATTGGATAGTTCCACG
CT(2*12)	GAGGTAAGCATTTCCCATCAGTA	CTTCAAAATTGGATAGTTCCACG
CT(2*12)	ATTCTTCACCACGTGCTCTATG	CTTCAAAATTGGATAGTTCCACG
AG(2*12)	ACAAGAAAGCACGAGTTGAAAAG	AGCAGGTGGAGAATATCAAGGAT
AG(2*12)	ACAAGAAAGCACGAGTTGAAAAG	GCAGGTGGAGAATATCAAGGATT
AG(2*12)	ACAAGAAAGCACGAGTTGAAAAG	ATATCAAGGATTCTTACGCTCGC
AG(2*12)	ACAAGAAAGCACGAGTTGAAAAG	CAGGTGGAGAATATCAAGGATTC
AG(2*12)	ACAAGAAAGCACGAGTTGAAAAG	AGCAGGTGGAGAATATCAAGGA
CT(2*9)	ACATATGCATGTCAGTATGGTGG	AGTTGTTATTTATGCGGCGACTA
CT(2*9)	ACATATGCATGTCAGTATGGTGG	TTGTTATTTATGCGGCGACTATT
CT(2*9)	GGCAGCTTGACAAATATATGAA	TATGCGGCGACTATTGTAGTGTA
CT(2*9)	ACATATGCATGTCAGTATGGTGG	TATGCGGCGACTATTGTAGTGTA
CT(2*9)	GGCAGCTTGACAAATATATGAA	TGTAAGAAACACAAAGCATAGCG
TC(2*6)	TGAAATCTCCACGTCTCTTTGTT	TGTCAACTGAAAATACACCATCG
TC(2*6)	TTGAAATCTCCACGTCTCTTTGT	TGTCAACTGAAAATACACCATCG
TC(2*6)	ATTGAAATCTCCACGTCTCTTTG	TGTCAACTGAAAATACACCATCG
TC(2*6)	CTCCACGTCTCTTTGTTCTTACC	TGTCAACTGAAAATACACCATCG
TC(2*6)	GAAATCTCCACGTCTCTTTGTT	TGTCAACTGAAAATACACCATCG
AG(2*20)	CTAATATTGGTAAAAGCCCCGCTC	ATCTTCGCCTCGACCAAGT

AG(2*20)	CTAATATTGGTAAAAGCCCGCTC	ATCTTCGCCTCGACCAAGTC
AG(2*20)	GACCTAATATTGGTAAAAGCCCG	ACCGAACGAATTCCCCAT
AG(2*20)	TTTTCTTTTCGTCTTGTTTGAA	ACCGAACGAATTCCCCAT
GA(2*9)	GGTCAGGTGACTCTAAAGCCTCT	CAAAGCCAAACCCTAGACTTTCT
GA(2*9)	GAGGTCAGGTGACTCTAAAGCCT	CAAAGCCAAACCCTAGACTTTCT
GA(2*9)	AGCGGAAGAGGAAGTGATAAGAG	ATCACTCACACCTCCCAAGATTA
GA(2*9)	AGCGGAAGAGGAAGTGATAAGAG	CAAAGCCAAACCCTAGACTTTCT
GA(2*9)	GGTCAGGTGACTCTAAAGCCTCT	TTTATTAACTCCACCGCAATCAC
TA(2*6)	CCATCTGGAGTAAGGGAGTTCTT	CCGACAAACAAACTATTCCACTC
TA(2*6)	TAAGGGAGTTCTTCTCCACTTT	CCGACAAACAAACTATTCCACTC
TA(2*6)	ACCATCTGGAGTAAGGGAGTTCT	CCGACAAACAAACTATTCCACTC
TA(2*6)	ATTCATGCTTGATTTCACCATCT	TTGACAAGTAACCCTCCAGAATC
TA(2*6)	CCATCTGGAGTAAGGGAGTTCTT	CACCGACAAACAAACTATTCCAC
CTC(3*7)	CCCCTATCCTCTTCCAGC	GAAGCGTAGCAGCAAGATTTTC
CTC(3*7)	GCCCGCTATCCTCTTCCAG	GAAGCGTAGCAGCAAGATTTTC
CTC(3*7)	GCCCGCTATCCTCTTCCA	GAAGCGTAGCAGCAAGATTTTC
CTC(3*7)	CCGCTATCCTCTTCCAGC	GAAGCGTAGCAGCAAGATTTTC
CTC(3*7)	GACTGGCAGAACCTGACTCC	GTGACCCGACAGTTCTTCCC
AG(2*17)	GGAGTGTGAGGATCTTGTTTTTG	TCTTCTTTGGCACATAAAGCACT
AG(2*17)	GGAGTGTGAGGATCTTGTTTTTG	CTCTTCTTTGGCACATAAAGCAC
AG(2*17)	GAGTGTGAGGATCTTGTTTTTGC	TCTTCTTTGGCACATAAAGCACT
AG(2*17)	GAGTGTGAGGATCTTGTTTTTGC	CTCTTCTTTGGCACATAAAGCAC
AG(2*17)	GCTGCGTAAATTCTTCTTAGCAC	ATAGCCCAAGAAAATCCTCAAAC
GA(2*8)	TTCTCGATTCTTGAAAGTGGA	TCAAACATCTTCTCTTACGC
GA(2*8)	GGTGGGTTGAGAAGAGAAGCTAT	ACATCTTCCTCTCTTACGCCTTT
GA(2*8)	GGTGGGTTGAGAAGAGAAGCTAT	AACATCTTCCTCTCTTACGCCTT
GA(2*8)	GGTGGGTTGAGAAGAGAAGCTAT	CATCTTCCTCTCTTACGCCTTTT
GA(2*8)	TCTCGATTCTTGAAAGTGGA	ACATCTTCCTCTCTTACGCCTTT
CT(2*6)	AACCAGGTCCCACTACTTCTCTC	GGAAACAAGAACAGACCCTCTTT
CT(2*6)	GAACCAGGTCCCACTACTTCTCT	GGAAACAAGAACAGACCCTCTTT
CT(2*6)	ACCAGGTCCCACTACTTCTCTCT	GGAAACAAGAACAGACCCTCTTT
CT(2*6)	ATTGAACCAGGTCCCACTACTTC	GGAAACAAGAACAGACCCTCTTT
CT(2*6)	GATTGAACCAGGTCCCACTACTT	GGAAACAAGAACAGACCCTCTTT
TGA(3*6)	ATTGGGGTGAAGAGAATCATAGG	ATTGACGGTTGACCATTAGATTG
TGA(3*6)	TGGGGTGAAGAGAATCATAGGTT	ATTGACGGTTGACCATTAGATTG

TGA(3*6)	TTGGGGTGAAGAGAATCATAGGT	ATTGACGGTTGACCATTAGATTG
TGA(3*6)	ATTGGGGTGAAGAGAATCATAGG	TGACGGTTGACCATTAGATTGTT
TGA(3*6)	TGGGGTGAAGAGAATCATAGGT	ATTGACGGTTGACCATTAGATTG
GGC(3*5)	CAACCAGATCTACTTCGTCCTCC	AGAGATCTGGGTCTTCCTCCTC
GGC(3*5)	ACCAGATCTACTTCGTCCTCCC	AGAGATCTGGGTCTTCCTCCTC
GGC(3*5)	ACCAGATCTACTTCGTCCTCCC	GAGAGATCTGGGTCTTCCTCCT
GGC(3*5)	AACCAGATCTACTTCGTCCTCCC	AGAGATCTGGGTCTTCCTCCTC
GGC(3*5)	AACCAGATCTACTTCGTCCTCCC	GAGAGATCTGGGTCTTCCTCCT
CT(2*12)	CGGGCATTAAATTACACCCTCT	AGAAGTAGAAATGGGTTTGGGA
CT(2*12)	CGGGCATTAAATTACACCCTCT	AAGAAGTAGAAATGGGTTTGGG
CT(2*12)	CGGGCATTAAATTACACCCTCT	GAAGTAGAAATGGGTTTGGGAT
CT(2*12)	GAACCCGGGCATTAAATTACAC	AGAAGTAGAAATGGGTTTGGGA
CT(2*12)	CGGGCATTAAATTACACCCTCT	AAGTAGAAATGGGTTTGGGATG
AG(2*19)	TGGAGTGAAATTTGAAATGAAGG	CTCGTTAAATGGGCTCTTTCTCT
AG(2*19)	GGAGTGAAATTTGAAATGAAGGA	CTCGTTAAATGGGCTCTTTCTCT
AG(2*19)	TGGAGTGAAATTTGAAATGAAGG	TCGTAAATGGGCTCTTTCTCTT
AG(2*19)	TGGAGTGAAATTTGAAATGAAGG	TTCTCTTCACTTCGCTCTTCTC
TGC(3*6)	GAGGACTTTGTGTGGAAAGTGAT	TGGGATAAAGCATAAAAAGGGAT
TGC(3*6)	GAGGACTTTGTGTGGAAAGTGAT	CTTGGGATAAAGCATAAAAAGGG
TGC(3*6)	GGACTTTGTGTGGAAAGTGATTG	TGGGATAAAGCATAAAAAGGGAT
TGC(3*6)	GACTTTGTGTGGAAAGTGATTGA	TGGGATAAAGCATAAAAAGGGAT
TGC(3*6)	AGGACTTTGTGTGGAAAGTGATT	TGGGATAAAGCATAAAAAGGGAT
CAG(3*6)	GGCAGAGAACTTGAGATAAAGCA	CTTGCATGATAACACCTGGCATA
TC(2*11)	ACCAATCAAAACCCACTTCTCTT	GTTACGGTTGCTTCACCTTTCCCT
TC(2*11)	ACCAATCAAAACCCACTTCTCTT	CTTTTCCTCTCTACTCCGCTGAC
GATGGT(6*4)	CTGCAACTGAGAAGGGAACTCTA	CTCCGACCTCGTGAACCTATT
GATGGT(6*4)	CTGCAACTGAGAAGGGAACTCTA	GTCCTAAGCCTCCTCTCGCT
GATGGT(6*4)	CTGCAACTGAGAAGGGAACTCTA	CTCCCACTCTTCCTGCTATGCT
GATGGT(6*4)	ACGAACAAAAGTTGATGACGACT	GTCCTAAGCCTCCTCTCGCT
GATGGT(6*4)	CTGCAACTGAGAAGGGAACTCTA	ACTCTTCCTGCTATGCTCCGAC
AG(2*17)	CTCTCTCCGTGCAGAGTGAAC	ACAAGTCAAGCAAAGTAGCCAAG
AG(2*17)	CTCTCTCCGTGCAGAGTGAAC	AACAAGTCAAGCAAAGTAGCCAA
AG(2*17)	CTCTCTCCGTGCAGAGTGAAC	CTACCCTTGTCAGCTAGTCTCCC
AG(2*17)	CTCTCTCCGTGCAGAGTGAAC	CCTACCCTTGTCAGCTAGTCTCC
AG(2*17)	CTCTCTCCGTGCAGAGTGAAC	CCCTACCCTTGTCAGCTAGTCTC

