

Supplementary Appendix 1: Candidate AFLP Sequences

The candidate sequences were retrieved from the *Physcomitrella* repeat-unmasked sequence scaffolds ("plus-strand" sequence) using SCALPHunter. Sequence coordinates were confirmed by a BLASTN search of the genome sequence. Sequence co-ordinates correspond to the first base (5'-G) of the EcoRI site in each sequence.

Linkage Group 1 Scaffold 21

```
>EACMGG160G_1121559
TTAAGGGCCAAGACCCTTGATCACATCTCAAAGAGAGGTTCTTCTCAAAGGTGTGCAACTATCTTGTGAATC
CTAGATTGGCTACAAATAGAGGGCAATAAGTACCAGAAATATTGACATCAATTTATAGTTGTGAATTC
>EACMGG501G_1177923
GAATTCACCCTTTAATTTTACCAAAAAAAAAAACC AACTGTAAATTCACTCTCGATCTTCTGACATCTAAA
AAACCCTAGCAGGCACCTCTAAACCCTAATTTATAAGCACCCGAAAAAATATTTTCCTTATATCTCAAAAAT
CCAACTCCAAATGTCATAAACTTATGCATAAAGTTTACTAATATGAAATTACACATTCCTGAAATTTT
GAGCCAAAACCTTATCAAATTGCTCAAGATATAGCTCAAGAGACAACCCTAGTAAATCGGTTTACTTACT
ATCCTTAGATTGCATACGCCGACTTTAAAATCCAATAACTCCTTTATGCCAACTTGAAATCCAATAAGCAG
TATGTAAAAAGTATAGCCACAAAAGTGTCTCTCTAGTTGCGGTGACGATCCTCAATTGCTGTCCGTATG
CATGTGTTATGCTCAAAGAGTGACAGTAGGTCCAAAACCTAACACCTTAA
>ECAMGG498G_1533659
GAATTCAGCTTGAATATTAGGACCTATTTACATCCTCCGCAGACGTGCCGAATCTAATCACCTGCTCTGA
CTATTACACAAAACCACGTTTCAGAAAATGTGCAATACATTCTCTCCTTGTAGTGACAAGAAGCACATACGG
AGATCCTATTTAGGAGAAATTGGCACATGATATCTGAGGGTTGTAACGTAATAACGGATAGACATCTAAA
CATATTCCTGGAGATGTGCTACGGAGTCGTCTACTTTGGCACAAAATTACCTCATGAAATAAAAATAAAAATA
AAAAACAACCTATGATGTGGGTTTCTCTTCTCTTTCTTGTCTTGGAAAAACCTGCTCCTCAGTCTTCTCT
TCACCCCTCGTCGGGGTTGCTTGTCTTCTACTGTCTCTTTATCATCTGAGTCTGCGACAGGTTTCATCAGT
CTCCTGGTTCTTGTGTTGATGGCGTAGGAACCTCTTCAGAGGCCTTAA
>EAGMCT70G_401393
TTAACTTCGTGGGGATAATACACACCCGCCTTATTTTTACCCGCTGAATTC
>ECMGA238G_435382
TTAAGACAGCACACAATGCAAAAGGGGGGGGGGCTTATATCCTCGAGTGATGGACTGCAGGAGTTGCAA
CCATTTGGAACAAAATGATGGTCGGGTTGGTCACGCAAATGGTGTGCTGCCCCCGCCCTCACCCAACCACC
GACTTATTCTTGATGACGGAGAAGCGAGCGAAGGTGATGCGATGCCCATGATTTTCATTGTTTGACCGAAT
TC
```

Linkage Group 1 Scaffold 29

```
>EAGMTT101G_511634
TTAATTTCTCTTCTAACCTTGAAAGGTGATTGGTTAATTATGTTATCTTTTGAATTTGAATTCATCTTA
TACCTGAATTC
>EACMTC207G_425680
GAATTCACAATAAGTCAAGTAAAAATTA AAAAATAAAGATATAAAAAA AACTTATATATATATATATATA
TATATATATATATATATATATCAATTCTAAATTATATATTCATATACTTCTTATGCCAACAATAAAAATCCT
AAAATTAAGTCAAAACGGCTATAACTTCCAAAGTTGATTAA
>EACMTC209G_425680_Variation
GAATTCACAATAAGTCAAGTAAAAATTA AAAAATAAAGATATAAAAAA AACTTATATATATATATATATA
TATATATATATATATATATATCAATTCTAAATTATATATTCATATACTTCTTATGCCAACAATAAAAATCCT
AAAATTAAGTCAAAACGGCTATAACTTCCAAAGTTGATTAA
```

Linkage Group 1 Sc38

```
>EACMTC216G_335078
GAATTCACAAATATTTTCTAAAATAAATACTTATAGTTATCTTTACTTCTAAGATTAAGGTTTAAAATA
AACAAATAAGTTATTTTCTAATTTAATAAAAAGATAAGTTTGTGCATATGTTATTTGTAAGAAATTTCTAAT
CCATGTTGTTGTGAGTCCTACTAATAAATCTTAATTAGAAGATTGATTAA
>EGAMGC266G_56643
```

TTAAGCATAATAACTTTGTCTGAAGTATCTGTCTAACACTGTATAACAATGTGAACCGAAACATGCACCTCC
TGTATCATGACTTACTTGGGGTTTTGAAAGAGAGGCCCTGAAGGAGCGGTAGAATCCACGCTAACTTTGT
CTGCAAGATCTGTTGCACCTGCATTTTTCTGGGCCGATTATAGGCAGCTTTCGGAGCCTAGAAGTTGAG
GACAATGTCACCTCTGCAGCCCAACGTCGAATTC
>EAGMTT114G_2100454
TTAATTTGGAGAAAGTAATCAAAAAGAATAGTATAGAATAAGTTTTTATCTTTAGAATAAGGATTACAGT
TAGCCATTATATATGCTGAATTC
>EAGTTA233G_1942567
TCGATAAGGATCCAACAGAGAAACATGAAAGACTGGATGTACCTTCATAGAAGCCGGTAACTCCAGCCGGT
ATGCCACTGGATTAATTTGCTTCTGGATGATAAATGGTCCCAATCTTTGATAGTCCAACCTATCACATGGT
CGCTTGGTCTTGATATTTCTGTTGAAGAAGCCATGCTTTGTCTCCAACCTTTGAAAGTAGGTGCTGAATTC
>EAGMCT229G_1313412
GAATTCAGCGGAGTCTTCAGAATTGTTTTAGCTCTGTGCACCTTTCCCTTATTGTTATATGAGATTCTCTA
TTTGGAAATGTCTTATTCTGGGTCACTCTCTGAATACTTTGAAGTCGACAGGGTTCTTTGTAGACGATGTGA
ATCCTCTCTCTGGTATGTGGTGCAGAGTTATGAGAGAAGCTGATGCTAACAACTGAAGTTAA

Linkage Group1: Scaffold 59

>ECAMGG446G_403858
TTAAGGGACGCCGTGAAGATCATTTCGAGTGGTGTGGGTGCATAAGGGTTTTGCAGTTTTCGGTGGCGTCCATG
GCAGGCAGCTGCTCGGATGCGCCGTCGTGCATATTTGTTGGGCCAATTGAGACTGCGGAGAAAACACGCTT
GGAAGCTTTGTACCAGCAAGCGCGAGATTCGTATTACAGTGGGCAGCCGTTAGTTGTGGACGACATGTTTG
ACAAGGTGGAGTTGCAGCTGCGATGGCATGGGTGCAAGTTGGTGTGGAAGTATCCCCGGTGTAGCTTGAGG
CGTTTTACGGCCTATGCGGACGCTGAAGTGGATCCGTCAGATGCGAGCCTTGGCTACGGTGTGGAGCTT
GCTTCTCGCAGTGGGATTGGGGGTTGCTGTGGGCCTGCCAGTTTTAATTGCAACCTACATGGAATTC
>EACTTC272G_1580617
GAATTCACGTCGCTGATGTTTTAGAGCTGCGCGCGCTGCGGCCGTACATAGCTCACATTGACAACATATA
TAAGGATTTACGACGTACAAGACGAGTGTGCCCCGTGGCGGGCGCGATCATGCTGGACGAAACCCTGGAGA
GATGTTTGCTTGTGAAGGGTTGGAAGGCCGGTCAAGTTGGGGCTTTCCGCGAGGGAAGAACAAGGAC
GAGGAGGATTCATCTGTGCTGTGCGGGAAGTGATCGA
>ECAMCT406G_1072739
TTAACTCCACCATCTGCTGGGGCTTGCAAGTCTAACACGTTTTATTTGATCACCGCAAAATCATCAATCAAG
GAGGCTTGCAAGTATATGTAT
TCTAAAACGAACCCCAAATTATCGTCAATCTTCATGCGAAATGCTGATCCAGTGTGTTGCAATTGTGGGAAC
AGGTGTCCATAATGAAGCGGTTGGATCATCCCAACATTGTGAAACTTTATGAGGTCATTGATGATCCGCAG
AGCGATAAAATGTATCTGGGTACCTGATGATCACCTTGGTAAAAGTAGCAGTGATTTTCATATGACCTATTG
CTGCAGAATGTCCTACTTTTTGGAATTC
>EACTTC451bG_778107
GAATTCACAAAAAACATTATTTCATAAAATATTGACAAGCTGTTGATATGTTTGTGAATCCAAAAGGCATA
AGATTATATTCAAATATCCATACTTAATTTAAAAACAATCTTTAATTCATTTCTTTTTTAAATGAGAAT
CAAGTTATATATTCTTCATAGATCTATTTTTATATAGATTTTTGTTTGATTGAATTGGCCAAGAAGTATTA
AAAATAAAGATAGGAAATACTTATTATTGATGGTGATCTTGTTAAATCTTTGATAATCTATACACATCAAC
AAAGATCCATTATTTTTCTTTAAAAATAAGATATGAGCTATTGTTGGAAGTTTTCAATAGTATATGAAGTT
TTTAGCCAAGTTCTCATTAATATATTTATTTGATACAATCAATTCATTTTACAATAAGTTGAAGATTGATC
GA
>EACMCG63G_313976
TTAACGAGGAAGAACTAACTCTGATATCTGAGGTGAGTGAATTC
>EACMTC207G_416474
GAATTCACCATTAGTCTGTATAATATGTTACCATATTACATGTTATTATGGATAACAGTAAGATATGGCAT
TCAAAGAAGCAAAGTATTCATATGTTACTCATGTGAGAGTTGTTGAATAAAGAGATTCACTACTTATCCAA
TCTATTGTCTATTTCAATTCAACTTCATTTTTAAACCATGATTAA
>EACMTC209G_416474_variation
GAATTCACCATTAGTCTGTATAATATGTTACCATATTACATGTTATTATGGATAACAGTAAGATATGGCAT
TCAAAGAAGCAAAGTATTCATATGTTACTCATGTGAGAGTTGTTGAATAAAGAGATTCACTACTTATCCAA
TCTATTGTCTATTTCAATTCAACTTCATTTTTAAACCATGATTAA

Linkage Group 1 Scaffold 98

>ECAMCT406G_45993

GAATTCCAATGCCATCTATTTTTGTAAAATTTATTTGGACTAGAAATTTGGTAGACATTGACAATTGTGCTT
CAATGACAGTCAAGAATTTTTAGTCTTCCCAAATTTGTATTTCATTGTATATCCTTCAATTCACAAAAATCAA
CAGTCTAATTTCTGCTTGTGTTTGTAGCTGCCTGAGTAGTCCAGTAAGTGTGAGCCCGTGTACCCTTTCTAA
TAACTCTTGTGGAAGTGGCTCTCCTCTCCTTTGGTGAGGGGCAATACGTGCCGTATGGACCAAAGTTTTCC
ATTTATCCTTTTCAATGGACCAAATTTTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAATCTTTCATGTATAA
CTATTTTTGATGTGGAAACTATCAATAAGTTAA
>EAGTGC265G_1282606
GAATTCAGGAATCAACCCATAAGAGATCAAATCACTGCTCTCTACCTGCACGAATTAGTCAAAAATCACTT
GTCAAGTAATCTGTAACCTTCAAAACAGGCATGTGCTCAATTTCCCTACTGAAAAGGTTCAACAAAGCAAATC
TACATACCTTCATCAGACCTAGAACATGCCTAAACCATGGAAAGAAACCTGAAATTGAAGGATGTTGACAA
GAAATTTCTGCAGGCATGAAAAAATGCTCGA

Linkage Group 1 Scaffold 173

>EACTAG211G_427443
TCGAAGCAACGAAAGCCTGGGTGCTCTTTACGACTGGGCTTGTGTTAGAGAAGAGGGCGTGAGATTTTTGGAC
GAGTATTTTTGGATTGAGCATGTGGGTCTTGTGTCAGAGGTTGTATATCTCTTCGCAATCCTGTTCTCAGTA
TCCATCCGGGGTTGATGGAATGTTGCACACTTTGGAATTGGTGAATTC
>ECGMA387G_571101
TTAATACTCACAGTATCTGAATTTTCTCAGAGCTAGCTCGAATTAGTCGGTACCGCCGGTTGTCCAAACC
CACAAGTCTGTTTCGCATTTCCCGAGAGAACCACACTGTGAAGCGGGGATGTTCTCCTACCCACATTGCCCG
CAGCAAATCCATCTCTCTGGACAACCGAGCTGGTTGTGTCAGGCACGAGCGGGCGGTGAAAGCATAACCACT
CCGCAAGGCGCCATTCTGAACTGTGAAGCCTAATTAATCGGCGCGACCCAAGTGCAGTTCCAGCACTAAT
TTCCCAATCTGCAAATACCAGACAACACAGCCAGACTTCGTGCTCTATGCACCCAACATTCGAGTGCCAA
CAACGGAATTC

Linkage group 1 Scaffold 230

>EACMTC207G_96196
GAATTCACTCTTGCCTCTATATATACTATCTACCTAGGAAGTGCATGGCAACATCATTTAGGACCTCCAAA
ATATATTGACTTTGTACAACATGTATCTTAATTTATAAAGCAAGTTTTTTATATGAGTACTATATATTTAG
CTTATTTTCATAAGCTATCAATACATGTAATATGTGATTAA

Linkage Group 2 Scaffold 1

>ECAMCT442G_1016882
TTAACTCAAAGCCATCATTGATGACTTATCCGATAAGACATTGTAATTATCACAACCTTTAAGATGACA
TAATAGGCATGAAGACCTACAAGAATAACATGTTTTTTTTATAAAATAGATGGTGAATAACAACAAGTTTGG
TATCACGACTTGGAAAAAGATTCTTGATGTTTGGTGATTTTTATTGGAGGTAGGCATGACCTTGATAGTGTT
ACAAATGTTTTATTTGAAGGAAATTATGAAGTTTTAACAATGATCAAATCACAAGGTGGTCTCTTTGTCT
TCGAATTGGACATTACTAAGAGTTGAGAGGACCTATCAACTATCTTTAAAGAGATCAAAGATCAAAGTACG
TGGCAAATACAATTTGTTGCATCTTAGACTTTCTCAACAAATGATCACAATTCCTTGTGGAATTC
>EACMGA294G_1455787
TTAAGATATGTCCCTACAGACTTTACTCCTCCCTAAAGAGTAATACAAAAACATAACCTCCAAATCCTGA
TCATCACCAGGGCTCAGTGCAGGCGGATGCAAGCTGGAAAGCCCTCTGTGTATGTGTGTGTTTCTTTTCTT
CTTTTTTCTTTTTTGGAGAAAATGTCGATAATTCAGCTGGGATATGTTGGTGAAGAAGTACACACTGGA
AGACTTCCTTCTATGTTTTTTACTAGAGAAGTTGTAGAAAAGTCCCCTGGCGTGAATTC
>EAGMGG515G_168865
GAATTCAGATTGATTGGAGTGAAGTTTTGTTATTCCTAGTGTGGATGGAATTTATTGAGTTTTGAGCAGTC
TTTTGAGAGTGCAGGGTTGCACATTGTGGTTATCAGTTGATGAAGGAGTATTCTTATTGGAAGGAAGCATT
GTAGTATTTCTTAATATTTTAGTAGTTCAGAATACAGTTAATTGTGTGACCCTAACAAGTGAAGTCAATGC
GCTTAGTCTTTCTTGTGTTTGAATTTCTTATAACAAGTTTATTCTGGAAGGAATTATAGAATAAGTAAAA
TGGCAATCATAATATCAATAGAGGTTTTCAATGTCCAATTGAAGCTTATAAGAAGGACCTTTATTTTTAGGT
TTGTTTGAACCTTCTTTTTTTTTGTCTTTTGTCTATTTTCTTAAATTCTAACTCCACTTTTTAGTTGACA
GAAAAGCATTGCTTGAGCTTTTGGAGAAAGAAAGCTCTTATCTTCTTTGAGTAGACTCTTTAATCCTTAA
>ECGMGT164G_2281676
TTAAGTTCTCTAAATATAAAGAGTTGTCTGACATCTAAGCAAAAACGTTTGGCTAGATTCTTTGATAAATTGC
TTACGAAAAGAATTGGCCAACAAAATACTAACTCTGACTGTGCTCACCGTTGCCAAGATCTGTTCCGAATTC
C
>ECGMA470G_3194656

