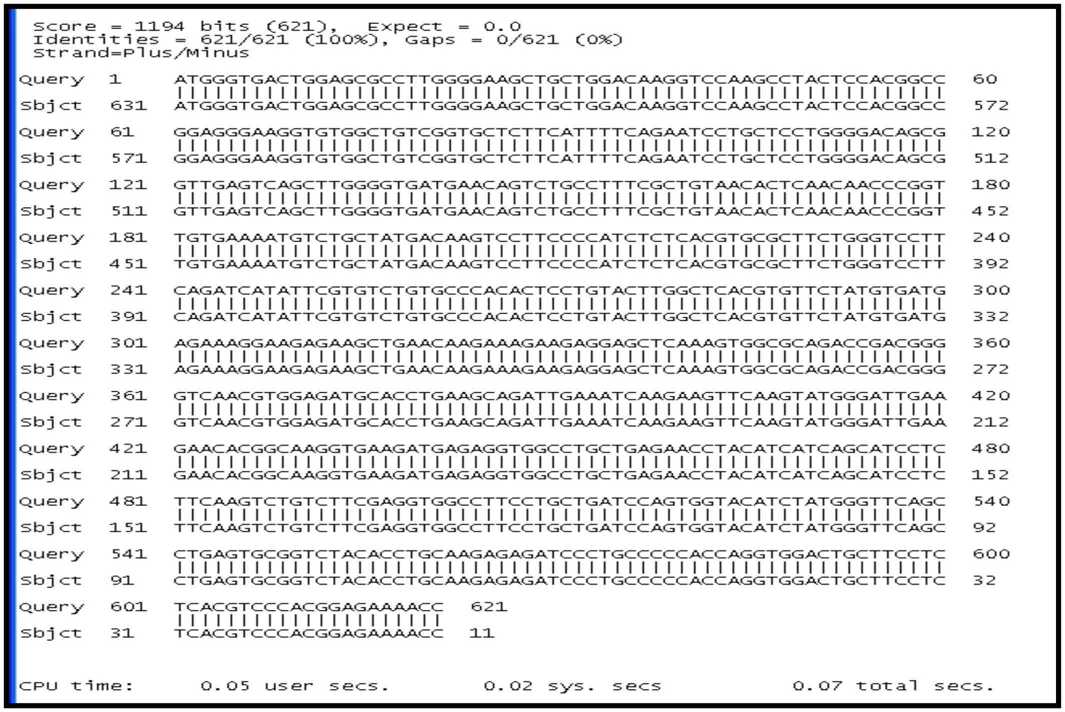
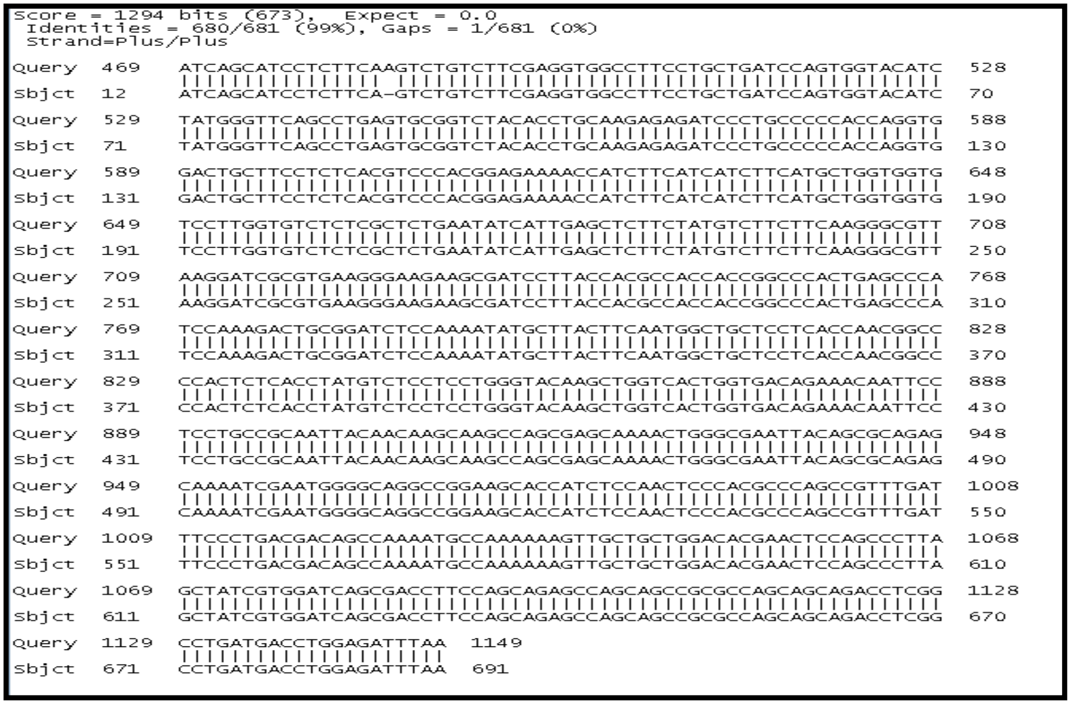
Supplementary Figure-II: Sequencing results for mitochondrial targeted Cx43 expression vector (A) forward primer (B) reverse primer.