TG(2*9)	TTTCAGTTTGTTTTCGGTTTGTT	TCGGAAGCGCTAACTATGTAAAG
TG(2*9)	TTTTCAGTTTGTTTTCGGTTTGTT	TCGGAAGCGCTAACTATGTAAAG
TG(2*9)	GTTTTCAGTTTGTTTTCGGTTTG	TCGGAAGCGCTAACTATGTAAAG
TG(2*9)	TTTCAGTTTGTTTTCGGTTTGTT	GAAGCGCTAACTATGTAAAGCGA
TG(2*9)	TTTTCAGTTTGTTTTCGGTTTGTT	GAAGCGCTAACTATGTAAAGCGA
CT(2*12)	ATTCAGAAGCCAAAAATGAATGA	GGTGGATCTTTGACTAACCATTG
CT(2*12)	TCATTCAGAAGCCAAAAATGAAT	GGTGGATCTTTGACTAACCATTG
CT(2*12)	CCTTACTGTTTCACATCGGAGTC	GGTGGATCTTTGACTAACCATTG
CT(2*12)	GACCTTACTGTTTCACATCGGAG	GGTGGATCTTTGACTAACCATTG
CT(2*12)	CCTTACTGTTTCACATCGGAGTC	TCTTTGACTAACCATTGTTTGGG
CT(2*8)	CATGAAGATTAAGCTCATCCCTG	TTAGTCTCGGAATCACAACCACT
CT(2*8)	AGATTAAGCTCATCCCTGGAGAC	TTAGTCTCGGAATCACAACCACT
CT(2*8)	CATGAAGATTAAGCTCATCCCTG	AATTAGTCTCGGAATCACAACCA
CT(2*8)	AGATTAAGCTCATCCCTGGAGAC	AATTAGTCTCGGAATCACAACCA
CT(2*8)	TACATGTATGGACGTGTGAGCAT	TTAGTCTCGGAATCACAACCACT
AC(2*7)	GTTGATTTCACCTCTTTCTCT	CGTGAGAGTTGCTTCTGTTTCTT
AC(2*7)	AGTTGATTTCACCTCTTTCTC	CGTGAGAGTTGCTTCTGTTTCTT
AC(2*7)	AAGGCTCCAAATAAAATCCAAAC	CGTGAGAGTTGCTTCTGTTTCTT
AC(2*7)	GAAGTTGATTTCACCTCTTTC	CGTGAGAGTTGCTTCTGTTTCTT
AC(2*7)	AAGTTGATTTCACCTCTTTCT	CGTGAGAGTTGCTTCTGTTTCTT
AG(2*9)	GATATAAAGTTGGGAGGAGACGG	TCTTCAGGCAAAAATTATGGAAA
AG(2*9)	TGATATAAAGTTGGGAGGAGACG	TCTTCAGGCAAAAATTATGGAAA
AG(2*9)	GATATAAAGTTGGGAGGAGACGG	CTCTTCAGGCAAAAATTATGGAA
AG(2*9)	GATATAAAGTTGGGAGGAGACGG	AATTTGAAAAGACACCCACTCTG
AG(2*9)	AGCGTTGATATAAAGTTGGGAGG	TCTTCAGGCAAAAATTATGGAAA
TC(2*9)	TCTTCAGGCAAAAATTATGGAAA	GATATAAAGTTGGGAGGAGACGG
TC(2*9)	TCTTCAGGCAAAAATTATGGAAA	TGATATAAAGTTGGGAGGAGACG
TC(2*9)	CTCTTCAGGCAAAAATTATGGAA	GATATAAAGTTGGGAGGAGACGG
TC(2*9)	AATTTGAAAAGACACCCACTCTG	GATATAAAGTTGGGAGGAGACGG
TC(2*9)	TCTTCAGGCAAAAATTATGGAAA	AGCGTTGATATAAAGTTGGGAGG
GCT(3*5)	TAGCTACTTGATGGACCACCATT	GAACGTTAATTTGTACCCACAGC
GCT(3*5)	TAGCTACTTGATGGACCACCATT	ACGTTAATTTGTACCCACAGCAG
GCT(3*5)	TAGCTACTTGATGGACCACCATT	CGAACGTTAATTTGTACCCACAG
GCT(3*5)	TAGCTACTTGATGGACCACCATT	AACGTTAATTTGTACCCACAGCA
GCT(3*5)	AGCTACTTGATGGACCACCATT	GAACGTTAATTTGTACCCACAGC

GCC(3*5)	GGGTCGAGGCCCTTCTTAG	GATACTCTCTCGCTTGCCTTTTT
GCC(3*5)	GGGTCGAGGCCCTTCTTA	GATACTCTCTCGCTTGCCTTTTT
GCC(3*5)	GGGTCGAGGCCCTTCTTAG	GATACTCTCTCGCTTGCCTTTT
GCC(3*5)	GGGTCGAGGCCCTTCTTA	GATACTCTCTCGCTTGCCTTTT
GCC(3*5)	GGGTCGAGGCCCTTCTTAG	ATACTTTGGACGACGGGAAGTT
GA(2*10)	AAAAAGGCAAGCGAGAGAGTATC	TCTGCAAATACCCAGAAGAAATC
GA(2*10)	CTAATGGCCAGAGAGACTTAGGG	TCTGCAAATACCCAGAAGAAATC
GA(2*10)	CTAATGGCCAGAGAGACTTAGGG	CTTTTCTTAAAGCGGCAGTTTCT
GA(2*10)	AAAAAGGCAAGCGAGAGAGTATC	ATACCCAGAAGAAATCGAACTGG
GA(2*10)	CTAATGGCCAGAGAGACTTAGGG	CTTAAAGCGGCAGTTTCTCTCTT
AC(2*7)	TGAAAGTCATCAACCTTAGCTGG	GTCTGTGTGGCTCAAATTCTTGT
AC(2*7)	AAAGTCATCAACCTTAGCTGGC	GTCTGTGTGGCTCAAATTCTTGT
AC(2*7)	TGAAAGTCATCAACCTTAGCTGG	TCTGTGTGGCTCAAATTCTTGT
AC(2*7)	TGAAAGTCATCAACCTTAGCTGG	GTCTGTGTGGCTCAAATTCTTG
AC(2*7)	AGTCATCAACCTTAGCTGGCAAT	GTCTGTGTGGCTCAAATTCTTGT
AG(2*10)	TATATGCAACGCAAGGAGAATTT	AAGGACACGTCAGTATTCCAATC
AG(2*10)	AGTTATATGCAACGCAAGGAGAA	AAGGACACGTCAGTATTCCAATC
AG(2*10)	AAGAGTTATATGCAACGCAAGGA	AAGGACACGTCAGTATTCCAATC
AG(2*10)	AGAGTTATATGCAACGCAAGGAG	AAGGACACGTCAGTATTCCAATC
AG(2*10)	CGTCCTCGTTATAGCCTTAGCTT	AAGGACACGTCAGTATTCCAATC
ACA(3*5)	GCGAAGTGTTGAAGATGAGAGAC	GATGGTAACGCTTCCTTTTCTG
ACA(3*5)	AGCGAAGTGTTGAAGATGAGAGA	GATGGTAACGCTTCCTTTTCTG
ACA(3*5)	ACTTCGAAGATTTTCGAGACCAA	GATGGTAACGCTTCCTTTTCTG
ACA(3*5)	AGACCAAATCTGGCACTGAAAAC	CTCTTGGATCTGACGTTGAGTGT
ACA(3*5)	GCGAAGTGTTGAAGATGAGAGA	GATGGTAACGCTTCCTTTTCTG
TCC(3*6)	CTTCTTGATTACGAAAACGTTGG	AGTAAATGGGCTCGTGGGAGT
TCC(3*6)	CTTCTTGATTACGAAAACGTTGG	GTAAATGGGCTCGTGGGAGT
TCC(3*6)	CTTCTTGATTACGAAAACGTTGG	AGTAAATGGGCTCGTGGGAG
TCC(3*6)	CTTCTTGATTACGAAAACGTTGG	TAAATGGGCTCGTGGGAGT
TCC(3*6)	CTTCTTGATTACGAAAACGTTGG	GTAAATGGGCTCGTGGGAG
GAG(3*5)	GAGAGACGATGAGGAGGAGAGAG	GAAGAGCAGGAGCAAGTTATTCA
GAG(3*5)	GAGAGACGATGAGGAGGAGAGAG	AAGAGCAGGAGCAAGTTATTCAA
GAG(3*5)	GAGAGACGATGAGGAGGAGAGAG	AGAGCAGGAGCAAGTTATTCAAG
GA(2*8)	ATGGTCATTGTCTGGATTACTGG	GCGAAACGTAGCCTATGATTA
TGATT(5*4)	ACCGCTACTTGAAATGAATGTGA	ACACCTAAATTTTGGCTGACCTT