GAATTCCGGGTACTCTTGGTCGGTGGGAACATACTCCTGGTTGTCGAAATCTACCGGCATTGACCTCGCGT
GGGGAGACTTCCACTGCGATGCAAGCACTATAAGCACCGTCAGCAAACCTCGCCACCCGCCCCGGACACCATT
CTTGTGGTTCGATTTTTGAAGAAGGCTCGTCTTGGATCCTTTGCTGGCACTACTGGGAACCTGAAGTCTAAAC
AAGCACAACCTTCTCTGTAAGTTGAAAGTCTTTTTGAAATGCCTTTGCGCAGCAACCAACAATCCCAATAGGA
TCCGCAACTCATAATTCACAACGCAACGAAGAGTTGGAAGAATCACCCCATCACATTCTGGTGAGGAGAGA
TAGCGAAGTATGCATCATGTCCGTGGACATAAGCAGGATTAGAGCCTACTCACGTGGTGAACAAGCCGATG
GAAGTAGCACACTTCCTATTAA
>ECAMGG295G_4935908
GAATTCCAAGATGTTTCTGAGAAGAAGAATGCAGATATTCTTCCAGACATCGACCTTATGATTGTTCAATT
GATCTTCAAGAAGGAGCTCAACGGCCATTTAGACCAATCTATAACTTATCACAAAATAAATTGGTTGCACT
AAAAGAGTATATTGACAAGAACTTGGCTAAAAACTTCATATGCCATTCAAATCTCCAACAGGAGCGTCGA
CCTTATTTGTGAAGAAAAAGATGGATCTCTATAGATGTGCGTAGACTATTGGGGCCTTAA
>ECGMGT64G_3394646
GAATTCGGATCTGAGAACCATAACAAGTGGACCTCAACGTAACCTTAA
>EACMCC218G_5106185
GAATTCACATCTGTTCTCCCTTTTCGAGGGAAAAAAAAAAAAAAAAACAAGACAATCCGACGTGGACTATGAATT
GAAGATCTCTTTCACCACGTGGCACTATCGCATAGGTACGATCCTCTTTTCTTTTTCATGGTTCATTTTG
TAGAGAGGAGAATGACCGGGAGTAGCAGGTGAGGGTGGTGTCTTAGGGTTAA
>ECGMGA178G_4965329
GAATTCGGATCATCTGTCCGCGTACAACCACAATGGAATGCCACTAACTTCGACTGCCAAATCCGTCACG
ATGTAAACGTTTCCCGACATCAACCAACCAGTTAACAGATGCACTACAAGTGAACACAAAAGACGTCAACA
GATCGTCTTAA
>ECAMCC235G_4804576
TTAACCTATTGTTATCTATTTTTATTTAATCATATAGATAATTATTGGTTTACATGTATTTGTCCATGATA
TCTTCGTATTTAATTCTAAGATTTTTTTTTAAGCTTAAATTTTCATGCCATAATTTAAAATGAATTAATAA
TAAAGTTAATTGTTAAATTAATGATGATTTCTAGAGAATAGAGGTGAACTAATTATTTTAGTGGAATTC
>ECGMA164G_4630983
GAATTCGGCATCTCTTAATTTTTGTAAACACACGACAAATATGAAGTTCATGTTTATCTATGTTCTTAGAAT
AGATCAAGATGTCGTCCAAAATACAGACAATAAAATCACCTAAAAACTCTCAAAAATATCATTATTTAA
>EACTGA105G_4934846
TCGAGAAAGGGTAGCAAAGAACAAGCTTGTATCACTATGAGAAAGATCACGTTCCAGCCACCACGTATGCTG
GTGAATTC

Linkage Group 2 Scaffold 47

>ECGTGA249G_1790849
TCGAGATGCTTCCGTTGCAGTTGAACTCAGCCTGCCGTTCAAAGTTCTCTCCAGCATTACATACCGCTTTC
TACATTTACCACCTACAACCTTTCGCATTAGATTTTCCCATTCCTCTTGAAGGGCCATTTCATGAATTTTGA
CAGTTCCCTTATTTCTATGATTTGAAAATGGGTTTGAATTGCGAGGTCTGCAAGACAGCATAATAAATAACG
ATTCTACGGAATTC
>ECGMGG72G_1598173
TTAAGGAGACAGCATCTTGATGCTTTCATTTCGAAATATATAACAATCGGAATTC

Linkage Group 3 Scaffold 5

>EACTAG243G_1115068
TCGAAGTCCCTCCCATTTTATAAAACCCAGTAGAGGCAGTATTGGTGTGAGAGTGTCCCTTCTTTAAAAC
CATCATTTTTGATGATGACTATGTAGTAATTGACCTAATTTTTTTTTTTGGGTTTAACTAGAAATTCAGGAA
GAAAAAAAAAATCAAAAATCAAATTATGTGCATAAAAAAATAAATATAGATGGTGTAGTGATGCTCTTTT
GTGAATTC
>EACTAG151G_1930828
TCGAAGAAATTTGTTGCAGCTAAATGGCCCTTTGTTTTCACAGGAAAGTTGCGCTAGAACCCTCACTGGTTTT
GCACTGGAATTGTGAGTGGTGGCTTCAAGGCTGGCAGGTTCGATCAACCCTCGTGAATTC
>EACTCC294G_1040063
TCGACCCGTCTGGGCCCCGCGGCTGCTTCTTCGGCGCCTTCCCCAGTCGGTGCAGCTTTTTTCATTCATCCA
TCTATCCATTCACGGGCTTCGTTTCGTCTCATCCCTCATCTGTTCCATTTTCCGTCCATCAACTTCACGGCC
TCGTTTCAATTTGTTCCCTCCTTCATTCATCCATTGGAGATCAACCTCGTGCTGGTTTTATTAGTGTCCGGTTT
CGCTGAATTAGTAAGGATTTAATTAGTATATTATTGCGGGTTAGATCATGGGGTGAATTC

>ECGTGA430G_1204426
GAATTCGGATCTGAGAACCAACTTCAACGTTACTATAATTCAATGGCAAATCCAACACCTCTTCAACACAT
ACATTCGGAAGTAGAGGATATGCAAATTGATGCAGTATGTTTCAAACCTCTTACTGAGCAAGAAAAGACTC
GTCGTCGTCAAGAAGGATTATATTTATATTGTGGAGAACC AAAACACATTGCTCAACATTGTCTAAAGAAA
CGACGTAATCATAAAATGAGGAGTATGGCTGTGAAAGAAGACAATATGTTAGAAAATGAGTTTGTCCAGCT
ACAATAGGGACCGTGC GGCTAGAACCTTGCAACATCTAGTAAAGGTTCTATTCTCTCCTTAGAGCCCTC
TCCTTGTTTTACATTGAATATTATTTTAGGACCTAAATATTACAAAGTCTCGA

Linkage Group 3 Scaffold 107

>EACMGA257G_1181725
GAATTCACCTTTAATTTTTATCACAAAAAAAACCAAGTGCAAATTCCTTTTCCAATCTTGTGATATCTAAGA
AATTCTAGCAGATGCTCTAAATCCTAATGTACAAGAAGTTGACCACTATTTTCTTGATATCTCAAGAATCC
AATATTCAAATATCATGAACTTATGTAAAAAGTTTACTAACATGAAATTACACATTTTTTTAAATTTTGA
GCCAAAACCTTATCAAATTTCTTAA
>EGAMGC205G_1245704
TTAAGCCTAATGCCTTAGTCAACATGTAGTGTCTATCCTTCACTAATGCCTTTGTCAACAAATCAGCAAGT
ATGTCCTCCATAGCACAATACTTTCATATCAATCACTCCCATTTCAATCTTCTCTCTTATAAAGTGATATTG
AATGTCAATGTACTTGGTTCTTGAATGATGCTTCGAATTC
>EAGMGG125G_1059547
GAATTCAGCAATCTCAAATCTTTGACTATCTTTGATATATCAGATTGCAATAGTTTTGCATCATTGCCAAA
TGAATTAACAACCTCACATCTTTGACTACCTTAA
>ECGMGT93G_311572
TTAAGTTCAGTCAACCCGTTATAGTCAAGCCGGGGCATACTGAAATGCTCCATTCGATTCCAATAACGGAAT
TC
>ECGMTA273G_430795
TTAATATTCCCACGCAATCTTTGCACAGTCGACATGCGAATGTTATTTTTATGAGTGAGCGCTGAAAAAAT
TGTGTTCAAATCATTGAACATTCCAAGACCTGGTGGTCTGTTATCATTTCGAAGCAGCGCTTCATCGTTCA
TCATGACGAATTGAACTTAGAATGCACTGAGATTGTAAGCGGTTTACTCTCACC GCAGCTATGATTTTG
GACTACGCAATTTGCAATTTGAAATACTGACGGAATTC
>ECGMTA580G_471723
GAATTCGGATGCATAGACTGATGTAGATCGCATTCTTATCGTAGTGATCGGATCTTTGTTGTAGTCCATC
AAACCTTGTGCTATTTCATCAAATGCTTCTGCAAACGCCTCCAAAAGGTTTCAAAGTTGTTCAATACGGAC
GATCATTTCTCAAACAAAGGAGCAAACCATGATAGAGCTTGTCTGTAAGTAAGGTCCCAACAAGCCCAAC
ACAAGACTCCTCCGTTGGATAGCATTCCGGGCTGCAAACTGTTATCAACCTGATTTGGTTGACGAATCCTC
GAACTTGGAAATGCGTACCATCGAACTTGTCCGGAAGGCTAACTTGGAGCTCCTTATGTTGTGGAACCAGC
GGTGTCTGTCGAACCTGAGGCAAAGTTGCTTCTCCAAGTGTAGAAGTTTGGAGCTGGTGCAACCTAGATTG
TGCCATCCCAGATGCTCCATCATTATGAAGCCTTGCCACGACTCCTTCAATCTTTGCAGTTCTTTGCGATA
ACGTAGCGAGGGCATTTCATGATAGCATCCAATTTGGACTTCGAACTTTTTCGTATATTAA
>EAGMCA260G_528644
GAATTCAGGTACCAGTTTATTCCACAGCTGTTGTTTCTCAATGCTCTCTTCGGCTATCTATCATTTCTAAT
AGTTCTGAAGTGGTGCCAAGGAAGCAAGCCCGATCTGTACCATGTAATGATTTACATGTTTCTAAGTCCTA
CTGAAGACCTTGGTGAGAATCAGCTCTTCATGGGTCAAACTTTTGTTTCAGGTACGAAAATCTTACCTCTTT
CTGGGGTAAGAAATGTTCTATGTTAA
>EAGMGG485G_1059403
GAATTCAGAAACTTTACATCTTTAACTATCTTAAATATGGGAGGGTGCAAAAACCTCGATACCAATGCCAAA
AGAATTCAGAGACCTCACATCTTTAACTATCTTAAATATGGAAGGGTACAAAATTTGATATTAATGCCAA
AGGAATTCAGCAATCTCAAATCTTTGACTATCTTTGATATATCAGATTGCAATAGTTTTGCATCATTGCCA
AATGAATTAACAACCTCACATCTTTGACTACCTTAAATATAAGAGGGTGCAAAAACCTGATATTATTGGC
AAATGAACTGGGCAACCTCACATCTTTGACTACCTTAAATATAAATGGATGCTCCATATTGATATCATTAC
CAAATGATTTGGGCAACCTCATATCTTTGACTACTTTATATACAAATGGATGCTCTTGATTGACATCATTG
CCAAATAAATTGGACAACCTTACATCTTTGACTACCTTAA

Linkage Group 3 Scaffold 133

>EAGMCA234G_1106806
GAATTCAGCACCATATGTTGCCACCCCAAGTGCACCATTCAAACCTTAAAACCTCCAACCTAAAAAACCC
CTAAATAAACCTAATGAACCTAAAGGGGGTTTCGACGGGGAGCCCAGCATTCTTCTTCCCCACGCCGCT
TGCTGTGCGATGCTGAGCTTTTCGATTGCGATTCTACGGCGACGCCAAGGGCCAACCTTACGAAGGTGTTAA

>ECAMCT353G_71605
GAATTCCAAAGAAAGATAATCTCAATACACTCTTGTGTCACTCAAAAATACTTAGAAATCACTCAAAGGTG
ATAATATATTTGAACTAGAATGGCTATTGCCAAAGATTAGAAAACATGATGACTCTTCAAAGTAGATTGAAA
ATAAGAAAGGAGTTGACAAGAATGAAGAAGGCTTCACTCTTGTCTCTATATATGCTATCTAGTTAGGAGCT
ACGTGGCGACGTTCTATAGGACCTCCAATATATGTTGAATTTGTAAGACACTTGCCTTGAATTACAAGGTA
AGTTTTTCTACATATGGACCACATAATTAGGTTGATCTTCAAGTTAA

Linkage Group 3 Scaffold 158

>EACMG70G_111815
TTAAGTTTATTCATTTGAGATAACCTTGGAGTTCAATATCTCGTGAATTC
>EACMGA107G_251090
TTAAGAGTGGTTCTTAAATTTTCAAAACATTAATGATATGGATGCCATTGTGGCCTTTGCAAAAGTTGGA
ACAAGATATAGTGAATTC
>EAGMGG228G_830246
GAATTCAGATAAGTAGAGGCGAAAGAGGGATGTGTTGACACCTGTGTCACTAGACTATGAGTTGGATCGCC
CAAAGTATCGCGTTGAGCAGAAGCCGCGATATGCATCCGAAGTTTGTGACACTCCAAAGTGAGGTGAGTTA
GCATGGAATGGAAGTATTCATTTTCTTCAGCAAGGCGTTTGTATCTCCAGGCGTGCTTCCCTTAA
>EACMTC227G_872320
TTAATCTTCATGGATGAATTATTAGTTGAATGACAATATTTAGATGGATGTATATATCAATACCTTCCTTT
CAAAGTTTATTTGGTGTAGTATATAATCAATGTTTTGCAAATTTTATCATTTTCAATTTGCTTGTATTAT
CTAACTCAATAGTTTTGGTAGATGTTGGATTTGTTTTATGAATAGATAGTGTAGTATTAGTGAATTC

Linkage Group 3 Scaffold 182

>ECAMCG264G_543197
TTAACGTTAGGGTACACAAATCAATTACCTCCTGAATGTATCGTCTTTATTTCTAATATCTGAACACACAA
GGAAACTATAATCTCTTCCCTTACCTTATTGGTCTCTTCCCTTATAACAATTCAGTCATACAAATAACTGCT
ATTTCCACCAATATATTCACCCTCATAATTTCCAACGTGAATACTGTGCCTTACAGCTTTTACGACACAA
TTACCCTTGTTCCAATCATTGGAATTC
>EGAMGA80G_193061
TTAAGACGACATTTACTATGGCATTATTATGGCTCATTATGGACCTTTTCGCCATCGAATTC
>ECGMGG556G_811208
TTAAGGAGAAGCGTTCAAAGGTTGAAAGGGAAAAAGAAAAAGAAAAAGAGAAGGAAAGAGAGAAAGAGCGA
GAGAAGGAACGTGAAAGAGAGAGGGAGAGGGAAAGGGAAAGGGAGCGACAAGAACGCGAGAAGGAGAGGGGA
GCGAGAAAGGGAGCGGGTAGAACGGGAAAGAGACCGCGAGAGGGAGAAGGAACGAGAGAAAGAGCGGGAAC
GTGACAGGTGAGAGCGTGAGAAGGAACGGGATGAGAAAATAAAATCAAAGTTGAAGAGCCTCGAGGAGCG
CCTGTTGGAGGTGCGCACATATTTATCCATCTGCAAACCTCAGTAGTCGCCAATGACTAAAAGGATCTTGTT
GTAGGGGAAATTTGGTATGTTTTCAGAAGAGTAATAATTCTGTTTACGATGGAACCTTAGGGTGCTCATGTG
ATGTTGGAAGTGGCTTTAGCTGATAGTTACTAAGAATATGAATAGAAAGGTTTCGGGTTCAACCTCAATGGA
AGACCTAGGGTTTAGTCTAGAAAGTCGGAATTC