A



```
 Score = 1194 bits (621),  Expect = 0.0
 Identities = 621/621 (100%), Gaps = 0/621 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query  1     ATGGGTGACTGGAGCGCCTTGGGGAAGCTGCTGGACAAGGTCCAAGCCTACTCCACGGCC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  631   ATGGGTGACTGGAGCGCCTTGGGGAAGCTGCTGGACAAGGTCCAAGCCTACTCCACGGCC  572

Query  61    GGAGGGAAGGTGTGGCTGTCGGTGCTCTTCATTTTCAGAATCCTGCTCCTGGGGACAGCG  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  571   GGAGGGAAGGTGTGGCTGTCGGTGCTCTTCATTTTCAGAATCCTGCTCCTGGGGACAGCG  512

Query  121   GTTGAGTCAGCTTGGGGTGATGAACAGTCTGCCTTTCGCTGTAACACTCAACAACCCGGT  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  511   GTTGAGTCAGCTTGGGGTGATGAACAGTCTGCCTTTCGCTGTAACACTCAACAACCCGGT  452

Query  181   TGTGAAAATGTCTGCTATGACAAGTCCTTCCCCATCTCTCACGTGCGCTTCTGGGTCCTT  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  451   TGTGAAAATGTCTGCTATGACAAGTCCTTCCCCATCTCTCACGTGCGCTTCTGGGTCCTT  392

Query  241   CAGATCATATTCGTGTCTGTGCCCACACTCCTGTACTTGGCTCACGTGTTCTATGTGATG  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  391   CAGATCATATTCGTGTCTGTGCCCACACTCCTGTACTTGGCTCACGTGTTCTATGTGATG  332

Query  301   AGAAAGGAAGAGAAGCTGAACAAGAAAGAAGAGGAGCTCAAAGTGGCGCAGACCGACGGG  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  331   AGAAAGGAAGAGAAGCTGAACAAGAAAGAAGAGGAGCTCAAAGTGGCGCAGACCGACGGG  272

Query  361   GTCAACGTGGAGATGCACCTGAAGCAGATTGAAATCAAGAAGTTCAAGTATGGGATTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  271   GTCAACGTGGAGATGCACCTGAAGCAGATTGAAATCAAGAAGTTCAAGTATGGGATTGAA  212

Query  421   GAACACGGCAAGGTGAAGATGAGAGGTGGCCTGCTGAGAACCTACATCATCAGCATCCTC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  211   GAACACGGCAAGGTGAAGATGAGAGGTGGCCTGCTGAGAACCTACATCATCAGCATCCTC  152

Query  481   TTCAAGTCTGTCTTCGAGGTGGCCTTCCTGCTGATCCAGTGGTACATCTATGGGTTCAGC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  151   TTCAAGTCTGTCTTCGAGGTGGCCTTCCTGCTGATCCAGTGGTACATCTATGGGTTCAGC  92

Query  541   CTGAGTGCGGTCTACACCTGCAAGAGAGATCCCTGCCCCCACCAGGTGGACTGCTTCCTC  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  91    CTGAGTGCGGTCTACACCTGCAAGAGAGATCCCTGCCCCCACCAGGTGGACTGCTTCCTC  32

Query  601   TCACGTCCCACGGAGAAAACC  621
             |||||||||||||||||||||
Sbjct  31    TCACGTCCCACGGAGAAAACC  11


CPU time:     0.05 user secs.       0.02 sys. secs         0.07 total secs.