TGATT(5*4)	ACCGCTACTTGAAATGAATGTGA	AACACCTAAATTTTGGCTGACCT
TGATT(5*4)	CCGCTACTTGAAATGAATGTGA	ACACCTAAATTTTGGCTGACCTT
TGATT(5*4)	CCGCTACTTGAAATGAATGTGA	AACACCTAAATTTTGGCTGACCT
TGATT(5*4)	ACCGCTACTTGAAATGAATGTGA	ACCTAAATTTTGGCTGACCTTTT
TC(2*14)	TATATGCGACCTCAGTCCAATCT	CCAGAGTTGGTAGTCCAGAAAGA
TC(2*14)	TATATGCGACCTCAGTCCAATCT	GAAAGAAGTGTTGAAAGCACTCG
TC(2*14)	TATATGCGACCTCAGTCCAATCT	AAGAAGTGTTGAAAGCACTCGAT
TC(2*14)	TATATGCGACCTCAGTCCAATCT	GTCCAGAAAGAAGTGTTGAAAGC
TC(2*14)	TTTATATGCGACCTCAGTCCAAT	GAAAGAAGTGTTGAAAGCACTCG
GCA(3*6)	GAATCAGGGAAAGCAAAGAAATC	TTTCCCTTCACTCATCACATTCT
GCA(3*6)	AGAATCAGGGAAAGCAAAGAAAT	TTTTTCCCTTCACTCATCACATT
GCA(3*6)	GAATCAGGGAAAGCAAAGAAATC	TTTTTCCCTTCACTCATCACATT
GCA(3*6)	AGGGAAAGCAAAGAAATCAAAGA	TTTCCCTTCACTCATCACATTCT
GCA(3*6)	ATAAGGATGGTAATGAACGAGGC	TTCTTTTTTCCCTTCACTCATCA
AAAG(4*5)	CCCACATCACTACGTAATCAACA	CTTGCGGTTTAACATGTCTTTTT
AAAG(4*5)	CCCACATCACTACGTAATCAACA	GACTTGCGGTTTAACATGTCTTT
AAAG(4*5)	CCCCACATCACTACGTAATCAAC	CTTGCGGTTTAACATGTCTTTTT
AAAG(4*5)	CCCCACATCACTACGTAATCAAC	GACTTGCGGTTTAACATGTCTTT
AAAG(4*5)	CCCACATCACTACGTAATCAACA	ACTTGCGGTTTAACATGTCTTTT
GA(2*6)	GGTGGAAGGTACCCAGATAAGTT	AAGTTGTTTGGCACCATAATGAG
GA(2*6)	TAAGTAAGTTTGGCAATTCGGAG	GCTTGTGATCTTCTACCTTGTC
GA(2*6)	GGTGGAAGGTACCCAGATAAGTT	GCTTGTGATCTTCTACCTTGTC
GA(2*6)	GGTGGAAGGTACCCAGATAAGTT	GTTGTTTGGCACCATAATGAGTA
GA(2*6)	TAAGTAAGTTTGGCAATTCGGAG	TGTGATCTTCTACCTTGTCAGA
TGA(3*8)	AGAAGCTCGCACTACTTTGGTC	AACCTCCAGGAGCTAGTGAATC
TGA(3*8)	ATTGCAGAAGCTCGCACTACTT	AACCTCCAGGAGCTAGTGAATC
TGA(3*8)	ATTGCAGAAGCTCGCACTACTTT	AACCTCCAGGAGCTAGTGAATC
TGA(3*8)	CAGAAGCTCGCACTACTTTGGT	AACCTCCAGGAGCTAGTGAATC
TGA(3*8)	AGAAGCTCGCACTACTTTGGTC	CAACCTCCAGGAGCTAGTGAAC
TTC(3*6)	ATCCCAATGACATATGATGAAC	AAGGATACTTCGGAAGGAATGAG
TTC(3*6)	ATCCCAATGACATATGATGAAC	AGAAGGATACTTCGGAAGGAATG
TTC(3*6)	TCATCATACTTTGTTGATGGGTG	ATCTCGTCAGGGAAGAAGGATAC
TTC(3*6)	TCATCATACTTTGTTGATGGGTG	AAGGATACTTCGGAAGGAATGAG
TTC(3*6)	TCATCATACTTTGTTGATGGGTG	AGAAGGATACTTCGGAAGGAATG
GAA(3*6)	AAGGATACTTCGGAAGGAATGAG	ATCCCAATGACATATGATGAAC

GAA(3*6)	AGAAGGATACTTCGGAAGGAATG	ATCCCCAATGACATATGATGAAC
GAA(3*6)	ATCTCGTCAGGGAAGAAGGATAC	TCATCATACTTTGTTGATGGGTG
GAA(3*6)	AAGGATACTTCGGAAGGAATGAG	TCATCATACTTTGTTGATGGGTG
GAA(3*6)	AGAAGGATACTTCGGAAGGAATG	TCATCATACTTTGTTGATGGGTG
ACC(3*8)	AACTCTTCGGAGAATTCGAGTG	TTAGATGGTGATGGTGACTGTTG
ACC(3*8)	AACTCTTCGGAGAATTCGAGTG	TGATTAGATGGTGATGGTGACTG
ACC(3*8)	AACTCTTCGGAGAATTCGAGTG	TAGATGGTGATGGTGACTGTTGT
ACC(3*8)	AACTCTTCGGAGAATTCGAGTG	ATTAGATGGTGATGGTGACTGTTG
ACC(3*8)	AACTCTTCGGAGAATTCGAGTG	AGATGGTGATGGTGACTGTTGT
ACACGC(6*4)	AGATTACTCCAGTTCCAAGCCAT	GATTTGGAAATTGAGGACAGATG
ACACGC(6*4)	AGATTACTCCAGTTCCAAGCCAT	GAGATTTGGAAATTGAGGACAGA
ACACGC(6*4)	TAGATTACTCCAGTTCCAAGCCA	AGATGGAGGACGTTGTTCAAAAT
ACACGC(6*4)	ATTACTCCAGTTCCAAGCCATGT	GATTTGGAAATTGAGGACAGATG
ACACGC(6*4)	AGATTACTCCAGTTCCAAGCCA	GATTTGGAAATTGAGGACAGATG
CTC(3*5)	CTCAACTTCTCGCTGTCTTTTTT	AGCCTTGCAGATAACCCTAGACT
CTC(3*5)	TCTCAACTTCTCGCTGTCTTTTT	AGCCTTGCAGATAACCCTAGACT
CTC(3*5)	AAGAAGTCCGCTCTCAACTTCTC	AGCCTTGCAGATAACCCTAGACT
CTC(3*5)	CTCTCAACTTCTCGCTGTCTTTTT	AGCCTTGCAGATAACCCTAGACT
CTC(3*5)	CTCAACTTCTCGCTGTCTTTTTT	GAGCCTTGCAGATAACCCTAGAC
GA(2*8)	ATTGCCAGAACTGAGAGTGGTAA	ATCTAGATGCTTATCGGGCAAAT
GA(2*8)	GGTTTCTCAAATCAATAGAGCCC	ATCTAGATGCTTATCGGGCAAAT
GA(2*8)	GGGTTTCTCAAATCAATAGAGCC	ATCTAGATGCTTATCGGGCAAAT
GA(2*8)	CTGACCAACATTGGAGAAGAGTT	ATCTAGATGCTTATCGGGCAAAT
GA(2*8)	AATATTGCCAGAACTGAGAGTGG	ATCTAGATGCTTATCGGGCAAAT
TCG(3*6)	GCTCTGCTCTACTGCTACAGTCC	AGTGATTGGTTTGATGTGCAAC
TCG(3*6)	CTCTGCTCTACTGCTACAGTCCC	AGTGATTGGTTTGATGTGCAAC
TCG(3*6)	CTCTCCACTCTTCTCGTCATCCT	TCTCATTTGGATAGCTAAGTGCC
TCG(3*6)	CTCTCCACTCTTCTCGTCATCCT	AACCCCTTTTCTCATTTGGATAG
TCG(3*6)	CTCCACTCTTCTCGTCATCCTC	TCTCATTTGGATAGCTAAGTGCC
CT(2*23)	AGAACCAGCATCAAACAGATGAT	CCGCCATAACTTAGTCAACTCAC
CT(2*23)	AGAACCAGCATCAAACAGATGAT	AACAAGCCCTCTTTAGACTTTGG
CT(2*23)	AGCGTTCTGATTCCACCATATAA	CCGCCATAACTTAGTCAACTCAC
CT(2*23)	AAATAGCAAGAACCAGCATCAAA	CCGCCATAACTTAGTCAACTCAC
CT(2*23)	AAAATAGCAAGAACCAGCATCAA	CCGCCATAACTTAGTCAACTCAC
CT(2*22)	ATATCGCAGCTAGAGACATGCAG	AGGGGCAACTTAGAATTTTAGCA

CT(2*22)	ATATCGCAGCTAGAGACATGCAG	CAGGGGCAACTTAGAATTTTAGC
CT(2*22)	ATATCGCAGCTAGAGACATGCAG	GGGGCAACTTAGAATTTTAGCAA
CT(2*22)	TAGAGACATGCAGGCTCTTTTG	AGGGGCAACTTAGAATTTTAGCA
CT(2*22)	TAGAGACATGCAGGCTCTTTTG	CAGGGGCAACTTAGAATTTTAGC
AGG(3*6)	AGATCAAGCTCGAGGCCAT	TCTCTCAACTCGTCAGTGACTCC
AGG(3*6)	GATCGGCTCAAGTCGCTG	TCCTTGACGAACTCTCTCAACTC
AGG(3*6)	GATCGGCTCAAGTCGCTG	TTTCCTTGACGAACTCTCTCAAC
AGG(3*6)	GATCGGCTCAAGTCGCTG	CTTGACGAACTCTCTCAACTCGT
AGG(3*6)	GATCGGCTCAAGTCGCTG	GATTCCTTGACGAACTCTCTCA
CCT(3*7)	TCCTTGACGAACTCTCTCAACTC	AAGAGAGGGGTCCACCAGTT
CCT(3*7)	TCCTTGACGAACTCTCTCAACTC	GGAGTCAATGTAGTCGGGCTC
CCT(3*7)	TTTCCTTGACGAACTCTCTCAAC	AAGAGAGGGGTCCACCAGTT
CCT(3*7)	TTTCCTTGACGAACTCTCTCAAC	GGAGTCAATGTAGTCGGGCTC
CCT(3*7)	CTTGACGAACTCTCTCAACTCGT	GGAGTCAATGTAGTCGGGCTC
GA(2*6)	AAGTTCCTAGCGAAAAGGTTT	CCTACAATCCTGCTACTTGCTGT
GA(2*6)	AAGTTCCTAGCGAAAAGGTTT	ACCTACAATCCTGCTACTTGCTG
GA(2*6)	AAGTTCCTAGCGAAAAGGTTT	CACCTACAATCCTGCTACTTGCT
GA(2*6)	GAAGTTCCTAGCGAAAAGGTT	CCTACAATCCTGCTACTTGCTGT
GA(2*6)	GAAGTTCCTAGCGAAAAGGTT	ACCTACAATCCTGCTACTTGCTG
CCT(3*5)	TGATGAGTCTACTCCACTGCAAA	GGGAGATGAAAGTCTCCATTGTA
CCT(3*5)	ATGAGTCTACTCCACTGCAAAACC	GGGAGATGAAAGTCTCCATTGTA
CCT(3*5)	ATGAGTCTACTCCACTGCAAAACC	CTTTGGGAGATGAAAGTCTCCAT
AG(2*9)	ATGAGTTGAAGAAGCAAATGGTC	TACTCCTTTTTCCCTTTCCTCTG
AG(2*9)	ATGAGTTGAAGAAGCAAATGGTC	TGATTACTCCTTTTTCCCTTTCC
AG(2*9)	TGGAATCAATTGGATGGAAGATA	TACTCCTTTTTCCCTTTCCTCTG
AG(2*9)	TGGAATCAATTGGATGGAAGATA	TGATTACTCCTTTTTCCCTTTCC
AG(2*9)	ATGAGTTGAAGAAGCAAATGGTC	CTGCTCTCTTCCAATACTTGCTC
GGC(3*6)	GAGAGAGTGGGAGAGACACGTAA	CTCTTCGTCTCCACCTTCAATG
GGC(3*6)	GAGAGAGTGGGAGAGACACGTAA	TCTTCGTCTCCACCTTCAATG
GGC(3*6)	GAGAGAGTGGGAGAGACACGTAA	ATCCTCTTCGTCTCCACCTTC
GGC(3*6)	CAAAGAGCATAGACAGGGAGAGA	AGAGCACGATGCAGAAACATC
GGC(3*6)	GAGAGAGTGGGAGAGACACGTAA	AGAGCACGATGCAGAAACATC
TTC(3*7)	AAAATCAGATTCTACCACCACCC	ATAGAAACCACCCAGATTCAAG
TTC(3*7)	ACTCCAGTGACTTCATGATGGAT	TGATGGGATGAAGTTAGATGAAGA
TTC(3*7)	ACTCCAGTGACTTCATGATGGAT	TCTCTGTAGTTTGATGGGATGA