Linkage Group 3 Scaffold 305

>ECGTCA160G_497731
GAATTCGGGTTCTTCGCGTGAATCGCGACTGAGGTGTGATCGTGTCTAGCTGTTAATAACTCACGCTCTTA
TTGACAGCCACTGGTGACCCCTGCATGCTTCTTGGAGTTTTGTGCAACAGTTATGAGAATGTCTGA
>EAGTCA252G_498584
GAATTCAGGTGGCGGAGGAGGCTGCGGATTCCTTCGCATGAGAACCATATTTATCGCAGAGTGCTCAAAGA
GAGAGAAAGTGCGCCGTGCACCTCGCCACCAATGGGAGGCAGGGAGATACTATGAATCTGGGCGAGAGGAA
CAGGTAACATCCAAGATTACCCCAACGGTTTTGTTTCAGGGAAAAGATAAGATCTCCGTGACAAGCATGCC
CGACCTCAAACATGTCTGA
>ECAMCT127G_260833
GAATTCCAAAGATTGAAACAAGGATAATTATGTGCTGAAAGCTGTGAGGGCACAGTATTACAGTTGGAGAT
TATGAGGGTAAATATATTGGTAGAAATAGCAGTTAA

Linkage Group 3 Scaffold 421

>EACMTC178G_129991

TTAATCTAGTTCTTGCTAGTTCTTCTTGAACCTCTTGTTAGATCTTGAGCTTGTATTTCTGTGTCCGTAAC
ACAAAGGCTACTTTCAAAAAATAGTATGTGCAAAGTTATATTTGGTGTGATGATGATTCTTATTCTCGAAA
AGATTGTGGTGAATTC

Linkage Group 4 Scaffold 42

>ECGTGA59G_820322
GAATTCGGTAAGGTCAATGATGAGGAGTTTTTGATCTCGA
>EACMCG361G_724948
TTAACGGGTTTCTACAGCAGCAGCAAATCCGAAGCTAAAGTGCTGATCGCTGAATTACATTTCTGCAATC
CCTGGTGAGTATGATTTGGGCTGTAGCGAAGACATTGCTACTAGCACCTTCAAATAACAAAAATCACATG
ATAAGTAGGTAATAGATGATGCTCCTTGCATACACCTTATATCTTTGAAGACTGTTGAAGGAACCCCGAAT
GGATTCAAGTCCATGAATGCTAATGGCGACAAGGCATGAGGTCCGGAAAACCTGCGAGCCACTAGTGAAAGA
AGCTCTGAAATTTATGCCATGGCTTCCGAAGATGGCAAGGGAAGCAGTGAATTC
>EAGMTA346G_147600
GAATTCAGCGGCATACATGGTGGCTGAATGTGATCCTCGTTATAGTGATACAAGCTTAGTCTCTGCTATCC
TTTTTCAATCACTTTCTCCAAATATAGTCATAAATACTTCCAAGAATGAGTTCAAATCATAGAATAGTCAT
GAATCTTTTTCCATCAAAGGTGCAAACCAAGAGAGAGCAGCTTCCAGATAGAAGTGTACCTAAGAATCCAAC
TTGAGTAAATCCATAAGGGTATTGGAAAAGATGCAACCTTAAGTAGAATTTAAGTGTACAAAAACCTC
GAAATCTTTATCTTGTTCGGTCAAACCTTTTCAGGCATATTAA
>ECGMTA166G_1986394
GAATTCGGAGATGTTTTTGAAGGAAAAATGTAAATACTCTCCCCGAACATCAATCTTATGATTGTTCAAT
TGATCTACAAGAAAGAGCTCAACCACCGTTCAGACCAATCTATAGCTTATCGCAGAATGAGTTGGATGTAT
TAA
>EAGMCA466G_1787668
TTAACAAGCAATTTTCCAAATAAACTGCAGCTCTTTGCAGACAGAGCACTGAAGGCATCTCCTCCTCTCAG
TATCTGCGTGGCAAGATGCAACTCCAAAGCATCATTTAGAGCATGCCTAATCACAAGGGTGTGAGCAAGT
CAAAGGATCTCTCATGTAGTTGACCCAACAAGTCAGAGCAATATCTTCAGAGTCCACCACATCGAAACCA
AGTGCCTCGTGTTCATTAGACTAGATTGGGATAGATAAATCTGCAGGAAAACATCCAGATTTTCTTCGA
CAGCATCTTACAAGAGACATCGAACGTCGGTTGATGCCACTCGGAACAGAACAGACAATTTTTCAGAAAGC
TTAATAACAAATTGGCTACTTGGAGAGGAGTACTGTGAAGGGCATCCAACCTTTCTTCTTGAGGTACAGGTT
GACGCAAACCCCTCTGAATTC

Linkage Group 4 Scaffold 58

>EACTTC425G_953412
GAATTCACATTGATAGATGAATTTTACTTTCATACATGGTTATTTTTAAATATCAATACTTGTATATGAGT
TGGAGGCAATGAATATGTGCTAAGTGAATTTCTTATGACATAGTAGGTATTGAGTTTGAATCTTGTGTAAG
AGCCATCGTTAATGAGTTCTTTATCCCAGAGGTCATGGGTTGGCGAGTAATGCAAGCCAAAACATTTTCAGA
CCTGCCCGAATTTCAACTGAATGGACCTTTGTTACGGAAATTTACCCAAAGCACATAGTTTTAGGGCTG
TTTCTCTCTGGTGCATAGAAAAGTGGATGAAAGGGCCCCAGCCATGAGATTCATGCGGTGAAGGGAGCC
GATGTCACAACAAATTAATCAATGTCACAGCCAAACTGGCTTTTCGATCGA

Linkage Group 4 Scaffold 75

>EAGMTA294G_1645030
GAATTCAGAGGACAATAAGAAGGTGATATCAGAGCAAAAACCGAAAAATGAAGAGCAAGAATGAACGATAA
ATGAAATTTGGAGAATCCAAGTTGGTATTGGAACAAAAATGGATTCATAATATGAGTCTTAGACGAAAGAA
AAAAAATATATCTTATGGATTGTGGAAGGACAACGGGATGAATTTGATTGAGATTACAAGATATGAGATT
TGAATGAAACAAACTCAAATGCCAGTTGCAGGTGGAAGGAGACAAGGCAGAGTTATTAA
>EACMTC280G_762828
TTAATCATTTGTTGCATTATCTAATGTAGGTTTTACTGAATCGGGTTCTAAATTCAAATCTTCTTCTCCT
CCAATCCGTCCATTGACTCCTTCTTCAACTAGTTTTGATAGATCTTCACTTCACTCACCCAAATTCACGGACT
TGAGCCTCCAATTTCAAGATCTGGGCATCACGGAGTTCCAATTGATGCTAGTGCTGACTCATCTATTCTGG
AATACCTTCAATTGACACTTGTGACTGGCTTCTCATTGTGAATTC

Linkage Group 4 Scaffold 87

>ECAMCT298G_1055940

GAATTCAGAAAAATATAAAATTTGGGGTACCCTCAGGAAAATTATTGGGTCATATCGTATCGGAAACAGGTA
TCGCCACCGATCCGGATAAAAATAAAAATTATACTAGAACTCCAATACCCGATACAGTGACAGGTGTTTCGC
ACCTTTATTGGGCATGTTAGCTATTATCGA

Linkage Group 7 Scaffold 7: see also LG30

>EACMGC180G_466741
TTAAGCTACATACCAATTTTAAATTGAAGTTAATAGTTGAAGAAGGAGAAATTACTACTAGAACATTTGCA
TCAACTTTTAAATTGATAGCCAAGTAACATTTGTGTGGTTTTTGGGTGTTTTCTCACAAATCTGTAAGTTGG
ATTGGAGTGAATTC
>ECAMGG300G_1467570
TTAAGGCCCTGATAGTCTACACACATCCATAGAGATCCTTTTTTTTTCTTCACAAATAAGATGGGTGCTCCT
GTTGGAGATTTTGAATGTCGTATGAAGTTTTTAGCTAAGTTCTCGTCAATATATTTCTTTAGTGCAACTAA
TTCGTTTTGTAATAAGCTATAGATTGATCCAAATGGCGGTTGAGCTCCTTCTTGAAGATCAATTGAATAAT
CATAAGGTCGATGTTCTGGAAGAATATCTGCATTCTTCTTTTCAAAAACATCTTGGAATTC
>ECAMGG241G_644204
GAATTCACACCAATGACAAGCCCCCTACAAATCTCACTATAAAAAGAATTTGTCATGAATTTGATTCTTT
GATTAGCTGTACTATTTTCTTACAACCTAATGACTCCCATATTTTTTGA AAAATAAAAATAAATAA
ATAAATAAAAATAAAAATCTCCCTCTAAAAGGTGTAATTAACCCATACATGTGATAATATCTTTACAAC
CTTAA

Linkage Group 7 Scaffold 30

>ECGMCG244G_2342986
GAATTCGCGCCGCGTGTGGTCGCCAATGCCGAACGGCATCTACTTCTCTACGGAAGTGAATGAGAGTGGAG
GGTGGGCGGGGCAAGATCTCTCAAGTTATGGCCCGATTGACAATCCCGCCGGCTACATCGAGGTGACTAC
TGCGGCTTCTGGCAGCTCAGTGATTATTCTTCTTCTTCTTCTACTACCCTACTTCTACTACTTCTACTTC
CCCGTTAA
>EACMGA452G_751964
GAATTCACAGTGTGGTACTTGCCTTGCCTACTTGGACGAGGCTTGCCTCGTGACACTGTGACGACCAGTGC
TACATCGAAACGTAGCTTCTTTCAGTAGAATGTTGGCATGCCTTCAAGGGTAACGGATAGTAAGGCTAAGG
AGATACCACATTATCATACGACGTCACTTGTCTCTCGTTAGGATCCTTTTTCTCAGAAATATGGACGAGTA
TACCGCGTGATCTGTA AAAATAGCTCTTCTGCTGCACTGCTCTGTATAACCCGGACGCTTATTCCGTGAATT
CTGAAGTCACTGTACGAATCAAGTAAAAAATGTATAATTCTTATAGCAATGTCTCCTGGTCTTTGTAAAGC
AAGAGACGTTGAGTTTGGTCTTAGCTTGCCAACAGCATACTGAAGCAGTCTTGCAAGTAGTGTGATATAAT
CTTAA
>EAGMGG93G_939879
GAATTCAGCAAGAGAATAAGCAGTATTTTTCCGGTGTGAAAAACAGATAAGAGAGGGTCCGCGTCACCC
TTAA
>EACMGG226G_450200
GAATTCACGCCTCTTAGAGGATCTTTCAACAGAAAGGACGTTTTCTTGAACTATATAGAAAACGGAACAAC
TTGAAACGAAATCAAAGCCTCCGTAATTGGTACCTCATTAGGATACACAATCGATTCAAGTCTTATACTGA
GTAAGGAGTCCATGTCAGGACTTGGATTGGATGGTCCCATAATTGGGTCCAATTGGCCCTTAA
>ECAMGG241G_116604
TTAAGGGACATATGATTGAAAGTGTGGTTTTGTGGAAGAATAGAATTACAAAATTGAGCCAAATGCCCTA
ATTGTTACATTGAATACACCATAATCCTACTGTATATCTTTTTGATTCTATAGAAGATAGGCAAGGGTTG
GGATTAGAATTTCTATCTAGTTCAATTAGTTTTTTTTGTGCATCAACTTTATTTGATGAGAGATTTGGATT
GGAATTC

Linkage Group 7 Scaffold 76

>ECGTAC82G_774797
TCGAACTGGCATAACACCCTCCTCTAAAATAATCTGGTGCTCACACACATCAACCCGGAATTC

Linkage Group 7 Scaffold 119

>ECAMCG98G_482431
GAATTCCAAAGAACCAATATCAACCAAATTAGGAGAATAATCTTACCTATTGAAAGAACCAATTTTACAAG
CTCCGTTAA
>EACTGA113G_434613

GAATTCACTACGGATGAGCCTTGGGATGACTTCGCTGAATTTGCTTGCATTTTCAATGATCCATTTAGATG
GAAAGAGTAGGAATGTCTCGA
>EACMTC371G_347271
TTAATCTAATAATACTAAGGTTTTTTAGTTTTTTGAGGGCCAAAAGATAGAAGAATGATAAAACAATGGATAG
GCTGAGCAGAAAAGAAAAGAACCTGATTGTTGTTGTGGTATTGAATTGTCCAACCGCATGGTCTTATTGTG
GCTGGGCATCTTTTTTTTTTTGTGAACAAATGCACCTCTAATCTTGACAATGGGTTCGATTTTTGCTTCTTGGGG
CAGTTTCTAGCTTTGTGGCCTTCTTTACCGCAATATAAGCATAGTCTTTTTTCCATACATTGCTTTTTTTTC
TTCTAGAGTTAGGAATTTGATATGTTTGACATCAATTTGTATGTCTTCCATCTTTGAATGTGAATTC
>EGAMGC404G_818772+_790433_inverted repeat
GAATTCGACGTGAGCCTCTCCCATGACTAGTGATCAAAAATCAAAATGTGGCACTAGATTATATCAAAGCT
TGCCTGCTCTTTTTTTTCAGTGAGAAAAGATAAAGCTATTGGGAGCAAGATTGTGGGTTTTCTAGAGGTACA
ATGATCATGATAGACGATTCTATTACTACGAGCAAGGGTTCAGGTTCTCATGTTGGCCATAAGTCTCTAGC
ACCAGACCCCTCTTGGTCTCGAGTATGAAGCAATTGAGATGCTCTAAATCGAGTAAAAAGTAGATATCAT
GACTTGGTTACCATGCCCTTCTTAGCCATTCCACGTAATTATCCAAAAGCAAAGGCCATGCTTGACTTTC
GTCGTAGTTTTCTGAGGTCGGGCTTAA

Linkage Group 7 Scaffold 304

>EAGMCT521G_84842
GAATTCAGCACTATAGCACACATGTTTTACGTTATTACCTGCCATCTGGCACCGAAAACCTCTTCCAAACC
ACACCAGTTCTCGTATTAGTTCGTTTCAGTATTCTGGACAGCCAGTGAATCTCCAAAGGGCCAATTCATGT
CACATGGGAATAAAATACTGCAGAGAGGGCAGAGAGGGCTTACCAATTGCAGCACATCGCCTCTGGTACA
CACCTCCAATCCTCCTGCATCGAATTGTGCAGTCTATTGGGGACTCTCTCCACCACCGCGCAGGCTCA
CCCTTGGATCCCGCAACTCCGTGGATGACATGTGCTCTTTTTGGGTTCCGTTTCATTTCGGTTGTGCATGGGCT
GTTTTTGAGTGGATGGCGTTTCATTAGTGGCTGAGATTGTAGATACCTTCACGTGTTTTCTTTTTTTCTTTC
TTTTGGTACAAATGCAGAACTTTTCATTGCTGGGAGTAACCTACACAGATCCAGGCTGAGCTAGAGTTAA