```

B



```
Score = 1294 bits (673),  Expect = 0.0
 Identities = 680/681 (99%), Gaps = 1/681 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  469    ATCAGCATCCTCTTCAAGTCTGTCTTCGAGGTGGCCTTCCTGCTGATCCAGTGGTACATC  528
              |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  12     ATCAGCATCCTCTTCA-GTCTGTCTTCGAGGTGGCCTTCCTGCTGATCCAGTGGTACATC  70

Query  529    TATGGGTTCAGCCTGAGTGCGGTCTACACCTGCAAGAGAGATCCCTGCCCCCACCAGGTG  588
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  71     TATGGGTTCAGCCTGAGTGCGGTCTACACCTGCAAGAGAGATCCCTGCCCCCACCAGGTG  130

Query  589    GACTGCTTCCTCTCACGTCCCACGGAGAAAACCATCTTCATCATCTTCATGCTGGTGGTG  648
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  131    GACTGCTTCCTCTCACGTCCCACGGAGAAAACCATCTTCATCATCTTCATGCTGGTGGTG  190

Query  649    TCCTTGGTGTCTCTCGCTCTGAATATCATTGAGCTCTTCTATGTCTTCTTCAAGGGCGTT  708
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  191    TCCTTGGTGTCTCTCGCTCTGAATATCATTGAGCTCTTCTATGTCTTCTTCAAGGGCGTT  250

Query  709    AAGGATCGCGTGAAGGGAAGAAGCGATCCTTACCACGCCACCACCGGCCCACTGAGCCCA  768
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  251    AAGGATCGCGTGAAGGGAAGAAGCGATCCTTACCACGCCACCACCGGCCCACTGAGCCCA  310

Query  769    TCCAAAGACTGCGGATCTCCAAAATATGCTTACTTCAATGGCTGCTCCTCACCAACGGCC  828
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  311    TCCAAAGACTGCGGATCTCCAAAATATGCTTACTTCAATGGCTGCTCCTCACCAACGGCC  370

Query  829    CCACTCTCACCTATGTCTCCTCCTGGGTACAAGCTGGTCACTGGTGACAGAAACAATTCC  888
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  371    CCACTCTCACCTATGTCTCCTCCTGGGTACAAGCTGGTCACTGGTGACAGAAACAATTCC  430

Query  889    TCCTGCCGCAATTACAACAAGCAAGCCAGCGAGCAAAACTGGGCGAATTACAGCGCAGAG  948
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  431    TCCTGCCGCAATTACAACAAGCAAGCCAGCGAGCAAAACTGGGCGAATTACAGCGCAGAG  490

Query  949    CAAAATCGAATGGGGCAGGCCGGAAGCACCATCTCCAACTCCCACGCCCAGCCGTTTGAT  1008
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  491    CAAAATCGAATGGGGCAGGCCGGAAGCACCATCTCCAACTCCCACGCCCAGCCGTTTGAT  550

Query  1009   TTCCCTGACGACAGCCAAAATGCCAAAAAAGTTGCTGCTGGACACGAACTCCAGCCCTTA  1068
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  551    TTCCCTGACGACAGCCAAAATGCCAAAAAAGTTGCTGCTGGACACGAACTCCAGCCCTTA  610

Query  1069   GCTATCGTGGATCAGCGACCTTCCAGCAGAGCCAGCAGCCGCGCCAGCAGCAGACCTCGG  1128
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  611    GCTATCGTGGATCAGCGACCTTCCAGCAGAGCCAGCAGCCGCGCCAGCAGCAGACCTCGG  670

Query  1129   CCTGATGACCTGGAGATTTAA  1149
              |||||||||||||||||||||
Sbjct  671    CCTGATGACCTGGAGATTTAA  691
```