TTC(3*7)	ACTCCAGTGA CTTCATGATGGAT	TTTGATGGGATGAAGTTAGATGAA
TTC(3*7)	AAACAGCACCACAAGAGACAGTT	TGATGGGATGAAGTTAGATGAAGA
AGA(3*6)	TGATGGGATGAAGTTAGATGAAGA	ACTCCAGTGA CTTCATGATGGAT
AGA(3*6)	ATAGAAACGACCCAGATTCAAG	AAAATCAGATTCTACCACCACCC
AGA(3*6)	TCTCTCTGTAGTTTGATGGGATGA	ACTCCAGTGA CTTCATGATGGAT
AGA(3*6)	TTTGATGGGATGAAGTTAGATGAA	ACTCCAGTGA CTTCATGATGGAT
AGA(3*6)	TGATGGGATGAAGTTAGATGAAGA	AAACAGCACCACAAGAGACAGTT
TTC(3*6)	GGAATTTATCCTCCATGCTTTGT	CTTAGACGGCAGTAAACATGAGC
TTC(3*6)	GAATTTATCCTCCATGCTTTGTG	CAGTAAACATGAGCCTTCGTTG
TTC(3*6)	GGAATTTATCCTCCATGCTTTG	CTTAGACGGCAGTAAACATGAGC
TTC(3*6)	GAATTTATCCTCCATGCTTTGTG	AGTAAACATGAGCCTTCGTTGG
TTC(3*6)	GGAATTTATCCTCCATGCTTTGT	CAGTAAACATGAGCCTTCGTTG
TC(2*8)	TGGCGTGGTCTACTTTCTATCAT	TCTTTTTCAACATTGACGGACTT
TC(2*8)	TGGCGTGGTCTACTTTCTATCAT	TTCTTTTTCAACATTGACGGACT
TC(2*8)	AATTGTGCAGACATTTCTACGGT	TTGGGTAGAAAAATGAAACGCTA
AG(2*6)	GTCTCCTCCTTTTCTGTCCTCTG	CCATCTCTCGATTTCTCTTCCTT
AT(2*6)	TGAAGATCTTGTGGTTTTATGGG	GACCGAGCAGTTACCTTTGATTA
AT(2*6)	TGAAGATCTTGTGGTTTTATGGG	TCCTTTAATGACCGAGCAGTTAC
AT(2*6)	TGAAGATCTTGTGGTTTTATGGG	TAATGACCGAGCAGTTACCTTTG
AT(2*6)	TGAAGATCTTGTGGTTTTATGGG	TTAATGACCGAGCAGTTACCTTT
AT(2*6)	TGAAGATCTTGTGGTTTTATGGG	TTTAATGACCGAGCAGTTACCTT
GGC(3*5)	CTCTTCCTCTTCCTCTGGATCTG	CTGCTATTATTATGGCTTCCTCG
GGC(3*5)	ATCCTCTTCCTCTTCCTCTGGAT	CTGCTATTATTATGGCTTCCTCG
GGC(3*5)	CTCTTCCTCTTCCTCTGGATCTG	TATTATTATGGCTTCCTCGAGCC
GGC(3*5)	ATCCTCTTCCTCTTCCTCTGGAT	TATTATTATGGCTTCCTCGAGCC
GGC(3*5)	TCTTCCTCTTCCTCTGGATCTG	CTGCTATTATTATGGCTTCCTCG
TA(2*9)	CAGATGAAAATAATTTGTTGGGC	TTAGTTCAATCTTTCTCCGTTTCG
TA(2*9)	CCAGATGAAAATAATTTGTTGGG	TTAGTTCAATCTTTCTCCGTTTCG
TA(2*9)	CAGATGAAAATAATTTGTTGGGC	AGTTCAATCTTTCTCCGTTTCGAT
TA(2*9)	CAGATGAAAATAATTTGTTGGGC	TTTCTCCGTTTCGATTCTCTACT
TA(2*9)	CAGATGAAAATAATTTGTTGGGC	CTTCTCCGTTTCGATTCTCTAC
GA(2*13)	ATCAGATGTTCTGCAGTGAGTGA	GTGCTTCCTGTTTCAGAAAATGTC
GA(2*13)	ATCAGATGTTCTGCAGTGAGTGA	CACCACTAAAATTGATTGGAAGG
GA(2*13)	AATAACTGGCAACATTTGAAGGA	CACCACTAAAATTGATTGGAAGG
GA(2*13)	ATCAGATGTTCTGCAGTGAGTGA	ACCACCACTAAAATTGATTGGAA

GA(2*13)	AATAACTGGCAACATTTGAAGGA	ACCACCACTAAAATTGATTGGAA
CT(2*27)	AATGAGAAGGGTCTCGTTGTTTC	TAGCCACGAATCGTCAGTAATTT
CT(2*27)	ATGAGAAGGGTCTCGTTGTTTC	TAGCCACGAATCGTCAGTAATTT
CT(2*27)	CAATGAGAAGGGTCTCGTTGTT	TAGCCACGAATCGTCAGTAATTT
CT(2*27)	CAATGAGAAGGGTCTCGTTGTTT	TAGCCACGAATCGTCAGTAATTT
CT(2*27)	AATGAGAAGGGTCTCGTTGTTT	TAGCCACGAATCGTCAGTAATTT
AG(2*8)	GAAAAAGTCTCCATTTGCAGAGA	GGAGGGTCCGAAGAAATAAAGTA
AG(2*8)	TTCGCAGCTCTTTATCCTGTCTA	GGAGGGTCCGAAGAAATAAAGTA
AG(2*8)	ATTCGCAGCTCTTTATCCTGTCT	GGAGGGTCCGAAGAAATAAAGTA
AG(2*8)	AGATTCGCAGCTCTTTATCCTGT	GGAGGGTCCGAAGAAATAAAGTA
AG(2*8)	AGATTCGCAGCTCTTTATCCTG	GGAGGGTCCGAAGAAATAAAGTA
AG(2*7)	GTTCTCTCGCAATAAGCTGAAAA	GACACATTGGCCATCTAAAAATC
AG(2*7)	TTCTCTCGCAATAAGCTGAAAAG	GACACATTGGCCATCTAAAAATC
TGC(3*5)	AAGTTCAGGGGGTACAAACAAGT	TCAGTAGACCCAGACATCCAAGT
TGC(3*5)	AAGTTCAGGGGGTACAAACAAGT	TCCAAGTTAAATTGTGCTTTGGT
TGC(3*5)	GGGGGTACAAACAAGTACAACAG	TCAGTAGACCCAGACATCCAAGT
TGC(3*5)	AGGGGGTACAAACAAGTACAACA	TCAGTAGACCCAGACATCCAAGT
TGC(3*5)	CAGGGGGTACAAACAAGTACAAC	TCAGTAGACCCAGACATCCAAGT
TGT(3*7)	TTCTTTAGCCAATTCATTCTGGA	ACGAAAGGAAGTTTTGGTAGGAC
TGT(3*7)	TTCTTTAGCCAATTCATTCTGGA	AAGTTTTGGTAGGACAAAGAGGG
TGT(3*7)	TTCTTTAGCCAATTCATTCTGGA	TAGTTGCCCAAACTGAAAGAAA
TGT(3*7)	TCTTTAGCCAATTCATTCTGGAG	ACGAAAGGAAGTTTTGGTAGGAC
TGT(3*7)	TCTTTAGCCAATTCATTCTGGAG	AAGTTTTGGTAGGACAAAGAGGG
TC(2*8)	TGTGACAACTCGATCATCAAATC	TTCCGTTTCAAAGCTGAAAATAA
TC(2*8)	GATTTTGCTTGTTCAGTTTCAC	TTCCGTTTCAAAGCTGAAAATAA
TC(2*8)	CAACTCGATCATCAAATCCCTAC	TTCCGTTTCAAAGCTGAAAATAA
TC(2*8)	ACAACTCGATCATCAAATCCCTA	TTCCGTTTCAAAGCTGAAAATAA
TC(2*8)	AAGAAACATGACAGAAGAACGGA	TTCCGTTTCAAAGCTGAAAATAA
CT(2*11)	TCTCTGGTCAACAATTCATCCT	CTGATCTCATACCACCATGTGAA
CT(2*11)	TGGTCAACAATTCATCCTGAAT	CTGATCTCATACCACCATGTGAA
CT(2*11)	TCTCTGGTCAACAATTCATCCT	TGATCTCATACCACCATGTGAAT
CT(2*11)	CTCTCTGGTCAACAATTCATCC	TGATCTCATACCACCATGTGAAT
CT(2*11)	TCTCTGGTCAACAATTCATCCT	ATCTCATACCACCATGTGAATCG
CT(2*11)	GATCAAGCAAAGTGCTTCACAG	CATTGCTCCTCGCTCTTAAGTCT
CT(2*11)	GATCAAGCAAAGTGCTTCACAG	CATTGCTCCTCGCTCTTAAGTC