Linkage Group 8 Scaffold 57

>EGAMGA530G_1564003
TTAAGAGTTGTTCCCTACCTCTAATATAATCACCAAACATTGGAGTCTCTTCTAAGGTTGTAATACCAAATA
TGTTGTATCTTGCCATCTATTTCGAGGAAGGACATGTTGTTCTTGAAGATCTTCATCTCAATTTTGTCTCT
TGAAGGTTGTGACAATTGCAATGTTTCATTTGGTAAATCCACAAATGAAAGCTCTTCAGTTGAATATGCTG
ATTATTAGTTTTCCATCTCCTTAGTATCACAAATATACACAAGCTACAAAGAAAAGATAAAAAATAAATTAT
TATCTTCCCTTTGATCTTGTCTTTTTATAGTAAAGATTTGTTATTCTTCATCTTAGTTTTGATGGATTTTG
TTGATGAAAAGCTTCAACTTTCTTTGCTGTATTTACAAGATTCTTTGATGGCTCCCATGTGCATTCACTAA
TATCATATCTTTGCTAATGAACAAGATATTTCAACCTATTTTGGCATTACCTTGAGTCTAAGACTTCTTCC
ACCTCGAATTC
>EAGMCT123G_1355845
TTAACTGCTGCATGCATCGTTCCTTGTACACACAAAAACAACAACAACAAGTGCTTGCTGTCTCTCCGT
CTCTATTGCTGTGCATCTTACACTGAATTC
>EACTAG358G_142420
TCGAAGGGATAGTAAGGTAAACTGTGGCATAACTGACTCACTTTTCCCTCCGAGTAATAAAAACTTGCAAAA
TTTCTATCGCACCTGCGGACACTTTGTAGACGAACATCACATGTCCCGTCAATATGTAATGTGTTTACACA
CTGACGTGAAGAATAAGTACCAGACAATGTTCTTGTGCCGAGAAACGTATCACTTCTCACGTGACTCAATA
GAAGGTGCATAGCGTCAACAAAATAGTTGCAGAACTTGAAACGAAAAAAGTCTGGATCAAATGGGTCTTCC
CTCTGCCATGTGGAATCCCACCAGACAGTTGAAAACAGGGTTGTGAATTC

Linkage Group 8 Scaffold 129

>EAGTTA428G_921248
GAATTCAGATCATAAAAAGAGTCAAGATTCTTTTTCCAACAAAGATGCAAATCAAGAAAAAAACACTCAAA
TAGAAGTACACCTATAAATCCAACCTTGAGTGCATCTATAAAGATATTGAGAATGATTCAACTTTAAATAGA
ATTTTTATTTATTGTA AAAATCTTTGAAGCTTTGATCTTGTTCATCAAAAATTATGTATTACAAAACTTAG
AGATGCAAGATTGTACGCCAAGATGGAAAAGTGTGATTTTCACTACTCAAGTTGACTTTTTTAGGATACA
TCATTTCAAATGATGGTCTCATGATGGATTCTAAGAAAGTCCAAACAATCATGGATTGGAAGATTCCAAGG
ACAGTAAGAGATGTCCAATGTTTTCTTGGGATTTGCCAATTACTATCGA

Linkage group 9 Scaffold 8

>ECGTGT303G_2982677
TCGAGTGGAGAGAGACTGTTATGAGCACCAACGCCCTCGGCAGGATGGAATGTGCCCGGAGATGATTTGCC
TATCAAGCGCCTACAGTGGTTATGTTTCGCACTGCATCGCACGTCCAAGGCCAGTGCTACCCCATTGTCAC
AGATGGACGCAGTGAAGTAGTTTGCGAAAAGCGGCTGAGGTCTTACGGCAACTGATTTTCTAGTAAATCCT
TTCGTGTCTTTGCGATTGCCAATATATTTGTCGTCACCGTCATCTTGGAGGAGGCATCTTTCGGAATTC
>ECGTGT305G_2982677_Variation
TCGAGTGGAGAGAGACTGTTATGAGCACCAACGCCCTCGGCAGGATGGAATGTGCCCGGAGATGATTTGCC
TATCAAGCGCCTACAGTGGTTATGTTTCGCACTGCATCGCACGTCCAAGGCCAGTGCTACCCCATTGTCAC
AGATGGACGCAGTGAAGTAGTTTGCGAAAAGCGGCTGAGGTCTTACGGCAACTGATTTTCTAGTAAATCCT
TTCGTGTCTTTGCGATTGCCAATATATTTGTCGTCACCGTCATCTTGGAGGAGGCATCTTTCGGAATTC
>ECAMCG60G_2582538
TTAACGTTGAGGTCTACTTGTATGGTTCTCAGATTGGAATTC
>EAGMTA319G_1301076
GAATTCAGAAGAGGTTCTACAAAAACAGGAGGGTGTACTGAGGACCAATTGCATCGACTGTCTAGACCGCA
CAAACGTCACTCAGGTATACGATTCTGATTTAACTGAATCCATATATTTTTGCCTGTTTCAATTAATTCAACA
CTGTTATTTTTTTTTTTTTTTGTGGAGGCATGCTCGTTTTGTACTTTGGAATGGAAAAGTCCGTCCACTTAGG
AATGAGTAATCCCAGGTTAAGAAAGACTTGCTTGTTCGTGTATCCTCAACGTGGAATTAGAGACTTCAGTT
GGTTATTAA
>EACMCG342G_2523935
GAATTCACCTTGTAAGATCCATGATGACAGAAGCTCTCGCTTCTAAAAAGCATTTCATAGCTCAAACCTCCT
GAATGAGCACAATGTCTCACAAAATCAGCTCCTCAATTCACAAAACCTCCACAATTCAACATCTGGCACCA
CTACGACACCTCACAAGCAACACAAAACCTCTCCAGCAACCTAAACAATCAACATAAGAGAACACAATTATC
GCTCCACAGCTTCCATCAAACCATGCAATAGCTCAAAAAACCTAAGACAAATATTCACAGGACCCCCC
CCCCAACTAACAGTAGAAGCAGAAGATTCACTCCGTTAA
>ECGMGT131G_2784713
TTAAGTTATGGCTCCAACCGTTACTATCAATAAAATGACTCATTACTACCTTTGAATTACATATGTTGTC
TTCAATGCCCTATAACTCCTTCATCTAAACTCGGAATTC
>EAGTTA336G_653995
GAATTCAGCAACATATATAATAACTGACTGTGATCCTTATTGTAAGATAAGAGCTTAGTTTCTACTATTC
TTTTTTGATCACTATCTCTAAATATAGCCATAAAATACTTTTTAAGAATTTAAATCATAAAAAGAGTGATGAAT
CTTTTTCTATTAATGGTGTAAACCAAGAGAAAGCACTTCCAGATAGTAGTTCCCTTATAAATCCAACCTGA
ATAAATTCATTAAGATATTGAAAAAGATGCAAGCTTAGATAAAGCTTGACTTGTGTCAGAAATCTTTGAAA
TTTTGATCTTGTCTATTAAACATATCGA

Linkage group 9 Scaffold 62

>EACMCC149G_1697951
TTAACCAAATTAGGCTAATAACCTTATGATTATACAGCTCTCAGAACTGTCAAGCACAAAAATAAAATAA
AATAAAATAAAATAAAAGTCGGATGCGCAGATGTGTTTACCTTCGTCAGTGAATTC
>EAGTCA292G_1344639
GAATTCAGCAACATAACTCAACTCTGACACGCCTCTCTGGGGTAACTGTGGCACAAGTTTGGGGGAAATCA
CACACTGGATCTGACAATGTGAACACATTAGTTTACGGAACCCAATGGATATGGGACTGAGTTTGGCTGGAG
GACCGGATCAACGTTCTGTTGAGAAGGAAAACCTGGGCGTAGTTGTGGAGTGATAGCTGTGATCCACAAGC
ATCCTGGAATATCACAGCGCACTCAGCGGTGTTGGCTGAGGTTGTGTGGTTGTCTCGA
>ECGTAC209G_818128
TCGAACATTTTGGCCATGTTTTACACCTCAGCAGGACTAGAAGGTGGAAGGATTGTGCGCGGTTAGCTCA
ATTTGACTTTGGGTCTGTAAAAATAACTTAATGAGAGAATTACTGGATGGATTGTAGCAACTTGGCTGTTT
AGCCTCAAACTTTCCAGACTCTGCTCTAAAATAGGTCGGAATTC
>ECGMTA167G_902301
GAATTCGAGATATTTTTGAAAAAAGAATAGAGATATTCTACTAAAGTATTGACCTTATGATTATTCAA
TTGATCTGCAAGAAGGAGCTCAACTACCATTTCAGATCAATCTATAGTTTATTGCAGAATAAGTTGGTTGTA
TTAA
>ECGMCC475G_107184
TTAACCAATACTCTAAAGATGATGGATTGGTTGAAGGCCAAAGTTAGAAAAAGAAGATAAGATGAGTGATTT
GGAAGAGCTTCACTATTGCTTAGGAGTGAATTTGTAAGAGATCGTGCTAACAAGACCATCACAATGAGCC
AAAGGAAGTACATTGAAGGAGTGTGAAACGATTCAACATGGAGGATTGCAAGCCATTGGAACACCTTTG
GAGTCCAATTTGAAGTTGATGAAGCTCACGGATGAAGAGTTTGACAAGTTGAAGGCCAAATGTAAGGTGT

TTCATACAAGGTAGCAATTGGATCACTCATGTATGCAATGGTTGGCACAAGGGTGGATCTTGCTTATGCGG
TGAGTGTCTGTTAGTCAATACATGACAAAAGCAGGACCCTTCATTGGGCAATCATCAAGAGGATCATGAGA
TACTTGAAAGGTACTTCGGAATTC

Linkage group 9 Scaffold 114

>EACTGA537G_284829
TCGAGAGCTTGATTGTCTTTACACCTTGAGAAGCTGTTAGGGTGCCTCCTAGTGTATTGGGGGTGATTCCA
CATGCCTCTATTAGGGTTTTTGCATTGGGTTTCAGCTTATTGACTGTAGCTCTCAGTTCCTCATCTACCGT
AGCCTTGTGTGTTAAGTCCAAGTGCAGGTTTTGTTAATGTAGTCATCGGTTTCTGTCAAGCGCTTTTGTA
GTAGCTGTTTGTAGTGTGTGTAGTGTGTAAATAGTTGTGCCGTCTTCTCTCGGTTGAGATCAAGG
TCTTCTAGGCCTCAGTAATAGGAGTGAGGATGGATTGTGGTTAGGTTGGTGTGGTGTAGACTCTGTG
TTCTCGGTCCTTTCATCTATGATTTTCGTTCCCTCAGGCTAGTGGGTGGGAGACTAGAGCTGGTCCACTATCA
GATTGTGCTCTATGGTGTATCGGGGACTGTCTCTAGGTTCTTGGCTGTATGTGTACTACCTTAAGCTGTA
ATTTGCGCTGGTTGTGAATTC
>EGAMGA86G_389362
GAATTCGACTTGAGTAGTATAGAATACATACTTTTTTTTATCTTAGCATAGAGTCCCGTATCTCTTAA
>EACMCG69G_198148
GAATTCACTGAGCAATTTTTTGTGTCCGAATTGACTTGCCGACTGCGTTAA
>EGAMGA232G_142757
TTAAGAGTTGTTCCCTACTTCTAATAAAAATCACC AAACAACGGAAGTCCCTTTCAAGGTCATGATACCAAAC
GCGTTGTATCTTGCCATCTATTTCGAGGATGAATATGTCATTCTTGAAGATCTTTATTTTCGATTGCATTGTC
TTGAAGGTTGTGACAATCATAATGTCTCGTCCAACAGGTGAGCAACGAAGGCTCTTGAGTCGAATTC

Linkage group 9 Scaffold 134

>EACMGC198G_813200
TTAAGCCCAAAGAAAAATAGGAATATATCCACCAAAGAATATAGCATGAATTCAATTGAAAACAAAGTGAT
ATTTTCTCTCAAAGAACTTGTGTTGGGTATTTGGACAATACTCAATTGTTGTAGGATTTTATGTATTA
GAAGATATCAATCAAATTCATAGAAGTGAATTC
>ECGMCG121G_803950
GAATTCGGAACATTGCTTTACGGTGCCCAGAATTTCAATCTATTTTTAGATTTGAAAATACCACGGTATT
TTTTCGAGGGTATAGAAAACGATCGTTAA
>EAGMGG277G_145589
TTAAGGTTGCAACCTTTCCAATACCCTGATGGATTTTTCAAGTTGGATTCCATAAGTGCACCTTCTATCTAGA
AGTGCTCTCTTAGTGTGACCTTTGATGGAAAAGATTACGACTACTCTATGATTTGAACTCATTCTT
GGAAGTATTTATGGCTACATTTGGAGAAAGTGATCAAGAAAGGATAGTAGAGACCAAGCTTGTATCACCAT
GACAAGGATCACGTTTAGCCACCATGTATGCCGCTGAATTC

Linkage Group 10 Scaffold 18

>ECAMCC120G_2696473
TTAACCCTAATTCTCTCCTCTTTCAAACCCTGGCCTCTGAATTTCTTCAATCTTCCGTCTTGGATCTGGAA
TTGGCTCCTTCCGTCTTGGATCTGGAATTC
>EAGMTA431G_1016425
GAATTCAGATTAGTTAGAGTGAAGTCTGTTATTTCTAGTGTGGATGGAAATTATTATGTTTTTAGTGGTA
TTTTGAGAGTGCAGGGTTACACACTGTTGTTATTAGTTGATGAAGGAGTATTGTTACTAGGAGAAAGTATC
ATAGTATTTTTTAGTATTTTAGTGTTCGGAATATAGTTAATTATATGACCCTAACAAGTAAAATTCATGC
ACTTAGTCTTTCTTATATTTGAATTTTCTTACACAAGTTTATTTCTGAAAGAAATTTGTAGAATAATTTAA
ATGACAATCACAGTTATACTTTAGAAATGTCAAGACTACAAAAAGTCCAATCTATTTTAGGGTTATATTT
TTCTAGCCATGATAAACCTAAAATGATTGGATTAGAACGAGGTCTAATGATATTA
>ECAMCT367G_305381
TTAACTTACACATACGATTGTGAGGACCTTTTTCTTAACTATTTACGTACTTTTTACTCTGAAAGTAGCGT
CTAAGCGGTGCTTTTCAATTTTGTGTTCTTTGTGTACAGGAGCTGAAATTCAGAATTGAGACAGTCAAGAAAGA
ACAAGCAGCCAACACCGGATGTGCCAGCGAGAACGCCAGAAATGAGGAGCTTCTGAAGATTTTGAGAGATA
TTGTGACTTTTCATGGAGAAATGGTTCTCTTGGAGAACTATAGCTCGTTGAATTATATAGGTAAATCCTTA
ATGCTATAAAAATAACATGCCCCCCCCGGTTTTAAACGTAGGCGGTGTTTTTTTGAATTC
>EACTAG159G_677022

>EACTTC339G_1377551
TCGATCCGAGAGTCGTACACGGGAACCTCAACATTATTACTCAATGGCAACATCAGCATCTTCGTCAAACG
TACATTGAGAGTAGAAGACATGTAAATTGACGCGGACTCCTTGACCAGTTGAATCAAGCTAAGATTTATA
CAAAAATAGATCTAAGAGGAGCATATAATCTAGTACGAATCAAAGAAGGAGATGAATGGAAGACTGCGTTT
TGCACCAGGTACGGACATTTTGAATATAATGTCATGCCTTTTGGACTCACAAATGCACTAGCTGCTTTCCA
ACATCTCATGAATGATGATTTTCGTGAATTC

Linkage group 10 Scaffold 196

>ECAMCG364G_276523
TTAACGGGTGGAAGGTGTGGAGAAGGAAGGGAGTTTCATTTGTGCGGTGAAAGGATTGGAGGTGAAGAACG
GAGACCTAGTTGGTGGCGAAGGAGGAAGGGGGGCGGTTTAGGTGCCTGTAGAGGAGCGGTGAGTTATGTTT
TTGAGGTGTGGGATGCGGGTGGCGGTGATTGGTTTTTTGAGCTTGAGGTGGGTTTGGCGGCTGGTAGAGGG
TGGTGGCGATGAACGCATTGTTATGTGGAGTTTGGTTGGGTTATTGGAGTTGGTGGGGTGGGTGTTATGGA
GGGGCTTTTGAATTAGGGGGCGGTGAGGGAAGCATTGGACAGGCTCGGGCGTTTGAATTC

