

Supplementary materials S4. Alignment of a sample of 20 assembled sequences of the olive whole genome database (numerical codes, below) to Sanger sequences from a small insert library (OEGA codes, above).

Query: OEGA1F17REV1
 Subject: 152769

OEGA1F17REV1	4	ATTCGTTATATTTATCAATTCGTCCTCACATTTAAAATTTTGTACTTCA	53
152769	644	ATTCGTTATATTTATCAATTCGTCCTCACATTTAAA-TTTGTACTTCA	692
OEGA1F17REV1	54	AGATTTTCCTCATTGCTCCATAACTCTACAATCCTATCTCCACCCCTGC	103
152769	693	AGATTTTCCTCATTGCTCCATAACTCTACAATCCTATCTCCACCCCTGC	742
OEGA1F17REV1	104	TTGGAGTTAACACTGAATGCAAGATTATGCAAACTATTTACTTCTCTCA	153
152769	743	TTGGAGTTAACACTGAATGCAAGATTATGCAAACTATTTACTTCTCTCA	792
OEGA1F17REV1	154	GGATTTTAAATGATAAATCACTAGAAATATTCGTGAAGAACAATTACAAA	203
152769	793	GGATTTTAAATGATAAATCACTAGAAATATTCGTGAAGAACAATTACAAA	842
OEGA1F17REV1	204	TGCTAGAGAACAAAGATTGCAATTGCACCATAAGTTTCTTCCTGGTTTTG	253
152769	843	TGCTAGAGAACAAAGATTGCAATTGCACCATAAGTTTCTTCCTGGTTTTG	892
OEGA1F17REV1	254	GTTAGACACTTGTACCGCAGCAAAGATTAATTGTAACCAATTCAATTTTT	303
152769	893	GTTAGACACTTGTACCGCAGCAAAGATTAATTGTAACCAATTCAATTTTT	942
OEGA1F17REV1	304	GAATTGTCTGCACCTATGCATAGCTTGAATAAGGGCATCAATCCTCTATA	353
152769	943	GAATTGTCTGCACCTATGCATAGCTTGAATAAGGGCATCAATCCTCTATA	992
OEGA1F17REV1	354	GTGTCTCTGCATTTTTACTAGTAATGGTGAGAGTGAGCACTAGCAACACT	403
152769	993	GTGTCTCTGCATTTTTACTAGTAATGGTGAGAGTGAGCACTAGCAACACT	1042
OEGA1F17REV1	404	ATTGTCTGTTTAACTGAGAGGTTAACAAATTTCCAGACAAAAATAACC	453
152769	1043	ATTGTCTGTTTAACTGAGAGGTTAACAAATTTCCAGACAAAAATAACC	1092
OEGA1F17REV1	454	TTGTACGATAACTATTTATCATCCTTCACTCCAATAACCAATATTTTATG	503
152769	1093	TTGTACGATAACTATTTATCATCCTTCACTCCAATAACCAATATTTTATG	1142
OEGA1F17REV1	504	TTGTACGACAATCATAATTATCATGATGTTTTTA-TTGACTACTGGTTGG	552
152769	1143	TTGTACGACAATCATAATTATCATGATGTTTTTATTTGACTACTGGTTGG	1192
OEGA1F17REV1	553	AATTTTGACTTTGATCACTTTGTACGGTAGGAAACATGCAGATTTTAAT	602
152769	1193	AATTTTGACTTTGATCACTTTGTACGGTAGGAAACATGCAGATTTTAAT	1242
OEGA1F17REV1	603	AGTGAATGTCTAAAAATTCAACAAAGCTCATGGAGTAAAGCTTGGTTTCT	652
152769	1243	AGTGAATGTCTAAAAATTCAACAAAGCTCATGGAGTAAAGCTTGGTTTCT	1292

OEGA1F17REV1	653	GCATTGATTCCTGAACAT-AAAAAACAGAAGACTTTAAGCCTTGCATGTT	701
152769	1293		1342
OEGA1F17REV1	702	CGAGTACATTCACGACAAACTCTCCTGTTTAAATACACATTCATGTTCTT	751
152769	1343	.	1392
OEGA1F17REV1	752	AAGTTCATATAAATATCACAAGTATAAAGGAGACACTAAGACCACTTTGT	801
152769	1393		1442
OEGA1F17REV1	802	ACACAGAACAAAAATCGACTATCCGATCCACCATGT	837
152769	1443		1478