CT(2*11)	GATCAAGCAAAGTGCTTCACAG	ATTGCTCCTCGCTCTTAAGTCT
CT(2*11)	AAGCAAAGTGCTTCACAGCTC	CATTGCTCCTCGCTCTTAAGTCT
CT(2*11)	AAGCAAAGTGCTTCACAGCTC	CATTGCTCCTCGCTCTTAAGTC
CTG(3*5)	GCATCATTGTCACTCTCACTGTC	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG
CTG(3*5)	GCATCATTGTCACTCTCACTGTC	TCAAGAGAAAGAATCAGGAATGC
CTG(3*5)	GCATCATTGTCACTCTCACTGTC	AAGTTAAGGGCCTTTTCAAGAGA
CTG(3*5)	GCCTTCTGCTTTTCAGTTCTTTT	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG
CTG(3*5)	TTCAGTTCTTTTACGAGAGGCA	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG
CAG(3*7)	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG	GCATCATTGTCACTCTCACTGTC
CAG(3*7)	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG	GCCTTCTGCTTTTCAGTTCTTTT
CAG(3*7)	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG	TTCAGTTCTTTTACGAGAGGCA
CAG(3*7)	TCAAGAAAAAGAATCAGGAATGC	GCATCATTGTCACTCTCACTGTC
CAG(3*7)	ACAAAGTTAAGGGCCTTTTCAAG	TTTTTACGAGAGGCATCATTGTC
A(1*15)	CAGGAGCAATACATGAGCATACA	CTGTACTCATTTCACCCACTTC
A(1*15)	CAGGAGCAATACATGAGCATACA	TCGGTTGAAATCCTGTACTCATT
A(1*15)	CAGGAGCAATACATGAGCATACA	TTCTCGGTTGAAATCCTGTACTC
A(1*15)	AGCATACATCAACAAGAACACCA	CTGTACTCATTTCACCCACTTC
AG(2*7)	CAGGAGCAATACATGAGCATACA	CTGTACTCATTTCACCCACTTC
AG(2*7)	CAGGAGCAATACATGAGCATACA	TCGGTTGAAATCCTGTACTCATT
AG(2*7)	CAGGAGCAATACATGAGCATACA	TTCTCGGTTGAAATCCTGTACTC
AG(2*7)	AGCATACATCAACAAGAACACCA	CTGTACTCATTTCACCCACTTC
TC(2*8)	CCACCTCAAATTCTCAAGATGAC	GATCTGGGAGCTCGAATTTAGTC
TC(2*8)	ACCACCTCAAATTCTCAAGATGA	GATCTGGGAGCTCGAATTTAGTC
TC(2*8)	GAGAAGCGAACCCTAAGAATCTC	GATCTGGGAGCTCGAATTTAGTC
TC(2*8)	ACACAATTCCAATAGAGAAGCGA	GATCTGGGAGCTCGAATTTAGTC
TC(2*8)	CTCAACCACCTCAAATTCTCAAG	GATCTGGGAGCTCGAATTTAGTC
GAA(3*6)	CTGCGGATGAAATTGATGAGTAT	GTCGTCATCTTCTTGTCATCTT
GAA(3*6)	TGAGGATGACAGCAACAACATATG	TTTCACTCTTCATCAACATGCTC
GAA(3*6)	CTGCGGATGAAATTGATGAGTAT	TCGTCATCTTCTTGTCATCTTC
GAA(3*6)	CTGCGGATGAAATTGATGAGTAT	CCACTTTCATCTCCTTCCTCATT
GAA(3*6)	ACTGCGGATGAAATTGATGAGTA	GTCGTCATCTTCTTGTCATCTT
TC(2*6)	GAAAGATGGTTGTGATTTTCAGC	ACATTTTCGGCTCAATCAAGAAT
TC(2*6)	GAAAGATGGTTGTGATTTTCAGC	GGGCAAATCGAACTAAAAGACTA
TC(2*6)	GAAAGATGGTTGTGATTTTCAGC	AACATTTTCGGCTCAATCAAGAAT
TC(2*6)	GAAAGATGGTTGTGATTTTCAGC	AATCCGTCAACCATGAAAAGAT

TC(2*6)	GAAAGATGGTTGTGATTTTCAGC	AAAACAACATTTTCGGCTCAATC
CT(2*6)	ATTATGGTATACCTCTTCGAGCG	AGTCGAGATTTTGATAGGCACAG
GAC(3*5)	ACATATAGAGAGAATCACGGCGA	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC
GAC(3*5)	CATATAGAGAGAATCACGGCGAG	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC
GAC(3*5)	AACATATAGAGAGAATCACGGCG	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC
GAC(3*5)	TATAGAGAGAATCACGGCGAGAA	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC
GAC(3*5)	TGGCGTACGAACAAACATATAGA	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC
AAG(3*6)	ACTGGAACCATCAGAGATCAGAA	ACAAATAGGTACAGTGCAGAGGC
AAG(3*6)	ACTGGAACCATCAGAGATCAGAA	GTACAGTGCAGAGGCGTTTAGAG
AAG(3*6)	CTGGAACCATCAGAGATCAGAAT	ACAAATAGGTACAGTGCAGAGGC
AAG(3*6)	CTGGAACCATCAGAGATCAGAAT	GTACAGTGCAGAGGCGTTTAGAG
AAG(3*6)	CAGTAGTGACTGGAACCATCAGA	ACAAATAGGTACAGTGCAGAGGC
AAG(3*8)	AGGTATGAGGTGGATGAGCTTCT	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT
AAG(3*8)	AGAGGTATGAGGTGGATGAGCTT	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT
AAG(3*8)	GTGAGGAGAGGTATGAGGTGGAT	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT
AAG(3*8)	GTTTACAAGGCAACAGAGCAGAA	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT
AAG(3*8)	AGGAGAGGTATGAGGTGGATGAG	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT
TCT(3*8)	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT	AGGTATGAGGTGGATGAGCTTCT
TCT(3*8)	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT	AGAGGTATGAGGTGGATGAGCTT
TCT(3*8)	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT	GTGAGGAGAGGTATGAGGTGGAT
TCT(3*8)	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT	GTTTACAAGGCAACAGAGCAGAA
TCT(3*8)	ATGAAGACAAGTCCTCCAGACCT	AGGAGAGGTATGAGGTGGATGAG
CGT(3*5)	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC	ACATATAGAGAGAATCACGGCGA
CGT(3*5)	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC	CATATAGAGAGAATCACGGCGAG
CGT(3*5)	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC	AACATATAGAGAGAATCACGGCG
CGT(3*5)	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC	TATAGAGAGAATCACGGCGAGAA
CGT(3*5)	GATTTCTAGGGCTTCCGGTC	TGGCGTACGAACAAACATATAGA
ATC(3*6)	GTCTTCCATTACTTGCTCCCTCT	AGTTGTGGTTGTGACTGATGATG
ATC(3*6)	GTCTTCCATTACTTGCTCCCTCT	CAGTTGTGGTTGTGACTGATGAT
ATC(3*6)	GTCTTCCATTACTTGCTCCCTCT	ATCAGTTGTGGTTGTGACTGATG
ATC(3*6)	AGTCTTCCATTACTTGCTCCCTC	AGTTGTGGTTGTGACTGATGATG
ATC(3*6)	AGTCTTCCATTACTTGCTCCCTC	CAGTTGTGGTTGTGACTGATGAT
AG(2*9)	AAGGTGATCCCTAAGATTTTTGC	ATTACTCAATTGCTGATGAGGC
AG(2*9)	AAGGTGATCCCTAAGATTTTTGC	CTGATGAGGCAATGACAACCTAT
AG(2*9)	GGTGATCCCTAAGATTTTTGCAT	ATTACTCAATTGCTGATGAGGC

AG(2*9)	GGTGATCCCTAAGATTTTTGCAT	CTGATGAGGCAATGACAACCTAT
AG(2*9)	TGATCCCTAAGATTTTTGCATGA	ATTACTCAATTGCTGATGAGGC
TC(2*8)	ATTACTCAATTGCTGATGAGGC	AAGGTGATCCCTAAGATTTTTGC
TC(2*8)	CTGATGAGGCAATGACAACCTAT	AAGGTGATCCCTAAGATTTTTGC
TC(2*8)	ATTACTCAATTGCTGATGAGGC	GGTGATCCCTAAGATTTTTGCAT
TC(2*8)	CTGATGAGGCAATGACAACCTAT	GGTGATCCCTAAGATTTTTGCAT
TC(2*8)	ATTACTCAATTGCTGATGAGGC	TGATCCCTAAGATTTTTGCATGA
CTC(3*7)	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC	AGAGAGTGAATTGGGTGAGTGAC
CTC(3*7)	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC	ATGAAGGAGTGAGGAGAGAGTGA
CTC(3*7)	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC	AGGAGAGAGTGAATTGGGTGAGT
CTC(3*7)	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC	AGTGAGGAGAGAGTGAATTGGGT
CTC(3*7)	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC	TGAAGGAGTGAGGAGAGAGTGAA
GGA(3*7)	AGAGAGTGAATTGGGTGACTGAC	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC
GGA(3*7)	ATGAAGGAGTGAGGAGAGAGTGA	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC
GGA(3*7)	AGGAGAGAGTGAATTGGGTGACT	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC
GGA(3*7)	AGTGAGGAGAGAGTGAATTGGGT	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC
GGA(3*7)	TGAAGGAGTGAGGAGAGAGTGAA	CTCTTCTTCCCAAAACCCTAAAC
CT(2*6)	ACGTCGATTGATTTGTGAATCTC	CAAACCCTACAATGACAGGTGG
CT(2*6)	GACGTCGATTGATTTGTGAATCT	CAAACCCTACAATGACAGGTGG
CT(2*6)	ACGTCGATTGATTTGTGAATCTC	GCAAACCCTACAATGACAGGTG
CT(2*6)	GACGTCGATTGATTTGTGAATCT	GCAAACCCTACAATGACAGGTG
CT(2*6)	ACGTCGATTGATTTGTGAATCTC	GCAAACCCTACAATGACAGGT
GCG(3*5)	CTTCTCGAGGTCTCTCAACCAG	CTCCCTGTACTCCACCGAGAC
GCG(3*5)	CTTCTCGAGGTCTCTCAACCAG	TCCCTGTACTCCACCGAGAC
GCG(3*5)	CTTCTCGAGGTCTCTCAACCAG	AACCCGTTCTCCCTGTACT
GCG(3*5)	TTTCTCGAGGTCTCTCAACCAG	CTCCCTGTACTCCACCGAGAC
GCG(3*5)	CTTCTCGAGGTCTCTCAACCA	CTCCCTGTACTCCACCGAGAC
AGAT(4*5)	GCTCCCCGTATTTATTTGTCTTC	ATATATTCGTGTGGCTGCAATTT
AGAT(4*5)	GACCCTCTTCCTGGTTCAGATAG	ATATATTCGTGTGGCTGCAATTT
AGAT(4*5)	AGCTCCCCGTATTTATTTGTCTT	ATATATTCGTGTGGCTGCAATTT
AGAT(4*5)	AAGCTCCCCGTATTTATTTGTCT	ATATATTCGTGTGGCTGCAATTT
AGAT(4*5)	ATTTATTTGTCTTCTGGGTTCGG	ATATATTCGTGTGGCTGCAATTT
GACGGG(6*4)	AGTGCACGCCAGTGAAC	AACCTCTCCTCCATGACATCAC
GACGGG(6*4)	AGTGCACGCCAGTGAAC	CAACTCTCCTCCATGACATCAC
GACGGG(6*4)	AGTGCACGCCAGTGAAC	TCAACTCTCCTCCATGACATCAC