Linkage Group 11 Scaffold 12

>EAGMCA596G_1077745
GAATTCAGACTGTCTCCCGAAGGCTTCCTCTGATGACTTGGAGCTGCCCTTCCTGTGATAACCACCGGAAG
TTCCTCAGTGACCACCACGGACGGTAACAACCTCCAATCATGTGAAGATCGCATCACATGTAAGCTGAAA
CCGCTGAACCTATGCTACTCCAGATCCTAAGGTCATCCGTTGCTGGACACCATCATTCAACCGTAACACACG
GTAGTGAGGAGGCTATAAGTAATGTACCTGTAATGAAAGGCAGCTTCGTCATGTTTGCTTGGCCAGTCTGC
GGCTTATCCGCGGTGGTGGAGAGGTTTTTCTTCAAGCGAGGGGAGCAGCGTATCGAGATGGCACAGCTGA
GAACTGCTTCAGTAGGCGCGTTACATTTGACCATCCGCGGTGCTCTTTGCTGTTGAGAGGTGATCCTGGC
TGAAACGCACCAGAACCAGGTTGAGGCTGAAACTAGGAGCAATTCGTAACAAATCGAAATGTAACTCCAC
ATACCTCTGCACACTCAGACGGATTGCGCATCTACCTGGAATGAACTGTTTGGATTGAGAGAGTACCTCT
TGTTAA

>EACMGT127G_2362572
TTAAGTGTGTATTTGATGGCAAAGTAGCAAAATATTTGAAAAGAATGAAAAAATTCAGATCTATTATAG
GTTGTCTTTCTTTAGTACTTAGAGAATGTGAATTC

>EAGTGC349G_831561
GAATTCAGAAAAAATCACTACCCAGCACATCTTCAATGACACCTTCCAACCTCAACGTGTCATTTGAATAG
AAACAAGAAGCGCTAGAATTGCATTCAAAAAAGAAAGAAAGATGCTTCTGCCATGTTAGATTATCA
CCACCAACCCAGTTGACCACCGCAACTTTAGCTACTCCAATGCGTCTCCGCAATATACCTAGAAAAGAAAA
ATTTGAATGAAAGGAAATTAATATTGTAGTATTGTTGCTGCATCGCAACGTTAGAAATACTAACCCTTGT
TGTATCATAGCAAAAAGAAGAGAAGGATTACAAATTCAGAGCTCGA

>EACTGA508G_830904
GAATTCACAATTCGTGGATGCACAGCTTCAATGTGGAGGTCTGGTTGCAATGCACACCGAGCAATAATAAAA
ATTGTAATAATTTGAAAGTGCCTTCCTCTCCAGTGTCCACTTAATTGAAGCACTTTTTTATTGATGATCAA
AATTACTCTATCAATGGTGTAAATAAGCTCACAACCACCCGTTATTTTGTCTATCTAAGGTTCTCCACTTG
CTTCATAGAAGCCTATCTTTGATGTCAAATGTGTGTTAAATTTGCTTTCCCAATTGGATCTGCTCCTACGT
ATGCTCATCGGAGTCAAAGACTGTTAATTGTCTTTCAATACATTAAGTGCACAAAGTGAACAA
TCTCTTGTGTGAGGAATGTAACAAACCCGCTCATAGGCCAATCATGGCCTTGCTGCTCAACTAAGTTCTAA
ATGAGCCTCTATAATCAAAGATGATGTGCAGATGGCTATAACCATTTCTCTCTCTCGA

>EACMGT136G_830904
GAATTCACAATTCGTGGATGCACAGCTTCAATGTGGAGGTCTGGTTGCAATGCACACCGAGCAATAATAAAA
ATTGTAATAATTTGAAAGTGCCTTCCTCTCCAGTGTCCACTTAA

Linkage Group 11 Scaffold 71

>EACMGT596G_559169
TTAAGTGGCATTCCAAGTCAATTTCAAGGAGTATCAAGACGTTTTTGAAGAAAGAAAGATGCAGATATTCTTCC
TGGAATGATATGAGTCCATAAATTGTCCATATGATTGTTCAATCGACCTCAAGGAAGGAACTCAGCCACCA
TTTGGACCAATTTACAGTTTATCGCAAGATGACTTGGCTGAACTCAAGACATATATTGACGAAAATTTAGC
GAAGAATTTATACGCTATTTCAAATCTCCAGCAAGATCTCCAATTCTATTTCGTAAGAAAAAAGATGAAT
CTTTACGAATGTGTGTTGATTATCGAGGACTCAACAAGATCACAATCAAGAACAAGTATCCATTACCTTTG
ATATCACGACTCCTTGACCAGTTGAATCAAGCTAAGATCTACACAAAAATAGATCTAAGAGGAGCATATAA
TCTAGTACGGATCAAAGAAGGAAATGAATGGAAGACTGCATTTCAAACCTAGGTATGGACATTTTCAATATA

ATGTCATGCCTTTTGGACTCACGAATGCACCAGCTGCTTTTCAACATCTCATGAATGATGTATTTTCGTGAA
TTC
>ECGMGG281G_1035
TTAAGGGACTTGAGGGTGCCAATGCCAACCTGAATGTGATTTTTCACTTGGATCATCGTCGACGTAACCTCTT
ACACGTATCGATCGCTACTAGAAAGTGTGTACCCCTGGAACAACTCGTTGTTTCGTACCGGATGACGGAT
CCGTTACGTCAAGGCTGAGTCGATCACGGTACAACTGGAGATGTTTTCTGACGCAAAGGAGAAGACGAAG
CCTACTACCATCCTTCTGCCAGCCACTGCTGCCGATTGCGGAATTC

Linkage Group 11 Scaffold 92

>ECGTGT113G_512867
GAATTCGGCAACCCAGACTCACGACACTAACTTACTGTACTCTCGGGGTCGTCGGGGTCTCCAGAACCCTT
CCGAATCACCCGGGACTCGA

Linkage Group 11 Scaffold 100

>EACMGT203G_100039
TTAAGTTCGATGTTGTCTTTGGCGTATTGGTGTAGCATTTCCTTCCAATATAATTTGATGCTCACAACTTC
AGCTTTTATTGGGGTGATCATGGTTTTATTGGGGCGATCATGGTTGTATGAATTGGGTCAGGTGCACCAATT
TCTTCTTTTGTACACTCATCTTTATAATTCGATGTGAATTC
>ECAMGG160G_612289
GAATTCGAAGTTCGAATCTACGTAAGTGTGTTGAACCTCCGAGATGACGACACTTCACAACGTTTACGTCTGA
AACTTTTCTATTTCTCTCCCCCTTTCTCTTTTTTTCAACTTTTTTTCTTTTTCTTTTGTGTCCTTAA

Linkage Group 11 Scaffold 121

>EACTCC43G_646502
TCGACCTGCACGTGGATGTGAATTC
>ECAMCG180G_317722
TTAACGTGAGTTGAGTGTGAATATTCACCTTTGAGGCTCCTTTTTCTTTCTTTCTTTGGTTATGAATGAAGACA
TTGTTGATATAGTTTTATTATTGATCTATAGTTTTGTAACTTATACAATTAGGTGAGCCTTGATCCAATATT
TCATAATTTATTGGAATTC
>EAGMTA208G_402814
TTAATAATCTATTTAATCCAAGAAAAATAACTAAAAGTTAAGAGTGAAATTAATACTAACTACAAGATT
TTTAGGAGCAATTTAAAGACCCTTTAGCACTATTCTTCAAATCTTGATAAAATATTTAACTAGCCAAAAT
TACACATAGACAAGCACTTGCCTATAGAGTAAGAACTCTGAATTC

Linkage Group 11 Scaffold 162

>ECAMCC207G_828128
GAATTCCAAAGCTAATTTAGAGCTTCTTTTAGAAATGCAAGGCTTTTTCTGTATAATATTTGTTCAAATTTA
GGGATTGTATTGGCAAATTATGATTTATGCAATACAATTAGGGCTACCCTTTGGCTAGTTTTATAAAATT
GGTGTCACTTTTATGGTATAAAATTTGATAATATTTGGTTAA
>EAGTCA176G_37080
GAATTCAGCATTACAATGCAATCTGTTGCAGTGATGTTGATTTATCAAGATCGGCAACAAGGACCCAGCAG
TTACTCATAGATCCCATCGCTGCTGTGAATGTTGCTAGACATCTGATTCAAGCTTCCCTAAATGCTCATT
GGTATGTGTCGA

Linkage Group 11 Scaffold 251

>EACMGC421G_20384
TTAAGCATGAGTGGAGGGACTAGGGTTTTTTGAGTTCAAGTTAGGCATATAGGTATGTATGCTATTTGATT
ATCATAGCACAGTTTTCTGCACTGTTGGCCACTGAAAATATTTTTCCAGTTGTGTTATTGTCTCATCATT
TAAATATTGTTGTTTAGGATGAAGTGATATTTAGTAGCTCCAATTGAGAGAATTGATTTACACAAAACAT
GGAACATGGAGAGAAGAGACCTTGCTATAAGCTTGAGTTGGATGGACCCAGTTGGCAAGTTACAGTCGATT
CTTGGACTCACGTTTGGCGTTGGTGGAGCACTAGTATGGGTGTTGAGTAGAATCTTATCAATTTGTAGATA
TATAGCCAAATTAGACTTATCTTAGAATACATTTGGGTGAATTC
>ECAMCC467G_949
TTAACCCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACCCTAAACC
CCTAAACCCTAAACCCTGGGGATAGGATTTAGGGTTCACGCATTCAACAATTTCTTTTGGAGCCCGCCGA
GGTCGTTGATGTCCAAGGGTGAGTTTTCGGGGTTTTCGATTGCAAATGAGGAGTCGAGGATCGAGGCGGGG
AGCAGTGAAGGAGGCTTTTATGAGGAGGCAGGAAGAGAGCAAGTCGAACGGACATGCGAGGGTTGAAGTTG

AAATCCTTTTCTGACTCATGCCTACATAAGCTGTTGTAACATAACCCAGCAGAAAGTCTAGTAAGAAAAT
CTACCTTGCTAATTGCTTCGCTTAA
>ECAMCT297G_410124
GAATTCACAACAATTTGCTGTTAGGTACTTTTCTCCGCAAAATGTACATTGATCCATTATTTGTGAGGGTGA
GGGGCATTCTGTTACAGAATGACCATGGCCCTTACAATTACTGCACCATAACATTGGTCTTAGTATTGGTAG
GCTTTTGCATCTTTTCTTATCTTTGACCATATTGACAGCTATTTTCTCCATTTTCTTCGTCAAATTC AAT
ACAAGGTTTCATTGGAATCTTTTAGGGCTGGCATTATTGGTATCTTTGCCATAGTTAA
>EAGTAA69G_513938
TCGAAAAAAAACAAGGACGCTCTTCCGTGACCAATGCATGGCTGAATTC

Linkage Group 13 Scaffold 44

>EAGMCA392G_480651
GAATTCAGAACGGCAACACATTTGGAGCCACTGCGTTTACCTCATACGGAGCCTTCTGGCTTTTCTACGC
TGCGATTCTCATCCCCTGGTTCGGCGTGCACGACTCTTACCTAGGCGGCTACGAGCGCGACGTGGCGCCCG
CGATCGCCATCTTTTTACTCGGTTGGACGATCTTCACTTTTATGATGTGGTTTGGGACGTTGCGGGCCAAC
GTCGTATCAGCGCCTTGTTCGCTTTTTTACAATCACTTTTCTACTGCTCACCATCGCCGAATACAAAGG
CGCAGAAGGTCATCGCATCAAGCGGGTGGACCAAAATCTCTCTCTCTCACACATACACCTTTTTTCAG
CCCATATTTGTTAA
>EACMGA251G_605264
TTAAGAAAGAAGGATGGAGGCATATTAATGCTGCAGCATGTAAAATGCATGACTCCACATACATGTAGGT
AAATTTGTATGAAGGAGGAGTGGTTGGATAATGAATTGTATATGCTTTATAAATGACTCTACAAGTCCATT
TTGAGTATCTTCATATGGAAAACAATATGTCAACTCAATTCCTATTGTAGTACAATAGTCTTCAAAGACT
TTGTTGTGAATTC
>EAGMCT367G_734554
GAATTCAGAAAAAATCCAAAAGATAATATATTGGTGTATTATAAAAAATTTAAAAGACAAATTTAAAAATAAA
AGATGTAGATATAAAAAAAGATAAAAAAAGTGGCTATTGCCAAATACATGAACTAAAGAGACTTGAAT
TAAAAGAAGAATATTTAAAAGCCATTGATAAGACTAAAGATAGCTTCATTTTCACTTTTATACTACATAC
TAAAAGATATTTTGAAGCTTTCTAAGAACCATGGGCTTTGTGGCCAAAGGTCAATTTATAGTTTATTTT
GAGTGTACTTTCTAAAAGTCAAAAACATCAAGGCCATGAATCACTAAGAACCAAGAGTTAA

Linkage Group 13 Scaffold 400

>EACMGA251G_101826
TTAAGAACC GGACGTAGAATCAATATTTCCGGTCATTGAGAATGGATCCCTTTTCACTTCCAACCCAAGT
ACTTCACAAATGGACTGGAGTAGATGTGCATTCAACCTCATGGCCAAGCGTTGTTTACACACGGGTTTTTC
ATGCACTATATATCGGAGAATCCGTGTCATAAAACTAGTTGTGATCACGTTAGGACATCGTTGACACTCAA
ACCACATGTGAATTC
>EACTAG175G_174327
TCGAAGAAGAATAAGACTCCAATATTGTAACAAAAGAAGTATCAGTTTAGAGGAGGGTAATCCGCAACCTC
TTAAATGCTAGTGCACCTTCAAGCAGAGGGGTAATCCACACTCTAACGAGGAAGAACTAGCTCTGATATC
TGAGGTGAATTC

Linkage Group 14 Scaffold 31

>EACTAG360G_843454
GAATTCACAACACTGACTGAACAACCTCTCAAAAGAAAAATCAGAAGTAAAACAAAACAAAACAAAACAAA
CAAGACGCCTACACGACAAAACCCCTAGCGAACTCACGCCACGCAAACCTCACGCCACATGGCACCGCAC
AAGACCGACTCAAATCCAAACTCCGCCAACCTGAGCGAGTACACAGCGACCCAGCGTCTCTCTCTCTCTCC
CACCCAAACCTTCCAAATAGATCCAGGACATCAACGAAGCAGTCACCTGGAATTAGTAGCTTGCCCTTAGT
TGATCGGTGCTAGTAGCAGTTCCTTCTCATCCTTCCAAAACACCCTCAACACTTCGA

Linkage Group 14 Scaffold 39

>EGAMGC549G_925823
GAATTCGAGCCTGCTTACGATGGTCAACCAAAAGGCGTGTGTTGTAGGACAATTTACAATGAAGACACAGA
AATTCATGCTTGGTTAGAAGTCAAGGCGTGGGCCACTACCGTTGGCTTCAAGGGCCAATGAACCACTTGC
CTTCTGAACAATAGTTGGAGTTCATAGTAGACGTTATATGATAGATCTTCATTTTCTTATGTTGGTACTGA

GTAACAACAACATTACTTTTCAGAGATCTCGAAGCTAAAGGAGGGGGTGTATTAGGGACATAGTCCTTAGA
ATCTTCTAGAGACAAGTTTCTAGAACCTTCTAGAAGCAAGTCTCTGGAACCTTCTAGAAGCTTCTTAGTTG
ATAGAAATTACTTAGGAAGCTTCTTAGTTGGTAGAAGATGTTAGGGACATAGTCCTTAGAACCTTCTAGAG
ACAAGTTTCTAGAACCTTCTAGAGACAAGTTTCTAGAACCTTCTAGAAGCAAGTCTCTAGAATCTTTTGA
AGCTTCCTAGTTGGTAGAAGTTGCTTAA

>EACMGA402G_907507

TTAAGAGTGCAAATTAGGAATAATTACCTCAAGAAGACGAAAGTTGATACCTGGAAAGGACCGGTTATGAA
CCAGGGTCGAAATCAGACCCTGAGGCACAAAACCGAGTCTCGATGACGACTCCGGGATTCTTTGGCAGATC
GGAGAAAAAAGTTTGATAGAAGATTGAGTAGGGTTTCTATAGGTGTTGATTTTGGGTGATTTGGATTTGTA
TTGACTTTGAAATAGCTTTGCAAAGTAGAGGTTTGTGGATGACTTGGGTTTTATGAAATAAAATAGGG
TTTTATGTTTTGAGTGATTTTGGAGTTTTGTTGCAGATCTACGGGTGAATTTTTTTTTGTTTTATGATTATA
GTTTTTTGCAATGCATATTGTGAATTC

>ECGTGA362G_1792070

TCGAGACAGATGATACTGACATCAATTCGTTTTTTTTGTTTTTATCACAACCCTTATTTTTACAATAATAATA
ATAAAAAAATTGTAAATCAAAATGTTTTTTTTAATTATTTTTATTGTTGTCAAGCAAAGAAGAATAAAAAAT
TGAAGTATTTTCATGAGCACCTAGAATTAGAATTACAAATTCTAATTTTCATGTCCAGATAGAATCTCCATT
ACGGTCAGAGATTCATTTCCGCCGACGTGGCATGACACGTGGCTGCCAGAAACATAGAAAACCTGTCCACAC
CAAACTCACCGGTCGGAAGTATACGTATATGAGATGAAAAAATACGGAATTC

>EAGMTT579G_1944165

TTAATTCCTTTGATAATCCTTCCCTCCATGACTATTATTCATAATCTTCCATTCTTCTTTACAAAATCAATA
CTGTCTTGAATTATACTTACATATTTGTGATCTCAAACTAGTTCTTTTACGTTCTCATTCAACATATA
ATTCCATCTCCATACAATCAATTTCTAACATTTTCATATTGTTATTATTTTCTCAGCAGCGACGCCAAAAT
GTTATTTTTCATTGTATTCAAGCTTCAATATACCAAAGCAATTGAACTAATAGAGGTGGATTCGAACACGGA
GAAAGATTGGTTGTATAAATTGGGTTTGTAGTATCACAATTGACTATATTCTGGCTATCTAAAATCAAGT
ATCAAACTATAAAACACCGGGGCTTACAACCTCCATCTTAATTCACCCATTATCCATTCTACGATTATCA
ATTCACAATACTTCTTTATTCTTATTCGTTTCATCCTTCACTTACTCTCTTTGTGGTTTTATATATATTCAA
TTACTGATCTTCCGCTTACTTATTATATTCAATTTCTCAATTTACACCCTGAATTC

>ECGMCA271G_284731

TTAACAAAGAAGCACCTGAAGAAGCATAACGTGAGAGATTGGCTTCGCGTGATAGCGTCCAACAAGGACAG
AAATGTGTATGAATTGCGGTACTTCAACATCGCGGACCAGGATGCCGAGGAGGAGGAGTGAGGCCCAATTT
TTCGAGTCCTTCGATATCAAGAGTGCGACTGAGTTTCTGTGGCCATTTCTTTTACGTTATCCACAAGGA
TCCTTGACTTCGAGTTTTATTTTTTTCAGCTGTGCGGAATTC

Linkage Group 14 Scaffold 138

>ECGMTA118G_514863

TTAATATACCCGAAGGATTCGGAAAACCTCGCTTATGTTAGTATTGACTGGAAATCTCCGCACGATGTGCA
CCATGTTAGTGCCCTCGAGACGGAATTC

>EACMGA402G_196702

GAATTCACATATTTTCTAGTCATGGATTCAATTACATTTTAAATATATTTTTTGAATGGCAATTCATGCTAC
TATTGAGATGTGTCTCATAGATGTGATAAGTATATATTTATATGATTCTTTGATGTAGATATTTATATCA
AAGTTCCACCTAGTTTGGAAATAAAAACCTCCATATGCACCCACTCCAAGTTAATATCATGGTATTAATA
CACAAGGCCCTATATGATCTAAAACAATCTAAACATATGTGGTATCAACATCTCTAAGATTATTTAGTTAC
AAATAAGTTTATAAGTGATCCACTAATTCCTTATTTCTTCATCAAATGAAATAAAATTGATTTTGTGATCA
TCATTATAGATGTTGATGATCTTAA

Linkage Group 14 Scaffold 364

>EAGMCT163G_148642

GAATTCAGAAACGAAGCCATCGAGTAGTTGTAAAATGCTGATAATTAACGTTAGCCGACATGACACCCACC
CCACAGAATTATCCTCCGCGAAATTGATCGTTCCGGCGGTAGCAATGACCTAGGATATATAATGCTAGTTAA

Linkage Group 15 Scaffold 24

>ECAMCC379G_1874548

TTAACCAGCGGCAATTCATCACGAAGCGGCAACTGAAGGGATTGGAAGATTGCACTGACATTTAGAATGAA
TGGCATCAATGATGTGCCACGTAGGATCGGAATAATTGGTATGGAATCCAGTTCTGACGAGAGAAAGGTTT
ATTGGCGGAGAAGTTTGGATTGGATGTTTGTGTTTTATTTGACGTTGCCTGGCTCAATAATAAGTTTCAGGGC
CCCCTTTTTGTTTCTCCACTGCCAATCAACCACATTGTATGTTGCTTCCAGCTGGCGTGGCTTCCCTTGCA

CTGAAGCATTTCAGATTGTCAGCAGAGCATGCGTTCGTTTCATTCTTTCTTTCTCAGCATTGCTGGAAT
TC

>EACMCC373G647226

GAATTCACCATAGTGAAGGAGTTGCAGAGCCCTTGAAATCCTCTAAGGAGATGAAGTTCAACCTTATATC
AAACCCATGAGATGAGAAGTCCAACCAAGTTCTATTGACACAATGCTTGTTTTGTGAGCAGCTTGGTTGTA
AAGAGGTCAATCTCACAAGGCATAAGCAAAGTAGATGGTGAATGTGAAAACATTTTCAATTTTTTTTTGTGT
AAACATTATTATAGTGCATATGAAGTTATAGCATAACCAAAGCATGGATAGAATATAATGGCCTTCCAAATG
CCTCAAAGAAACAATTCTTTGATCAAGTGAATTTCAAAAACATCCTTATAATTCATTTTGAGGTTAA

>EAGTAA136G_674845

TCGAAATGTGACTGCAGGTCTATGAGTAGGAAAAAATAGCAAGCCTCCAGCCTTGCACATGCTATGTCAT
GAAGGTCCGACAGTGTATAATTAACAATGAATCCTGAATTC

>EAGMCT332G_522281

GAATTCAGCATTCTGTCCAAACAGATTAGAATGATTATCGCAGACAACAAGACACCTAAGATGCATATGCG
AAGGTGAGGTTGTAACTCATCAGGGATGTGTACATCTCAGCTCCAACCTACTACCGTGGTTGCAGAATCT
CACATGTCCACAACAACTGTGACTAACTCACCACGTGCCTTGCAGCGGCCCGAGGATAAGAAAATATAC
CACTGTAGCTGAGTTTTCAACGACTAAATAAGTTTTACCTAAAACCTGGACCTAAGGATCGAGCTCTATCCCC
ACTTCCGTATGGACCATGCCCAGTTAA

>ECGMCC307G_1344766

GAATTCGGACTAAGCATAAACTTCCATCTCTTCATTGTGAAAATGCCTTGCAAACACTCCTTCGGGAAGAT
CATTGTAGGCAGGTTCTACCTCAAACACAATCACTAGCGACTTATTACTAGGTATTCTCCGTGCTCTTTGT
GGTACAGGCGGTTTTTTCATTGGGGTTCGTTTTTCGTGAGATACTCGGTTGAGAAGACATGACTGGTATGGTAT
CTATTTCTTGGCTATCTATATCAAACCAAAAAATATAAGCACTAAATATGAAAGAATGGACTCAGGTTAA

>EACTGA359G_1252649

TCGAGATTCTAAGATTCTTCTAATCCACAACAAAATAAAATTTTCATCACAAAGTAGAATAAAAATAGACCAT
AACAAAATAAATAGAATAAACAGAAATATGACACAAAAGATAAAAGTTATGCAAATGAAAATAGAACAAA
CAAAATTGAATAAGAAGATACAAAACCAAACCTTTATTAAGAGAGAATATTCAAAGTCATATTTGACCAGAT
GCCTTGGCTAGTCTTATTTCTACTTTGTTTTATCACCATGGACTTTTTAGAAATGTTCTTAGATGATGGAGT
CCATTTAAATAACCACCCTAAATTTCTTTTTGGATGTTTTTTGGTGAATTC

>ECGMGA409G_202263

GAATTCGGGCTATTAGCTGGTGGTCCAATCTCAACCTGAGATTGCTAGGTTTTCGATTTCGATTGTTAGGGG
TTTGCATTGGAAACTGCAAAGAATTAGAGACCCTCAGTGTGTTTTTCATGAGGCATGTGCTTTCTCGAGTGG
GAAAGATTGATTGAAGCAAGTGAATCGATGTTTTTCTGATACTATGTGACAGAGAACTCTGAACAGACTT
CTTATTGCTTAGTCTTGAGCGGATGTATGACTTGGAACTCCCGCGTTTCGATTGCTTTCTTGAAAGCAATTT
GTGCCGAGCCCTGAACACTCTCTGGATGGTTGAATTTTTGTCTCGTCAATTTCTGGATAAGTCCGAAACA
CCTCCCTGAGACTCAGCTACGTTCTTAA

>EAGTCA408bG_321758

TCGACAATTTTGAACAACCTTCAAATTTTTTTAGAGGCGTTTGTAGAAGCATTGGCGAACATGATAAGGC
GTGATGGGCTACAACAAAGATTTGATCACTACAACAAGGGACATGCTCTATGTTAATCTATGCATCAGATT
TTAGACAAATAGCATGCAACATCAATTGGAACGAGGAAGTATTGATGAGTCAATTTTATTGGAACCTTGAAG
GACGACGTAAAGGATTTGTTATTATCTTTTTCAATCTGCAAATGCTCAATGAAGCCATTAGCCAAGCTAT
GAAGTGCCATAAACACTTGTTCACATCGCCAAGACCAATACTCAAGACAACATATGGCTCACTACGCTC
TAACTATGTGCAACAACCTGAATTC

>EAGTCA187G_2200202

TCGACATCCCAGTTAGCACGAAGAAGGTGGTGAAGACCTCAAGGAGGTGGTCGGGAACAGCGAGGAGGAG
ATTTATGCCATGCTCAAAGAGTGAACATGGACCCAAACGAAACCGTGAACGGCTGTTGAGTCAAGGTAC
GCTCCGAATGCGCGCCTGAATTC

Linkage Group 15 Scaffold 29

>ECGMGG495G_2478243

GAATTCGGCCTCATCACCTTGATCACCATTACTCCGAACTGAAACAGCTGGCTTGCTTCAGTAACAGATC
ATTTGTAGCACGAGAAACAACCCAAAACCTGCAGTTATCAGTGAACAAGACTCCTGCACATTCAGAGTCTA
GGTACCCTCGTTTTATCCAAATAGCCGAGAAGAATCGGGTGCAGATTTTACAACGAATATATCAGCTGTT
GTTACAAGTCCACTTCATTGACGACGCTACTACCACAGAATCCAGCATGTGATAGAAACGTCAACATTCCG
ACTAGGAAGATTGTCTGGCTCGGAACAAGGAAGAACAAGCACACTGGTGCAAAAACACAAGTGGTTCGAGGCA
TGTAACGCCGAACCTCAATCAAGTTCGCAGTATCAACCATCGCCTGAGGGCCCTCAGGCGACCAAGTTCGACG
GAGTAGGGCGAGCCACTGTTGCTTTTCGTCAGGATTCCTCGTCCTTAA

>EACTGA329G_2205820

TCGAGATCAAAAACCTCCTCATCATCAACCTTACAGACTTCTTCAGCCATTATCCATTCCGAAACAACCATG
GTCTTCTATTTCTTTGGATTTTCATCATGAATCTTCCAATCTCACATTCTTATGACTCTGTATTCGTGATAG
TAGATCATTTTATCAAGATGGCACATTTTGTACCATGTACAAAATCTATCACAGTTGAAGAAATAGCTAAG
CTCTTTCTTTACAATATCTATTGCTATCATGGATTATCCAAGGATATTATATCACATAGGGGAATATAATT
TGTATTAAGATTTTGGTGAATTC
>EGAMGC135G_1840739
TTAAGCTAGGTACGTGAAGTTTTATTGATTACTAGGATTTTGAACCTACTGCTTCACGCCTGTGTTGTTTA
CTACGGAAGTTGCAGAAATCTTTCCCCCAACATTATCGAATTC
>EACMTC359G_461004
TTAATCTAACAAGACAGTCAGTGGATACAAGATCGTAAGTACAAAGCGGTATCGGAGATTAGCAGATTGGA
TTGTTCCGGGGTCTTTGTAACGTCTAGAGACCTACCGGCTGGGACAAAAGGACTTCGACAAGTAGTCGAA
GGCATCCGTATAGATTTACGATGTATTCTTGCAGTCGTTTATATTCCAGCAGTCAAAAATTGATAGACTG
CTTGACTATTGGCCAATCTCTATACTACATTCTACAGCCAGACGCTCGGCGCGTTCTCGAGCAGGAAAGCA
TGTAATACGACACCGCATCAATTTGCATGTCTTCTACCTCTGAATGTGAATTC
>ECAMGG184G_431967
TTAAGGCATTGTTGATACAGACAGAGTGACATAGAAAAACAAATCCATGAGACGAAATACCAATTGCGAA
GGCATCCGGACACTATTGCAGGGTGTAGTGATAGAGAACGACCCAACAAAGGTGGTGCCGCGATTCTGCGC
CATGGATGTATTGGAATTC
>EACMGC315G_1840739
TTAAGCAGTGTGCCAATGATGACAAGTTCAAGGTGGAGGGAGATCTTTTATACTTTGAGGAGCGGTTGTAT
ATCCAAAAGGACCAGCACAACTCTGAGTTCTTCAATCTCGCCACGATTTTCCAACCTGCGAGATATTTTGG
ATTCAACAAGACCTTGGAAATTTATTTCTTGAGATTTTTGGTGGCCCAAATGTGGAAGGATGTGAAAGATT
TTGTCATCTCCTGTGACATCTGTTCAAGATTCAAGAATCCTCCGCATCGCCCTTATAGACTCCTATAGCCA
TTGTGAATTC
>ECAMCC477G_511611
GAATTCATCTTATACCTGAATTCTCTAAGTAATAATATCCATTGAGTTATATGACCATTCAAATCTGCCT
TGTTGACTAAGTATTTGATGGCCATATAATCAACAAAAAAAATACCACCAAATTTAATAAAAGTTAATGTT
AGAATTTCTTCATAGAAAAGACTATGGCTAAGTTTTTTTTTTTTTTGTTGTTATTATAATTTTATTTTGTCTATA
TTTAATTTTTGCTAGAAAATATAATAGGATAATCTTCATGCCACCTTTTCATTAGTTGACATAATATACT
ACCTATTACTATGGATGAAGCATACAATAGATATAGAAGGATAGATCTCAATTAGGCAATTTTTAAAATAA
AGTAGGAACCTAATGTTGTTTTTATCCAATCAAAGGTTTTCTTGACAAGAGAATGAATCTCTTGTCTATTTA
ATCTTAACCAACTTCTTTTTGAGGTTAA

Linkage Group 15 Scaffold 220

>ECGMGT156G_424629
GAATTCGGCATTTGATCATATCCTCGGCAATTTGTTGAGAAAGCTCCCATTTGCTGCCCCGCGCCGTAGCACC
TTCAGCATCACATTATAGGTGTAGATGTTGAGATTGAAGTTCTGCTCGGCTTGCAACCACTTAA

Linkage Group 16 Scaffold 14

>EACMTC333G_726067
GAATTCACAACCTTGTATCATATTACGTGCTTTTCTGTTTAAAGAACGTGTCGGGCATCTAGCTGTAGAAGGT
AGTATGGAGATTTCGCTAATATTTAAGCAGTCTATCGGTTTTTACTGTTGGAATAAAAACAATTACAAGAA
TATACTATAAATCTATACGGATGTCCTTCGACTGCTTGTGAAAGTCCTTTTTGCCCCAACCGGTAGGTCTC
TAAACATTACAGAGAACTCAAAACAATCCAATCTGTTAATCTCCGATACCACTTTATACTCATGACCTTGT
ATCCACTGACTGTCTTGTAGATTAA