GACGGG(6*4)	AGTGCACGCCAGTGGAAC	CTCCATGACATCACCGTTAGG
GACGGG(6*4)	AGTGCACGCCAGTGGAAC	CCTCCATGACATCACCGTTAG
CT(2*10)	GGCTCTACCAAGCTGGTATCC	CTAAGATACGACAAGTCCATGCC
CT(2*10)	GGCTCTACCAAGCTGGTATCC	TTCGGAACCTGAAGATTCAATTA
CT(2*10)	GGCTCTACCAAGCTGGTATCC	CCAGCAGTGGACTAAGATACGAC
CT(2*10)	GGCTCTACCAAGCTGGTATCC	CAGCAGTGGACTAAGATACGACA
CT(2*10)	GGCTCTACCAAGCTGGTATCC	CGGAACCTGAAGATTCAATTAAG
GA(2*10)	CACAGTTAATTTCTGACTCGCT	TGGATGTAAAGCAAGACGAGTTT
GA(2*10)	ACACAGTTAATTTCTGACTCGC	TGGATGTAAAGCAAGACGAGTTT
GA(2*10)	ACACAGTTAATTTCTGACTCGC	TTGGATGTAAAGCAAGACGAGTT
GA(2*10)	GCCTAGTCCCGACTTTTCTTAAC	TTGGATGTAAAGCAAGACGAGTT
GA(2*10)	TCCATTTTTCTTGGGTTTCACTA	TTAACATTGTTTGGACGAGAAGG
GAGC(4*6)	TCTCTCCTCTCCCTCTAGCTCTC	CCGAATCGGAGTGCATAACT
GAGC(4*6)	CTCCCTCTAGCTCTCAAAAATCC	CCGAATCGGAGTGCATAACT
GAGC(4*6)	CCTCTCCCTCTAGCTCTCAAAAA	CCGAATCGGAGTGCATAACT
CT(2*8)	CACCTCAAGTTTGAGATCCCTC	GAAGGTTAATGAAATGTCCATCG
CT(2*8)	CACCTCAAGTTTGAGATCCCTC	GGAGGGAGTGAAGGTTAATGAAA
CT(2*8)	ACCTCAAGTTTGAGATCCCTCC	GAAGGTTAATGAAATGTCCATCG
CT(2*8)	CACCTCAAGTTTGAGATCCCTC	GGAGTGAAGGTTAATGAAATGTCC
CT(2*8)	CTCCTTCATCGATCTTGCTTG	GAAGGTTAATGAAATGTCCATCG
CTT(3*5)	TACCTTCTCTCGTCTTCTTCTGC	TCTTGACCATGAAATAGGCATCT
CTT(3*5)	CCGTACCTTCTCTCGTCTTCTTC	TCTTGACCATGAAATAGGCATCT
CTT(3*5)	TACCTTCTCTCGTCTTCTTCTGC	TTTCTTGACCATGAAATAGGCAT
CTT(3*5)	CCGTACCTTCTCTCGTCTTCTTC	GTCAAATTTCAACCGACAAAGTC
CTT(3*5)	CCGTACCTTCTCTCGTCTTCTTC	TTTCTTGACCATGAAATAGGCAT
CTC(3*5)	CGGACACTCTCTGCTCACTTT	CGTGATGGAGAAACAGTAGTGAA
CTC(3*5)	GGACACTCTCTGCTCACTTTCG	CGTGATGGAGAAACAGTAGTGAA
CTC(3*5)	CGGACACTCTCTGCTCACTTTC	CGTGATGGAGAAACAGTAGTGAA
CTC(3*5)	GACACTCTCTGCTCACTTTCGC	CGTGATGGAGAAACAGTAGTGAA
CTC(3*5)	GAAGCTCCAACCATGCTTTC	GAAACAGTAGTGAAGGTGGAGGA
CTT(3*7)	ATATTGATTGGTTTTGCCACATC	CGCTCAGAGTATCCTGAACTGAA
CTT(3*7)	ATATTGATTGGTTTTGCCACATC	GAAGCGAACTCGCTCAGAGTAT
CTT(3*7)	TACCAAGCTCGAATTTACACCTC	CGCTCAGAGTATCCTGAACTGAA
CTT(3*7)	TTTTGCCACATCACAAAAAGTAA	CGCTCAGAGTATCCTGAACTGAA
CTT(3*7)	AAATATTGATTGGTTTTGCCACA	CGCTCAGAGTATCCTGAACTGAA

TC(2*10)	AGCTCTGAGAAAGAAAGGGAGAG	CGCCTTTTATGCATATACCCTT
TC(2*10)	AGAGCGCGAATATGCACTACTTA	CGCCTTTTATGCATATACCCTT
TC(2*10)	GGACGAAGAATCAGACAAATCAA	CGCCTTTTATGCATATACCCTT
TC(2*10)	AGCGCGAATATGCACTACTTAAT	CGCCTTTTATGCATATACCCTT
TC(2*10)	GAAGCAAGCTCTGAGAAAGAAAG	CGCCTTTTATGCATATACCCTT
CT(2*9)	CTCTCCTCGAGTCTGTGAATTTT	CGAACATCTTTACAATCTCCCAA
CT(2*9)	GCTCTCCTCGAGTCTGTGAATTT	CGAACATCTTTACAATCTCCCAA
TC(2*18)	TCAGCAAGGTATCAAGCATCATT	CCTGTTCTGTTTTGGAGAAAAT
TC(2*18)	TCAGCAAGGTATCAAGCATCATT	CTGTTCTGTTTTGGAGAAAATC
TC(2*18)	GTATCAAGCATCATTGCTTCCA	CTGTTCTGTTTTGGAGAAAATC
TC(2*18)	TCAGCAAGGTATCAAGCATCATT	GTTCTGTTTTGGAGAAAATCG
TC(2*18)	TATCAAGCATCATTGCTTCCATC	CCTGTTCTGTTTTGGAGAAAAT
AG(2*6)	ATTTTGGAGAAAATCGGGAGATA	CACAGTGAAGTGGACAGGTCAT
AG(2*6)	ATTTTGGAGAAAATCGGGAGATA	GTATCAAGCATCATTGCTTCCA
AG(2*6)	ATTTTGGAGAAAATCGGGAGATA	CCAAAAATCCTTCATTTCCAAAA
AG(2*6)	ATTTTGGAGAAAATCGGGAGATA	AGTGGACAGGTCATCATCTCCTT
AG(2*6)	ATTTTGGAGAAAATCGGGAGATA	AGGTCATCATCTCCTTCCTCAG
GA(2*12)	CATTATCCAAGATGGGTGACTTC	CCCATTATGCTGTGTTTAGCTC
GA(2*12)	CATTATCCAAGATGGGTGACTTC	GAGCCCATTATGCTGTGTTTAG
GA(2*12)	ATCCAAGATGGGTGACTTCTTCT	CCCATTATGCTGTGTTTAGCTC
GA(2*12)	ATCCAAGATGGGTGACTTCTTCT	GAGCCCATTATGCTGTGTTTAG
GA(2*12)	TCAGTACGATCTCATGCTAACGA	TGTTTTACAATGTTGGCTCTTCA
CAC(3*7)	TAATGCAACTTCGTTTTTGAGTG	GTGGTGATGGTAGAGATGTTGGT
CAC(3*7)	ACTTCGTTTTTGAGTGCCAAAT	TTGTGGTGATGGTAGAGATGTTG
CAC(3*7)	ACTTCGTTTTTGAGTGCCAAAT	GTGGTGATGGTAGAGATGTTGGT
CAC(3*7)	ACTTCGTTTTTGAGTGCCAAAT	GGTTGTGGTGATGGTAGAGATGT
CAC(3*7)	AAC TTCGTTTTTGAGTGCCAAAT	TTGTGGTGATGGTAGAGATGTTG
TCC(3*5)	AGTTGCACTCTGCTTCTTTCATT	TCTGCTCTAACATCAGAAGGGAA
TCC(3*5)	AGTTGCACTCTGCTTCTTTCATT	CTAACATCAGAAGGGAAGAGTCG
TCC(3*5)	CAGTTGCACTCTGCTTCTTTCAT	TCTGCTCTAACATCAGAAGGGAA
TCC(3*5)	CAGTTGCACTCTGCTTCTTTCAT	CTGCTCTAACATCAGAAGGGAAG
TCC(3*5)	AGTTGCACTCTGCTTCTTTCATT	TGCTGATAATCCTTCTGCTCTAA
GAG(3*5)	TCTTCCCTTCTGATGTTAGAGCA	CAAAACAAATACAGGCTCTTCGT
GAG(3*5)	TCTTCCCTTCTGATGTTAGAGCA	AAGAACTCCCTCCATTTCATCAGT
GAG(3*5)	CGACTCTTCCCTTCTGATGTTAG	CAAAACAAATACAGGCTCTTCGT

GAG(3*5)	CGACTCTTCCCTTCTGATGTTAG	AAGAACTCCCTCCATTTCATCAGT
GAG(3*5)	TCTTCCCTTCTGATGTTAGAGCA	TAGCTAACTTCCTCTTTGCTTCG
GAG(3*5)	TTTCCAGGATGTTAGAGCAGAAG	CAAAACAAATACAGGCTCTTCGT
GAG(3*5)	CTTTGCTTTTTGTTGATTTCCAG	CAAAACAAATACAGGCTCTTCGT
GAG(3*5)	TTTCCAGGATGTTAGAGCAGAAG	AAGAACTCCCTCCATTTCATCAGT
GAG(3*5)	CTTTGCTTTTTGTTGATTTCCAG	AAGAACTCCCTCCATTTCATCAGT
GAG(3*5)	TTTTTGTTGATTTCCAGGATGTT	CAAAACAAATACAGGCTCTTCGT
CGA(3*7)	AGCGCTTCAAAAGATCCTCTC	GTAAGTGGGTTTTGGCGGATAC
CGA(3*7)	AGCGCTTCAAAAGATCCTCTC	ATAACCGTAACTAGGGTTTTGGC
CGA(3*7)	AAGCGCTTCAAAAGATCCTCTC	GTAAGTGGGTTTTGGCGGATAC
CGA(3*7)	AAGCGCTTCAAAAGATCCTCTC	ATAACCGTAACTAGGGTTTTGGC
CGA(3*7)	CGCTTCAAAAGATCCTCTCG	GTAAGTGGGTTTTGGCGGATAC
GA(2*6)	CCAGAAAACAAAAGACCATCAAG	TTTTGGATTGAAGGGAGCTCTAC
GA(2*6)	AAAAGTCACCACGATCATCTCAT	TTTTGGATTGAAGGGAGCTCTAC
GA(2*6)	AAACCCAGAAAACAAAAGACCAT	TTTTGGATTGAAGGGAGCTCTAC
GA(2*6)	CCAGAAAACAAAAGACCATCAAG	TGAAGGGAGCTCTACACTTTCTTT
GA(2*6)	CAGAAAACAAAAGACCATCAAGC	TTTTGGATTGAAGGGAGCTCTAC
GA(2*7)	ATGAATCCCTCACAGATCTTCAA	AAGTTCTTCATGCTTGTCTGCAT
GA(2*7)	ATTACCACATGAATCCCTCACAG	AAGTTCTTCATGCTTGTCTGCAT
GA(2*7)	AACCCTAGAAACCAGTCAAAACC	AAGTTCTTCATGCTTGTCTGCAT
GA(2*7)	TCCAATATTACCACATGAATCCC	AAGTTCTTCATGCTTGTCTGCAT
GA(2*7)	CAAACCCTAGAAACCAGTCAAAA	AAGTTCTTCATGCTTGTCTGCAT
TC(2*9)	TTTGGTGTATCCATTTTCATTTG	CATTCTGAAGGAGTCGCTGTACT
TC(2*9)	TTTGGTGTATCCATTTTCATTTG	TGCAATCAGTGAAGGACTGACTA
TC(2*9)	TTTGGTGTATCCATTTTCATTTG	AAGCATGTCATTCTGAAGGAGTC
TC(2*9)	TTTGGTGTATCCATTTTCATTTGT	CATTCTGAAGGAGTCGCTGTACT
TC(2*9)	GTTTGGTGTATCCATTTTCATTTG	CATTCTGAAGGAGTCGCTGTACT
TCT(3*5)	TTGCAAATTTTAAAGCTTTTTGG	AAAGAAGAAGATCAACAAGCGAG
TCT(3*5)	TTGCAAATTTTAAAGCTTTTTGG	AGAAGAAGATCAACAAGCGAGC
GGC(3*5)	GTACAGCGACGAGCTGGAG	GCCTTCTCGAACAGCTCCT
GGC(3*5)	CAAGCACACGTACAGCGAC	GCCTTCTCGAACAGCTCCT
GGC(3*5)	GACGAGCTGGAGCAGAGC	GCCTTCTCGAACAGCTCCT
GGC(3*5)	CAAGCACACGTACAGCGAC	CTTCTCGAACAGCTCCTCCC
GGC(3*5)	CAAGCACACGTACAGCGAC	CCTTCTCGAACAGCTCCTCC
GC(2*6)	GTTCACTGTTTGATGACGAAA	ATTGCCAAAGTTGAGTCCAGATA