Linkage Group 16 Scaffold 177

>EAGMCA196G_885714
TTAACAGATGCTAGTCATGAGCTGCATAATTCCTCAGTTGTATGTACAACCTTTAGGTTTCTATCAAATATA
TAAATTCTGTTAGATTACAAACCCTTCAATCTAAACTAACGCTTTCCGAACTGCAACTCAGAAGCCACAAC
CAGAGCTTGAAAGCTTTGGAAACCTGAATTC
>ECAMCC111G_551662
GAATTCGAAGACAACCAACAATTATAAGGTCAACAATGGAGGCGGAGTATATGGCAGCAAGCCATGGTG
CAATGGAGGCAATATGGTTAA
>ECGMGT119G_601535

GAATTCGGAAGCCATCAAACCTGACTCACTCAACAAGCTCCAAACCCATATGGAAATGGGAACATGCATGA
AGAAGGGAAACAGAGAGATTGCCACTTAA
>EACMGG215G_642662
GAATTCACCTTGCTTTTATATCAAGAAGTCCCTTTCTTTAAATATTTGTAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAA
AAATACAAGAGAGCCAAAATTCTCCTAAAGAATCTTTATATCCCCTTCCTAAGATGGTTGCTCTTCTTTTC
TCTAAAATTTTCCACCATAAATCCTACCTCTAAATCTTAAATCCTAAACCTTAA

Linkage Group 16 Scaffold 195

>EAGMCT95G_846495
TTAACTTTACAAAAGAATCACAAATCAGCCACTATATATGCTACTGAATTC
>EAGMCA196G_817844
TTAACAGTATTCTGAACTACTAAAATATTTAAAAATACTACAATGCTTCTTCCCAATAACAATACTCCTTC
ATCAATTGATAACCACAATGTGCAACCCTGCACTCTCAAAAGACCACTCAAAATTCATCCAACACTAAGAA
TAACAACTTCACTCCAAGCAATCTGAATTC

Linkage Group 17 Scaffold 167

>EACMGA167G_508093
TTAAGATAAGTCAATAGAAAATTTTAGAGGATAACACTATTTATTCTATATAGAAAAAGTGCCTCCATC
TTATTTTTTCTACTTAAATCCTTTGCATGTACTTTTAAAATTTTAAAGTCACTTAAAAAGACCTTTGTGA
ATTC

Linkage Group 18 Scaffold 116

>EACMGG132G_1132736
TTAAGGATCAAGTTTTGCTGCCTCTGCAATGTGCTCCACTAGCAGATAGTACATGCACGCGGATATATACT
CTTTGAGAAAATTTCTACAGGGCATCATAATGTGAATTC
>ECGMTA237G_1177113
GAATTCGGATCTGAGAACCGTACAAGTGCACCTCAACGTTGTTATAATTCAATGGCAACACCTACACCTCT
TCAACACATACATTCAAAAGTAGAGGATATGCAAATTGATGCAGTACGTTTCAAACCTCTTATTGAGCAAG
AAAAGACTCGTCGTCGTCGAAGAAGGATTATGTTTATATTGTGGAGAACCAAAGCACACTACTCAATATTAT
TAA
>EACMGA230G_91605
GAATTCACCTTAGTAATTTTTTATATTGAATCTACTATTCTAGAGTGGAAATACTATATATTTAAATTAATACTA
TATTATAAGATAAGAATATAAAAGACAAGATTAATTGTAGTAGTTAATTTTCTAATTTGACTGAACCATGG
TAGGGATTGGTTCAAGCCTTGTTGAAATCTAAGATATCTAAGTTTATAAAAAAGTCTCTTAA
>EACMTC144G_1109153
GAATTCACCTAATTGTGAAAAATAACTCTTAAAACATTTAGATGTTGACTCCTTTTCTTCTTGTGCTAAAT
ATATATCTACTATAATCATTACCTAGGTAAGTAGAATTAGGTAAAAGAAGATTAA

Linkage Group 18 Scaffold 169

>EAGTCA519G_154496
TCGACAACACATCTCTTGGAGTTCTAGCTCACCTTTCTGGTGTGTTCTTGTATTCTATCTGTTTAAATCTAG
TTCTGTCACTTCTTCTTAAACTTCTTGTTAGATTTCAAGTCTGTATTTTGTGTCCGTGATAGCATCACACA
ATGACAATGGATCAGCAATAAGAGCAACGTTTGCATATTCTTCACTTACTTGAGGGAAGATGTGATCCTTC
CACCATTACCATGTTGCCTTCTTTCTTTCAAGGGATATCTCCTTTCACTTATAAAAGAACATTACCTTG
TTGCACTTTATCAATCTTCTTCTCTTAAACCTTGTGTTTTTCACTTACTGTTGGTACTCTTCTATCGT
TATCATATCCAATCTTCAACATCTTCAATTTCTTTCAATTGTTGGTCTTTCAATTCTAGGAGCCTTCATC
TTTTCAACCTTCTTTGGCTTTTTCATCTTTCATCATCTTCAATTTCTTTCATCTTCTTGTGTCTTTGCTGAAT
C
>EACMGA230G_333272
GAATTCACATCAAGAGATAAACATCTTAAATTAAGTGCATTGAAAAGCAGTACTTCACTGTATGGCTTGCA
TAAATCTATTATCAATAACAAACACAATAAAGAATTGCAAATACAAAGTGACAGTCATTTGAACTATTGCT
TTCAATGTGGCAACCCTGGACATACTATTGATAAATGCAACCAAATTCGTGAATATTGCAAGTGTCTTAA
>EACMTC144G_568005

GAATTCACAAATTTTCGAGATTGCAATATTTTTATGTGATGTATTTGGCGATGCTCGTTTGGATGAGAAAGTC
CTTCTTTTGCCTTGATTGGTAAAATCTTTGCTTTTTTGGGGGGGATTAA
>EACMTC138G_568005_Variation
GAATTCACAAATTTTCGAGATTGCAATATTTTTATGTGATGTATTTGGCGATGCTCGTTTGGATGAGAAAGTC
CTTCTTTTGCCTTGATTGGTAAAATCTTTGCTTTTTTGGGGGGGATTAA

Linkage Group 19 Scaffold 69

>ECAMCT199G_1511401
TTAACTACAAAATAAAGAGGTAGATTGTAGGCTTCAAATCCAAATTTCTAATTTAGCACGTCTTTATTTGAC
AAAGAAGGAATGCATGAAAAATTTACAAAATGGTAGAATTTGTTGGTTATTTACTCAACCTTTTGTAAATA
ACTTTGATACAAAACCTTCTTGTTCCTTGGAAATTC
>EACTCC399G_976642
GAATTCACATTCAGAGGTGGAAGACATGCAAATTTGATGCAATACGTGTCAAATCCATAATTTCTAGAAAAAA
AAAAGCGCTTATGGAGGAAGGACTATGCTTGTATTGTGGTGAAGAAGGCCACAGAGCAAGGAATTGCCCC
AAGAAGCAAAATTTGACGCATTGTCAAACCAGAGGCATATTGTCATGTTGTAACATGACTACATGGTGAAA
GATGATAATATGGATCTTATTATAGAAGAGCCAAGTTAAAAAAAAGGTAGAAAAATATGGATAAAAGATAG
GAAGATAGTAAACTTTTAGTAGTAATGTTGCCCTTTTAGAAAAAATAGCTTCTACTTACTTTGTAGGACC
AAAAATAAAGCAAAGTAAGGTCTGA
>EACMTC377G_1664097
TTAATCAAATTTAAACCAATCCAAAAGAAGTTTGAAGAATTTATGAAAGAAATATAATAAATCATAAAT
TAATCTTAAAAAAAATTTCTAAAGAAATACTAAAAACAAAAAACCTTAAAGAAATAATAAAGAATATTTT
TAAAAAATAAATAAATAAATAAAGAAATAGAAATTTCTAAAAAATACTAAAAATATTAATAAATAAAT
AAAGAATCTTTAAAAAATAATAAAGAATCTTGAATAAATAAATAAATAAAGAAACCTTAAATTAATCCTAAA
TAATTCCTAATCATAATTTAATGCAGTCTATAAAAAATCCTAAAAAATCATAAATAATCCATGTGAATTC

Linkage Group 20 Scaffold 188

>EAGMTT151G_50698
TTAATTTGGAAAAAATCTAATTTCAACAAACATGGAGAGTGACATTCACATTTCAAGGAATACCTGAATTGTA
ACTCATGTAAAAGTAGATGAATACAAACACTACATGACACCTCGTGTACTCTGAATTC
>EACTAG272G_14283
TCGAAGAGTTAGCTTCAAGCTCTTTTTAAGGTTACTAGTTCGGTTTCATTGGAGTTTTTTGAAGATCAAGA
GGATTGGAGAGGAGCTTCATGCTTCGGGTCGAGGAAGAAAAGATGGAGAATTGGATTTTTTCTTCTTCATAG
AATTTTGGAAAGACTAAGGCAATCGTTGCTAAAGTCAGTGTGTAATAGTGAATCGGGATTTTTTAATGAA
GTAGGTTTTGATTACTCTTGACTGTTTTGTGAATTC

Linkage Group 20 Scaffold 273

>EAGMGG217bG_330223
TTAAGGTCACACAATTAACCGTATTTCAAACCACTAAAATACCAAGAAACACTATGATGCTTTCTCCCAAT
AAGAATACTCTTCATAAATTGATAACAATAATGTGCAACTCTACACTCTCAAATACTGCTCAAATAACA
ATAATTTCCATCCAATACCAAAAATAATACACTTCACTCTAACAATCTGAATTC

Linkage Group 21 Scaffold 149

>ECGTGA127G_172881
GAATTCGGTATTGTCTCCTCGTTTTGACTGTCGTGGTGACGTTTGGGTGTTAAAAAGTTCAACAAGGCGCA
CTCTTTGTTCCACGATAATGTGCGCAATTCTCGA
>ECAMGG56G_347558
TTAAGGGGGTGGCCAAATTTGAGAGACTCAATGGAATTC

Linkage Group 21 Scaffold 159

>ECGMGA123G_142075
GAATTCGAACCACTAAAACACCAAGAAATACTACAATGCTTCCCTCCAGTAACAATACTCCTTCATCAAC
TGATAACAACAGTGTGCAAGCTTGTACTCTTAA
>EACMCC558G_429888

TTAACCACCTGTGCTAACCTCAGCACAACTCAGTGCTCCGGTCAGCTCCACAACAGAGCCAAATACAATAA
TGCATTATCTCATGGGCAGGAGAAGACCCAAATACCATCCTCTCGACAGATGAGCGAGATCCACGAGAACC
CGCAGCCAACACAGGATTTTCGGTGAGGCACCTGCTTTTCAGCCTTTATGGAGGACTCCGCGCAACAATGCGA
ACAAGCAAACCTAATTCCTGCACGAAGGATGATACCCGAGGTAGATACCATGGTAAAAAAAACACAGAAT
GCGATAATTTGGTAATGAAGTCTGGATATACCCGCCATGGTATCTGCTTGGCTTGAAAAGACAGCTCGCT
GCTGAATCCTCCGCCACTGTTTTGGTTGTGTTTTGTGTGGGATGTGAGGGGCATGGTGTATGTCGATTTGTG
CCTCTGAATTTGGCTTTCTGCTGTTTCAAGTGCCTGGTGGCCATGACGTCTGATAGCGTGTGCTCCTGGA
CAGCCACGCATCAAATCACAAGTCCAACGGTGAATTC

Linkage Group 21 Scaffold 217

>EAGMTA375G_455640

TTAATAATTTTTTAAAGTAATCTTTTTTCTGGTTTCTTTGATTAATTCATCTATATCAATTTTGAATATA
TTAATAAAAAATATCTAGGATCAAGAATTGCTCCAAAAATACCTATATATATATATATATATATGTTATCAT
ATATTTATGTATATTTATGTATATTTTTTTCATAAGTATTGTCACTATAAAAAAATGAATGACAAATCTTGA
TCCTTGATGTTCTCTTCAATGCACAACATCTACAAAAAAAATAACAAATCAAAAAAAAATCAAAAACCA
TGTAGCAATTTATGGACCAATCAAATAATTACGTACCATCACAAAAAAAAGTCGTTCAATTAAGTGAATTC
C

Linkage Group 21 Scaffold 256

>ECGTGT221G_208374

TCGAGTAAAAGAAGACTAGAGGAGAGCTGAATGTTCTGGTTACAGGCTTCCTGCTTTTTCTGACCAAGGA
CGATGAGTGGCAAACATTCATTGCCAGTAGCCACAAGAGTCTCCAGAAGAAATATTCTTACAGACAGAAAC
TTTGTAAAGGGTTAATCGCCACTCTAATGTTAGAAAACCTTTCAGCATCGGAATTC

Linkage Group 22 Scaffold 2

>ECGMGA373G_1033182

GAATTCGGCAAAATGGAGGAGAACCCTGAGAAGATTCCGGGAGAGGTGCGTGTTGCAGATGGTAGCAAATCT
CGGGTGCCAGTTCGCAAAGCCTGCCTCTCCCTCCATTCCGGTCAGCTTTTTTGTGCTCATCTCCTCCCTT
CTTTCACTATCAGGGATGGTATCTAATTAAGCACCTCGTGCTTTGTATTCTGACGCCCTGCAAGTTGCATT
TCCCTGCCTTCGAGGTCCACAATCATCGTCTTCAAACCTGGGTTCACTAGTTACCTCCTCGTCGCCAGAA
CGCGTCATCACGACATTCCTCAGGCACCCATCACCCCTGCCACTCCTATAACCTCCCTCTCTTAA

>ECGMTA445G_3764784

GAATTCGGTAAAGTTTGGTAGTAGATCTACAAATAAAATTTTTAATATTTTTGTGGGTTTATATGTATTTAATA
TATGTTGTAAGTTTGTGTTTGAACGAAGGGTTGAATTGAGGATTATTGAGGTTTAAAATGGTCAAAGTATT
GGAAAGTAGAGTTTGGTGTAGTAAGGGTTTCTAAGCTTTCTTGCAATCTACTAATTGGATTGAAGTGGGA
AATTAAGTGTGTGGGTAGTAGACTTGTTTTTCTACTTATAACAAGAAATTTGAGATTAATTGAATGGTTTGA
TAAGGAGATATTGGCACTGGAAATTTAACAATTAGATTGAAGAAGTAGGCCGGCCAACATCCAAGCAAATA
TTAGAGTTGATCTTCTTTTTTGTGAATTCATCTTCAAAAATTTTTGTACTTATTGCCAATTAATTATTAA

>EAGMCA493G_1648617

TTAACATTGTGGATGGAGAAGTACCAATTTGCTCGAAACTGCAGCCGCAGCTGCTAAGGCTGCTCCTGGT
CTCGACATTATTCGAACCTGCAACTTGACCTTCGGACTCCAACACCAGTTTTGGTGACCTAGACATTTTC
GTCCTGTCTAAAAGCACATGTCCTCTTTCAACAGCGACAGACTCCAACTTGAGTAATCCTTCGATCGGG
TCTCCACGAAGTTAGCACTGCACGAATCCTCTACAAGACTAGACATCTCAAGGGAATGCAAATGCGGCGAT
GCATCCAGTCCAGAAATGCCTCCATTTGTAACACTTTCATGTCCAAAAGAAGCTTGACTCCCAAGCAATGA
GGCATTAAAGCCCTCAAAGACGCTAAGATTGTGAAAATGGAACATCATTATTAAGATCCGTTGAATCGA
TTATTTGATCAAGAATATTGCGTTCAAGCTCGGATATATCTGAATTC

Linkage Group 23 Scaffold 102

>ECGTGT487G_352942

GAATTCGGATAAACAATCCGTAATCAATGTAATATGGTCTCTTATCCCCGATATCATGGCAAGTCCGAATAA
TTCAACCATTTTCTTCTCGGAAATCCGATTTAATTCATTTTCATGAACATAACATCTTAAATACCTTGAAA
TATTCCTTCCATTAAATTGATCAATTTTATTGACCATTGCTTGCAATGCTTTGGTTGTGAAAGCTTCCTTT
TGATCATTGCTTTGCTGTTACTGCATTGATAATGAAAAGACTTGAAACATACTAGCAATAGACGGATCCAT
GTGCATACCTTATCCTTTATAAGAACCCCCACCAGAACTCCTCCCAAAGATCCTTCAAATTTTTTATTTT
CATTCTCCATAAAAAATAAAAAATAAAATAAAAACAAAATCCAATACCTTCCACCTCAAGCTTTTCAGTGCAT
TTACCACTTGTATCGTATTATGTGCTTTTCTACTCGA

>EACMGG116G_112132
TTAAGGAGCCTTTTTTGGCACTTCTTGGCACATGGAATTGTTGTTGGGCAGCACTAGCCATGTCAAGCTTA
CTTCCCAAATTTAGTGAATTC

Linkage Group 23 Scaffold 247 (SSR_849 identifies 2 possible scaffolds)

>ECAMCG241G_175280
GAATTCATGAGGAGTGGTCTTCATATATTGAAAACTTTATGATGGATAAATTATATTTTTTACATACTC
CGATTTGTGTTCTCTTTGAAGATGATTGATAGGCCCTCTTGGCCATCGATTATATCTCATACTAAGGCAAA
GAGACCACCTTATTATTTGGTTGTTGTGGCGGCCTTCATAACTTCCTTCAAATAAAAATATTTGAAACACCG
TTAA

Linkage Group 24 Scaffold 15

>ECAMCT208G_542960
GAATTCATTACAAATGATTGTCAACAGAAACATGGAACCACCTATACCACTACATTATTATTTTTCTTTTG
AAGACACCAAATGCACAACAGAGCAGCCAGTTTATGCCACCAATCTAGAGCAAAATGACACGTTACTCTAC
AGGCTCGTCATATGCTCATAAAAACCTTCACTTACAGCGTAGTTAA
>EACMGT123G_800056
GAATTCACATGTGACCCCCAAAACCTATTTTCATTCCCATGCCGGGCAGATGTTCAAATCTGCTTCAGTATG
TTTGAATACGGCACTCTGGTTCTCGACTTAA
>EACTGA117G_800056
GAATTCACATGTGACCCCCAAAACCTATTTTCATTCCCATGCCGGGCAGATGTTCAAATCTGCTTCAGTATG
TTTGAATACGGCACTCTGGTTCTCGA
>EAGMCT313G_1343826
TTAACTTCGACCGCAATCGTAGTTACAAAATATTAGTGCATTCTACTTGTGATAGACCTCGACTGCAGCTC
CAATGATAAAACACTTATTTGGAATGGTATAGATCTGTGGTGAAGAATCAGCCATTTCCGGAATGGAGGGT
AAAGGATCTCACACATCAATACAACAGTGCAGTTTGCAGACAATAACGGTTCGTGGAGTCTGATTCCTGAT
GCTCCAGGTGGTATTTGCGTGACCTTGCTTGATCTGGTTATACATATCGGTGAACCCCGCGCACGAAGGCT
GAATTC
>EAGTCA162G_2809181
TCGACACGTTCTTGAGCAAGAAAATACGTAATATGACACCGGAACATCGTCCTTGTGATTGCTCAATTGAC
GTTCAAGAAGGAGCACAACCGCCATTTCGTACCAATCTATAGTTTATCACAAAATGAATTGGCTGAATTC
>EACMGC332G_1122455
GAATTCACACATCTGAAAGGAATAAGGTACGGTCTCCTCTAGGCCAGTGAGACATGGAATCTTTCAAAC
ACGAGCATCGGCCATCAGTTCCCACCGTATGCTCATATGTCAACAAATGATGCTGAGGTTGTGGAAGA
TGGGCGATGCAAAGCAAAGAGGCCTGAAAGCAACTCCCAGGTTCCGGAACCTAACATATTTGAAGGGATA
TTGATTTATCTTCAAGGGAGAATGATTTGCCGATTGGGCCGTTACACGCACATGAAGAGCAGATAGGAGT
GCGGAGTGATTCCTTGATTGCTTAA
>EACMGG165G_1562252
TTAAGGATTTTTTTAGTGTCTTTTTTTTTAAAATTATTTTTATTTCTTTGATATTTTTTATGAATTATTTA
TTGACTCTTTTTAAAATTTCTTTAGGATTTATTTAATATTTTTATTTTTATTTCTTTGATATTTTTTGTGA
ATTC

Linkage Group 25 Scaffold 278

>EACMCC454G_406588
GAATTCACGTCGATCCAATTGATTGAACCATAGTAAGAAGTAGTAGGGGAGCTCTTGACAGTCATCATGTT
TTCTTTTGTGCAACATGATGTCTGAGAAAGCAAGAATGGAGACCAATTGGAAGGAACGGCAAGAACGG
TTGCAGGTAGAGGTTGCGATGTTGCAGACTAACTAGCTGCATTAGTAAAGAAGGCCAATAATTTAGTATG
GACCAATACGCCACTTTCAACGACAACACCTTCGGAGATATCTTTGAAACCTACAGAAGAATGACATAAGA
TGTTGGAGGAATGTGACAACCAAACCTGCCCGACTTGAGTCTCAAAGACGGAAATTGGATTTATTGAATGAA
GATCTGACAACGCGTTTGGATGGAGAACCATCGAACACTGAGGCAGACAACGAAGATGTAGTAGAAGAAAA
GGTTAA

Linkage Group 28 Scaffold 53

>ECAMCC222G_21194

GAATTCCAGGGGAAAGTTATTCTCAGATCCTCACTAACC GCAATCGACCTCTACTCGAGACGCTTGAGGCA
TGCTTAGCCGATACGTACTTGAATGTATACTATGCTTTCCCTTGAAGCGGATGCTGGTAATTGAAAAGTAG
CTATCCAACACGATGGACTGGGAAGCAGAGTAAGATATTCTCTGAAAATGAAGGTTAA
>EACMCG386G_900752
GAATTCACGAAATACATCATTTCATGAGATGTTGAAAAGCAACTGGTGCATTTCGTGAGTCCAAAGGGCATGA
CATTATATTCAAAAAGTCCATACCTGGTTCGAAACGCAGTCTTCCATTCATCTCCTTCTTTGATCCGTACT
AGATTATATGCTCCCCTTAGATCTATTTTTGTATAGATCTTAGCTTGATTCAACTGGTCAAGGAGTCATGA
TATCAAAGGTAATGGATACTTATTCTTGATTGTGATCTTGTTGAGTCCATAATCAACACACATTCGTA
AAGATCCATCTTTTTTCTTTACGAATAGAATTGGAGCTCCTGCTGGAGATTTGAATGGCATATGAAATTCT
TCGTTAA

Linkage Group 28 Scaffold 103

>EGAMGC49G_117556
GAATTCGAAAATGGAAAAGTGCAAGGCTTAA
>EACTGA145G_880510
TCGAGATCATCTCCGTAACCTTTCATTGAGATGATATGATGAGCAAGGCATCTATCTCTTGACTATCCATATC
ATATAAAATAGACAAGATCAAAAGAATATAAATAAGCTATAGTCGTGAATTC
>EACTGA224G_662349
GAATTCACCTACTAGACCGAATTTTTCTTGCATCATAAATCCGCTTTTGCTTGACTTATAATAATTTAA
AGATAATTCGTTGAAGTCTGTGAGCATCATATCATTTTAGAAGAGAACGCTAAACCGGTACGGCAGAGGC
AACACCGGCTTAACCCAAAATATTCCCTTTTAGTAAAAGAAGAATTGGATAAACTTCTCGA

Linkage Group 29 Scaffold 203

>EACMGA159G_804951
GAATTCACCCAACCTCATTGTTGTGATAAATTGTAGATGGTCCAAATGGCGATTGTGCTTCTTTCTAAAGGTC
AATTGGGCAGTCATAGGAACGATGCTCTGGAAGAGTATCCGCATTTTTTTTTCTCAAATACATCTTAA
>EAGMGG224G_520903
TTAAGGCTTTAAACTTAGTTTTAATAAAAATAAACTTATTTTAGTTAAATTATATATTTGATTTATATAA
CATGTATCGAATATGAGAAGCTTACATGCCATTACTAATTGTTTCTTTAAGATTTGAAAGAAAGGAGAAG
AGGAAAAAATAAGATGGAAAGAATTTATGTATAGAAATCAAATGAAGCCCTGAATTC

Linkage Group 30 Scaffold 7: see also LG11

>EACMTC399G_2230657
GAATTCACGCCTCTTAGAAGATCTTTCAACGGAAAGGACATTTCTTGAAATTGTGTAGAGAATGGAACAGC
TTGATACGGTGTGCTATTACATGCTTTCTTGCTCGAGAATGCAACAGGCGTCTGGCTGTAGAAGGTAGTAT
GGAGATTCGCTAATATTCAAGCAGTCTATCCGTTTTGGCTGTTGGAATATAAATAATTGTAAGAATATACC
ATAAATCTATACGGATGTCCTTCGATTGTTTGCCGAAATCCTTTTTGCCCCAGTCGGTAGGTCTCTAGACG
TTACAGAAAACCCCAAATAATCCAATCTGCTAATCTCCGATACCGCTTTATACTCACGACTTTGTATCCAC
TGACGGTCTTGTTAGATTAA
>EAGMCT160G_1857229
GAATTCAGGTTTGCCGAAGGTCTTTGGCTAACGCACTGGACTGCACCACAGTTCGTGTGACATACCTGAC
AGTGTGTTGCCACCTATTGCTCCAAACTTGTAATTACTTTTCCATTCTAGTTCGGTACTAGCTAGTTAA
>EACMGG174G_1215334
GAATTCACGGTGTACTGGGTATAAAGGGTCATGAATACTAATTCACTTGTTTTTCTTGCTAACTGAAAAA
AGAAAAATACATCATTCTTTTTTAGAATCCTAGGGAACAATTTGGAACACGCACTGAGAATGACAGAGAT
ATTGTCCTTAA
>ECGMCC451G_655410
GAATTCGCGATCCTGCCATTGACGGGGCAGCACATGAATCCCGGATCTCTAGCCCGCACGAAGAGCTCCT
CGGGAGCGGTTGCTGTGGACATGGCCATCCGGAACGTTGATGTGTACTCGCCAATTTTGAAAGGGTCGAAA
TTGGAGCCTCGGTCTCAACACAGCGTGCATCCAGTGTGATCGTCTGCTGCTGCTATTTCTTCTGTG
GGTCGGATCCAAAGGTGCGAAATCCTCTCTACACCTTCTCAGCATTGATCCAATTCTGCTAATGACGGTAT
TGTTTCAGTTGATTGAGGTGGCGTTTTGAAATTCAGTGGGGTCTTAGCTTCAGGGATTTTCTGCAGTGTGT
CTTTGGTTTTCTTCTTTTTTATGGGGATTTCTGGCCCTTGGGATCGATTGAAAGATAATCGACTGGTTAA

Linkage Group 31 Scaffold 124

>ECGTGA563G_548934
TCGAGAAATCTAGTCTATTTGAGGGTTGTATTTTTTTAAACCACGATAAACCTAAAATGACTGGATTAGAGG
GAGATCTAATGATATTAATACTACAAAACCTATTATGATCGTTGATTATTACTTCTATAGGAAGGGTTTTCG
TGAGTAATATCTCCAGAAGACAATGGACGACCATCTATGACTTCTATATGAACAGGTTTTAGTTTTCTTTAC
TAAAGATATGCTATGTCTTTTTAGTAAACTATAGTAGTTGGACAAACTCGTTTTCCGACATATTATCTTCTT
TCACAGCCATACTCCTCATTTTGTGATTGAGTCGTTTCTTTGGATAATGTTGAGCAGTGTGCTTTGGTTCT
CCACAATATAAACATAATCCTTCTTGACGACGACGAGTCTTTTCTTGCTCAGTAAGAGGTTTGAACGTAT
TACATCAATTTCCATATCCTCTACTTCCAAATGTATGTGTTGAAGAGATGTTGGTGTGCCATTGAATTAT
AGTAATATTGAGGTGTACTTGTACGATTTTCAGATCGGAATTC
>ECGTAC198G_1111484
TCGAACAACGGTGGCATTTCCTTCTCAGACGTCAGCATCCACAACCGTCAAAGAACAACCTTAACTTA
CAAAATCAGATTAATCCTGAGCAAGCTCAAATTCAGGTTACAGGGACTTTAGGCATACTCAAGTGGTTCA
CAGGTTAACC AAAAATTGCAAACACGGAATTC
>EACMGG181G_1111479
GAATTCACGAATGTACAGATAACGTCAAGGTTCTGAAGATGGAAGACATGACAGACAGAGAGCCAAAACAG
TGCGTACTTGACGCGAACAGTAATCACTCCATGTCATGAAAGCCCCTCTCAAGGAAATTATCTCAAAACAG
GACAACACGAGAACCTTAA

Linkage Group 31 Scaffold 83

>EACMCC400G_129323
TTAACCTAATAATCATAATCAGAATATACAATCGAGTGTACAAATTGTAGAAGAAAAAATAAGGGGACA
AAGGAATCACCAGTTCATCGAGTAGATGTAGTTCAAGCTGTCCATACAAAAGTCAGTAAAAAGGAAAAGG
ACCGATTCAACATTTGGGTGATCCTGAAGCAAAGGACAATTGGACCCAATTATGGGGACATCCAATCTAGA
TCCTGATATGGACTTTTTACTGAGTATAAGACCTGAATCGGTTGTGCATCCCAATGAGGTACCAATTATGG
GGGCTTCGATTCCTTTCAATCTGTTTTGTTCTCTACACAGTTTCAAGAAACATCCTTTCCATTGAAAGAT
CCTCTCAGAGGCGTGAATTC

Coalescent Linkage group 20+23 Scaffold 110

>EAGMGC463G_538035
GAATTCACGAAGGAATTAGTTTTAAAAGAGCTACTATTGAGATTTTTTTTTATGCTGATAATAGCTTTTTATGT
ATTTAGAATCACCTTTATTAATATTGGTGACTCTTAAAATATTTTTTATATTTTTATTTTTGATGTTTTAAA
ACACATACTATACAAATCTTATTAATAAAAAGGATTGAAAAACAATCTCACTATCAAAAAGTGTAGTCAGGC
CATCCATATAGATGAATGAAGATAGATGATAGAAATCTTCATTTTCTTCGGCCAAGAAACATGTTAATAG
ACTATAAGGAGATTATCTAAGGCCTTATTAGAAATTATGATTATTCTTTTTGAATAATTTAAATATCAAAT
TCTAAAGTCAAAGAGATTAATTTTTGGATGTAGTTTTGTATAAAAATTGAGTGATTTAAATTTTTTGTGAA
GGAGATATAGGTGCTTAA
>EACMGC422G_725890
TTAAGCATATAAGTACTACTATAACTTGAGAGAAGTTCTTGATAAAGATTCCATAGTAATTAATAAATCCC
AAAAAGCATTCTACATCTCTTACTGTTTTTGAATCTTCCAATCCATGATTATATGAACTTTTTTAAGATC
CATCATTAGACTATTGTTTTAAATGATGTATCTTAAGAAGTAAACTTGAATAGTGTGGACTACACACTTTTT
TTTTTATCTTGGCATACAATCTTGCATCTCTAAGTTTTTGTAAACACATGACGAACATGAACTTTATATTTT
TTTACATTCTTAGAGTAGATTAATAATATCGTCAAAATAACAAATAACAAAATCATCTAGAAACTCATAAAA
AATATCATTCAATAAGATGTTGAAAAGCAGTTAGTACATTCGTGAATTC
>ECAMCG256G_1345841
GAATTCAAAAAATATCGACTGCTGTTCCAATTCTGAGTCTAGGGTGAAGAATATCTTATCTCACAGAT
TTAAACTCAAACCAATAAAAAGAAAGAGTGCATTAGAAATTATCCTAAATATAGAACCCTATGATATTTTG
AAGGATCTAGATGCTATTCAACCTTCTATTTCTATGAAGCAACTTCTAGCGGTCGCACCAGAGTGCCATTC
TACATTGAATTCATCGTTAA