GC(2*6)	ATTGGTGATTTACGTTGGTTCAC	TGAGTCCAGATACAACGCTATCA
GC(2*6)	G TTCACACTGTTTGATGACGAAA	TGAGTCCAGATACAACGCTATCA
GC(2*6)	G TTCACACTGTTTGATGACGAAA	AAAGTTGAGTCCAGATACAACGC
GC(2*6)	ATTGGTGATTTACGTTGGTTCAC	AACGCTATCATTTTCTTGATTCTG
GA(2*6)	GAGACAGAGAGGTCTCGCGTATT	CCCAGTTCGTTTCCACTTTC
CT(2*8)	TGAATTTTGACTTTCTGGGTGTT	GAATATGAGAGGTTCTCCTGCAA
CT(2*8)	TTGAATTTTGACTTTCTGGGTGT	GAATATGAGAGGTTCTCCTGCAA
CT(2*8)	GCGATAGCATTGAATTTTGACTT	GAATATGAGAGGTTCTCCTGCAA
CT(2*8)	AGCATTGAATTTTGACTTTCTGG	GAATATGAGAGGTTCTCCTGCAA
CT(2*8)	GTGTTAAGGCAAACCTGGAGTGAT	GAATATGAGAGGTTCTCCTGCAA
AG(2*8)	CTCAGTCTCTTGCTTCAAAGTCC	AGTGATCATCGCCTTTCTTGAT
AG(2*8)	GTTCTTCTTTTGCTGAACGTTTG	AGTGATCATCGCCTTTCTTGAT
AG(2*8)	CTCAGTCTCTTGCTTCAAAGTCC	AGTGATCATCGCCTTTCTTGATT
AG(2*8)	GTTCTTCTTTTGCTGAACGTTTG	AGTGATCATCGCCTTTCTTGATT
AG(2*8)	GTTCTTCTTTTGCTGAACGTTTG	TCTTCCAAAAGTGC GGAATATC
TC(2*8)	GGTTCTTTTG CAGAAATAGCTGA	ATGTGCATGAGAGACAGAGACAC
TC(2*8)	GGTTCTTTTG CAGAAATAGCTGA	ACATGTGCATGAGAGACAGAGAC
TC(2*8)	TGTAGCTTGTAGTTGCATCTTGC	ATGTGCATGAGAGACAGAGACAC
TC(2*8)	TGTAGCTTGTAGTTGCATCTTGC	ACATGTGCATGAGAGACAGAGAC
TC(2*8)	AGCTGAATTCTGTTGAGCTTTGT	ATGTGCATGAGAGACAGAGACAC
AG(2*10)	GGTCAAACCTTTCCGTTGTGAA	GCGAATCATGATCAAACCTCTTA
AG(2*10)	ACTGGTCAAACCTTTCCGTTGTG	GCGAATCATGATCAAACCTCTTA
AG(2*10)	CTGGTCAAACCTTTCCGTTGTG	GCGAATCATGATCAAACCTCTTA
AG(2*10)	GGTCAAACCTTTCCGTTGTGAA	GCGAATCATGATCAAACCTCTT
AG(2*10)	ACTGGTCAAACCTTTCCGTTGTGA	GCGAATCATGATCAAACCTCTTA
GGA(3*6)	AGATACACTCTGCCTGACCTCTG	CGAGATAGCCACCATTTTGT
GGA(3*6)	ACCTCTGGTTGACGACTCATT	CTCGAGCTTGTGGTAGAGGTAA
GGA(3*6)	ACCTCTGGTTGACGACTCATT	ACTCGAGCTTGTGGTAGAGGTAA
GGA(3*6)	AACCTCTGGTTGACGACTCATT	CTCGAGCTTGTGGTAGAGGTAA
GGA(3*6)	AACCTCTGGTTGACGACTCATT	ACTCGAGCTTGTGGTAGAGGTAA
GCA(3*5)	GGGAGGTTTTACACCACATCAAT	ACATTTGTTGTCCAGACTGCTG
GCA(3*5)	GTTTTACACCACATCAATTGGG	CTGTGACATTTGTTGTCCAGACT
GCA(3*5)	AGGGAGGTTTTACACCACATCA	ACATTTGTTGTCCAGACTGCTG
GCA(3*5)	CAGGGAGGTTTTACACCACATC	ACATTTGTTGTCCAGACTGCTG
GCA(3*5)	TACACCACATCAATTGGGGAT	CTGTGACATTTGTTGTCCAGACT

TATGT(5*4)	TGTTCTCTAACGTCCAGGGATTA	CTGCAAAATAAATGCCCATCAT
TATGT(5*4)	TGTTCTCTAACGTCCAGGGATTA	TGCAAAATAAATGCCCATCAT
TATGT(5*4)	ATGTTCTCTAACGTCCAGGGATT	CTGCAAAATAAATGCCCATCAT
TATGT(5*4)	ATGTTCTCTAACGTCCAGGGATT	TGCAAAATAAATGCCCATCAT
TATGT(5*4)	AAAGATCCCCATGTTCTCTAACG	CTGCAAAATAAATGCCCATCAT
CCG(3*7)	GTTATGATGGGCATTTATTTTGC	CAAATGAGGAGTAACAAGGCAGA
CCG(3*7)	GTTATGATGGGCATTTATTTTGC	AATGAGGAGTAACAAGGCAGAGG
CCG(3*7)	GTTATGATGGGCATTTATTTTGC	AAATGAGGAGTAACAAGGCAGAG
CCG(3*7)	GTTATGATGGGCATTTATTTTGC	GACGCTCCAAATGAGGAGTAAC
CCG(3*7)	GTTATGATGGGCATTTATTTTGC	ATGAGGAGTAACAAGGCAGAGG
GGC(3*6)	TTGAAGCTATGGATTCTTTGGAA	CTCCTATCAATGAATTTTCCCC
GGC(3*6)	AATTTGAGCAAAGAGATTGGTGA	CTCCTATCAATGAATTTTCCCC
GGC(3*6)	GAATTTGAGCAAAGAGATTGGTG	CTCCTATCAATGAATTTTCCCC
GGC(3*6)	TGAATTTGAGCAAAGAGATTGGT	CTCCTATCAATGAATTTTCCCC
GGC(3*6)	TGGATTCTTTGGAATTGAATTTG	CTCCTATCAATGAATTTTCCCC
CT(2*16)	TGAAGGGGAAGAGATATTTGTCA	GGGCCACAATTAGAAATAAAGGA
CT(2*16)	TGAAGGGGAAGAGATATTTGTCA	AAATGGGCCACAATTAGAAATAAA
CT(2*16)	TGAAGGGGAAGAGATATTTGTCA	AATGGGCCACAATTAGAAATAAA
CT(2*16)	TGAAGGGGAAGAGATATTTGTCA	AAAAATGGGCCACAATTAGAAA
CT(2*16)	TGAAGGGGAAGAGATATTTGTCA	TGGGCCACAATTAGAAATAAAGG
TCT(3*5)	AGAGCTTGGAGGAAGATAGAAGC	CACAGAGGTTACGATCACATT
TCT(3*5)	AGAGCTTGGAGGAAGATAGAAGC	CAGAGGTTACGATCACATTCAT
TCT(3*5)	AGAGCTTGGAGGAAGATAGAAGC	ACAGAGGTTACGATCACATTCA
TCT(3*5)	AGAGCTTGGAGGAAGATAGAAGC	CACAGAGGTTACGATCACATTC
TCT(3*5)	AGAGCTTGGAGGAAGATAGAAGC	ACAGAGGTTACGATCACATTC
AG(2*6)	ATGATGCTTCTGTCTCTCTTTCG	CGGAGGAAATTAGTGAGGATTTA
AG(2*6)	GATGCTTCTGTCTCTCTTTCGTC	CGGAGGAAATTAGTGAGGATTTA
AG(2*6)	ATGATGCTTCTGTCTCTCTTTCG	CCGGAGGAAATTAGTGAGGATT
AG(2*6)	GTCTCTCTTTCGTCAGTTCATGC	CGGAGGAAATTAGTGAGGATTTA
AG(2*6)	ATGATGCTTCTGTCTCTCTTTCG	CCGGAGGAAATTAGTGAGGATTT
GA(2*9)	ATTGGTTGAGTCAGAAAATTTGG	GAAGACTTTGCCCCCTTACTAAA
GA(2*9)	ATTGGTTGAGTCAGAAAATTTGG	CCCCTTACTAAATGGAGCACTCT
GA(2*9)	ATTGGTTGAGTCAGAAAATTTGG	AGACTTTGCCCCCTTACTAAATG
GA(2*9)	TTGGTTGAGTCAGAAAATTTGGA	GAAGACTTTGCCCCCTTACTAAA
GA(2*9)	TTGGTTGAGTCAGAAAATTTGGA	CCCCTTACTAAATGGAGCACTCT

CT(2*10)	CTCTTACAAATTTGCAGACGACC	TTGTATGTGCGTATATGGTGGAG
CT(2*10)	CTCTTACAAATTTGCAGACGACC	ATGTGCGTATATGGTGGAGAGAT
CT(2*10)	CTCTTACAAATTTGCAGACGACC	TGTATGTGCGTATATGGTGGAGA
CT(2*10)	CTCTTACAAATTTGCAGACGACC	GTTGTATGTGCGTATATGGTGGGA
CT(2*10)	CTCTTACAAATTTGCAGACGACC	TGTGCGTATATGGTGGAGAGATA
TCA(3*10)	GTTTCCGTTTCCTTTTATGCTTT	ATGATGGAGGTGAAGATGACAGT
TCA(3*10)	TTTCCTTTTATGCTTTCCATCCT	ATGATGGAGGTGAAGATGACAGT
TCA(3*10)	AGCAATGATAGTTTCCGTTTCCT	ATGATGGAGGTGAAGATGACAGT
TCA(3*10)	GTTTCCGTTTCCTTTTATGCTTT	TGATGGAGGTGAAGATGACAGTA
TCA(3*10)	AGTTTCCGTTTCCTTTTATGCTT	ATGATGGAGGTGAAGATGACAGT
CTT(3*5)	TCTCTAACACCCCATGATTCTTC	GTACTTCATGGCCACAAATGTCT
CTT(3*5)	TCTCTAACACCCCATGATTCTTC	TACTTCATGGCCACAAATGTCTA
CTT(3*5)	TCTCTCTAACACCCCATGATTCT	GTACTTCATGGCCACAAATGTCT
TC(2*17)	ACATCGCCTTTCGTAAAAGAAGT	GCATTAGCTATCCTGGTTTGTG
TC(2*17)	ACATCGCCTTTCGTAAAAGAAGT	TATATCCCGGCATTAGCTATCCT
TC(2*17)	ACATCGCCTTTCGTAAAAGAAGT	GGCATTAGCTATCCTGGTTTGTG
TC(2*17)	ATCGCCTTTCGTAAAAGAAGTG	GCATTAGCTATCCTGGTTTGTG
TC(2*17)	CATCGCCTTTCGTAAAAGAAGT	GCATTAGCTATCCTGGTTTGTG
AT(2*10)	GGCCCGTAAGTCAATTCTTAGTA	TCAAAGAACAACCCCCAAAAATAA
AT(2*10)	GCCCGTAAGTCAATTCTTAGTACG	AACCCCCAAAAATAAAATTCCCTT
AT(2*10)	GCCCGTAAGTCAATTCTTAGTACG	TCAAAGAACAACCCCCAAAAATAA
AT(2*10)	GGCCCGTAAGTCAATTCTTAGTA	CTCAAAGAACAACCCCCAAAAATA
AT(2*10)	GGCCCGTAAGTCAATTCTTAGTA	AACAACCCCCAAAAATAAAATTCC
TCT(3*6)	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC	AGAAGAAATCGGAGATCTTGACA
TCT(3*6)	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC	AAGAAATCGGAGATCTTGACAAA
TCT(3*6)	TTACCTTACTCTCTACGCCAGCA	AGAAGAAATCGGAGATCTTGACA
TCT(3*6)	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC	AGAAATCGGAGATCTTGACAAAG
TCT(3*6)	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC	AAGAAATCGGAGATCTTGACAAAG
AT(2*15)	CTTAAGTGGGGCGGAGTACA	GGCCCGTAAGTCAATTCTTAGTA
AT(2*15)	GGCCCGTAAGTCAATTCTTAGTA	CTTAAGTGGGGCGGAGTACA
AT(2*15)	CTTAAGTGGGGCGGAGTACA	GCCCGTAAGTCAATTCTTAGTACG
AT(2*15)	GCCCGTAAGTCAATTCTTAGTACG	CTTAAGTGGGGCGGAGTACA
AT(2*15)	CTTAAGTGGGGCGGAGTACAA	GGCCCGTAAGTCAATTCTTAGTA
AGA(3*6)	AGAAGAAATCGGAGATCTTGACA	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC
AGA(3*6)	AAGAAATCGGAGATCTTGACAAA	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC

AGA(3*6)	AGAAGAAATCGGAGATCTTGACA	TTACCTTACTCTCTACGCCAGCA
AGA(3*6)	AATCGGAGATCTTGACAAAGGA	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC
AGA(3*6)	AGAAATCGGAGATCTTGACAAAG	TACCTTACTCTCTACGCCAGCAC
AG(2*9)	AGGGAACCTAGGGAAGGGATTAG	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT
AG(2*9)	AGGGTTTAGGGAACCTAGGGAAG	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT
AG(2*9)	TTAGGGAACCTAGGGAAGGGATT	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT
AG(2*9)	TTTAGGGAACCTAGGGAAGGGAT	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT
AG(2*9)	TAGGGAACCTAGGGAAGGGATTA	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT
CT(2*9)	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT	AGGGAACCTAGGGAAGGGATTAG
CT(2*9)	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT	AGGGTTTAGGGAACCTAGGGAAG
CT(2*9)	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT	TTAGGGAACCTAGGGAAGGGATT
CT(2*9)	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT	TTTAGGGAACCTAGGGAAGGGAT
CT(2*9)	GGTCTTCACCTTCTCTCCTCAAT	TAGGGAACCTAGGGAAGGGATTA
GAAGAG(6*4)	AGTATCTCAGGAAACGCAAACAG	CATCACTCATACCCAAGGAATGT
GAAGAG(6*4)	AGTATCTCAGGAAACGCAAACAG	GTCGCTTTCCTCATCACTCATAC
GAAGAG(6*4)	TGACGAGGAGTATCTCAGGAAAC	CATCACTCATACCCAAGGAATGT
GAAGAG(6*4)	GAGTATCGTTGGGATGAAGAAAA	AACCACCGATCTTAATTTGGTTT
GAAGAG(6*4)	AGTATCTCAGGAAACGCAAACAG	TTTCCTCATCACTCATACCCAAG
CCG(3*5)	TTGCTTGTGATACTATCGTGTGC	AAAGTGGTCATACTACGGCGAT
CCG(3*5)	TTGCTTGTGATACTATCGTGTGC	GGGAGAAAGTGGTCATACTACGG
CCG(3*5)	TTGCTTGTGATACTATCGTGTGC	GTGGAGGGAGAAAGTGGTCATAC
CCG(3*5)	CTATCGTGTGCATCAGTTTTGTC	AAAGTGGTCATACTACGGCGAT
CCG(3*5)	CTATCGTGTGCATCAGTTTTGTC	GGGAGAAAGTGGTCATACTACGG
GA(2*6)	GGAACCTCAGCTGTTTCGACCTC	CTTCGGTATTCACGTCTGTTCTC
GA(2*6)	GGAACCTCAGCTGTTTCGACCTC	CTGTTCTCCTTCTGTACTGGGTG
GA(2*6)	GGAACCTCAGCTGTTTCGACCTC	CGTCTGTTCTCCTTCTGTACTGG
GA(2*6)	GGAACCTCAGCTGTTTCGACCT	CTTCGGTATTCACGTCTGTTCTC
GA(2*6)	GGAACCTCAGCTGTTTCGACCT	CTGTTCTCCTTCTGTACTGGGTG
GA(2*10)	CAATAGGTACTGCAGAATTGGCT	TCTTCAGGTGAAAAGCTTCATTC
GA(2*10)	CAATAGGTACTGCAGAATTGGCT	TCGGTGTTAGCTGACCTAAAAAG
GA(2*10)	CAATAGGTACTGCAGAATTGGCT	CATCTTCAGGTGAAAAGCTTCAT
GA(2*10)	CAATATTGAAACTTGAAAGGGG	TCGGTGTTAGCTGACCTAAAAAG
GA(2*10)	CGACACAATATTGAAACTTGAA	TCGGTGTTAGCTGACCTAAAAAG
AGG(3*5)	TGGCTTCTCACTGCTTACGATAC	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTCA
AGG(3*5)	CGACAATTACAACCCCATCATTA	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTCA

AGG(3*5)	CTGGCTTCTCACTGCTTACGATA	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA
AGG(3*5)	TGGCAAAAATAAAACAAAGAGACAA	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA
AGG(3*5)	TTGGCAAAAATAAAACAAAGAGACA	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA
TCC(3*5)	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA	TGGCTTCTCACTGCTTACGATAC
TCC(3*5)	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA	CGACAATTACAACCCCATCATTA
TCC(3*5)	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA	CTGGCTTCTCACTGCTTACGATA
TCC(3*5)	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA	TGGCAAAAATAAAACAAAGAGACAA
TCC(3*5)	CATGTTAGAAATTCTTTTCCTTTTCA	TTGGCAAAAATAAAACAAAGAGACA
CT(2*7)	CTCTGTGGCCAACCACTAGTAAC	CTTCGAAGGGTGAAGACTCAGA
CT(2*7)	CTCTGTGGCCAACCACTAGTAAC	TTCGAAGGGTGAAGACTCAGA
CT(2*7)	AACCACTAGTAACGCCGTCTCTT	CTTCGAAGGGTGAAGACTCAGA
CT(2*7)	ACCACTAGTAACGCCGTCTCTTA	CTTCGAAGGGTGAAGACTCAGA
CT(2*7)	AACCACTAGTAACGCCGTCTCTT	TTCGAAGGGTGAAGACTCAGA
GGA(3*5)	GAAGAATATGGTCTCCTCCTTCG	TTTTGTCTCTTCTTCTGAGTCCG
GGA(3*5)	CGAAGAATATGGTCTCCTCCTTC	TTTTGTCTCTTCTTCTGAGTCCG
GGA(3*5)	TCGAAGAATATGGTCTCCTCCTT	TTTTGTCTCTTCTTCTGAGTCCG
GGA(3*5)	GAAGAATATGGTCTCCTCCTTCG	TTGTCTCTTCTTCTGAGTCCGTC
GGA(3*5)	CGAAGAATATGGTCTCCTCCTTC	TTGTCTCTTCTTCTGAGTCCGTC
TTC(3*6)	TGTCTTTACAAGGTTTACGGTGG	GAGCTGCTCTGATATAGGGGTG
TTC(3*6)	TGTCTTTACAAGGTTTACGGTGG	TGAGCTGCTCTGATATAGGGGT
TTC(3*6)	GTGGTAGTAACACCGACTCCTCC	TTACTCCTCCAGGACCAAGCTAT
TTC(3*6)	GTGGTAGTAACACCGACTCCTCC	ATTACTCCTCCAGGACCAAGCTA
TTC(3*6)	GTGGTAGTAACACCGACTCCTCC	CTATTACTCCTCCAGGACCAAGC
GAG(3*5)	GATAAGGGAGAAGTTGCTTCTGA	GGCAATACCTTTCGTCTCTTCTT
GAG(3*5)	GATAAGGGAGAAGTTGCTTCTGA	AGATTCCTCTTCTTCTCCTCCT
GAG(3*5)	GATAAGGGAGAAGTTGCTTCTGAG	GGCAATACCTTTCGTCTCTTCTT
GAG(3*5)	AGATAAGGGAGAAGTTGCTTCTGA	GGCAATACCTTTCGTCTCTTCTT