Query: OEGA1009FOR1
Subject: 83744

OEGA1009FOR1	2	GAGCTTGTATCAACACTGATATGGCAAAATATAATCGGACTTTTTTTTATT	51
83744	60		109
OEGA1009FOR1	52	TCTTTTTTCCATCTTCCAATGATATCGCGTCATATGTTGTATGTAAGAT	101
83744	110		158
OEGA1009FOR1	102	TTTTCTATAAAAAAATCTGTACCTATGACATTGTTCTAATCCTATACAA	151
83744	159		208
OEGA1009FOR1	152	TGCTATATAATCCAGAATTAACAATCACTAAAGCCTATATTCCACTCAGC	201
83744	209		258
OEGA1009FOR1	202	TTAGTAGATCCAACAGCTATAAATTGACAATTAGTAGATCCTATTACAAC	251
83744	259		308
OEGA1009FOR1	252	TCTACGACATTATGTTTATTTTGAATTTGAAGTTTGATTAGGACTAACC	301
83744	309		358
OEGA1009FOR1	302	ATTTTGTACGGATGTAGCTAGGGTTTTTGTAGAAATGTTTTTAGGGTTAT	351
83744	359		408
OEGA1009FOR1	352	TATGAATGTACAGTTCTTACAACCTCCTCACATGAAGGGACCGTCATGCA	401
83744	409		458
OEGA1009FOR1	402	TGCTGTACACAAAGTGTATAGCAAGCATGATTCACGTTTTTATCATATTC	451
83744	459	.	508
OEGA1009FOR1	452	AGTTTTGCTTCTTGTACGAAGGAAATCTTGCCAAATGTTTTACAGGTGCC	501
83744	509	. .	558
OEGA1009FOR1	502	GATTGGTTACTCTTTAACCTTTGACGAATGAAAAATTTCCAATTGTATC	551
83744	559		608

OEGA1009FOR1	552	TATAAATAATCTAATAGTACTTTATTCTGTACATGTAGTACTGCCCTATC	601
83744	609	TATAAATAATCTAATAGTACTTTATTCTGTACATGTAGTACTGCCCTATC	658
OEGA1009FOR1	602	ATGTTTTGGTCAAACACAAGTTTGTGATCTAATTTATACTTATCGCAGCC	651
83744	659	ATGTTTTGGTCAAACACAAGTTTGTGATCTAATTTATACTTATCGCAGCC	708
OEGA1009FOR1	652	TTCAGTACATAATTCAAAGTGCACGACAAAATGTGATGTATATGTCATGT	701
83744	709	TTCAGTACATAATTCAAAGTGCACGACAAAATGTGATGTATATGTCATGT	758
OEGA1009FOR1	702	CATATCAAATCATTTTTTGCACGCCAGACTAGGAGACCAATTTAGCAGCCC	751
83744	759	CATATCAAATCATTTTTTGCACGCCAGACTAGGAGACCAA-TTAGCAGCCA	807
OEGA1009FOR1	752	ATATTTTTGCACTTCTGAAAAACATTCCACAACCTTGATTGGATCTTAGAA	801
83744	808	ATATTTTTGCACTTCTGAAAAACATTCCACAACCTTGATTGGATCTTAGAA	857
OEGA1009FOR1	802	ACTTGTTT-CACTTCCACCCAAAAAACAAGATTTTTCTCAAATAAAG	850
83744	858	AC-TGTTTCCACTTCCAAACCCAAAAAACAAGA-TATTCTCAAATAAAG	905
OEGA1009FOR1	851	AGTGATT-CACT-ACTTGTTTAACTTTAAATGATGATG-AAAGATGTGAG	897
83744	906	AGTGATTCCACTAACTTGTTTAACTTTAAATGATGATGAAAAGATGTGAG	955
OEGA1009FOR1	898	ATTGTTG	904
83744	956	ATTGTTG	962

Query: OEGA1P06REV1
Subject: 17720

OEGA1P06REV1	1	GTTGTCTGCATGTGATTTCAATTTATATTTTACGTTTGTGCTTGCTGGTT	50
17720	24	GTTGTCTGAATGTGATTTCAATTTATATTTTACGTTTGTGCTTGCTGGTT	73
OEGA1P06REV1	51	ATACTAGGAGCAGACAAAATGTATGAATGCTAGCTCATGCTATATACAGT	100
17720	74	ATACTAGGAGCAGACAAAATGTATGAATGNTAGCTCATGCTATATACAGT	123
OEGA1P06REV1	101	CCAAAAATAAATTTTTCATAGTTGGCATCAGGAAATATTACTTGGTGGAC	150
17720	124	CCAAAAATAAATTTTTCANAGNTGGCATCAGGAAATATTACTTGGTGGAC	173
OEGA1P06REV1	151	TCCTATTTTTCTCATCGACCAATATATATGGCCTCGTACAAAGGTTTAGA	200
17720	174	TCCTATTTTTCTCATCGACCAATATATATGGCCNCGTACAAAGGTTTAGA	223
OEGA1P06REV1	201	CGTACTGTATCACTTCCAACCTGCTTTTTGACAAACAAATAGGTCGGCGCC	250
17720	224	CGTACTNTATCACTTCCAACCTGNNTTNGACAAACAAATAGGTCGGCGCC	273
OEGA1P06REV1	251	ATAGATTTAGGAATGCTCTTGAGAGGTTCAACTTCAAAGACTCTTTGTGC	300
17720	274	ATAGATTTAGGAATGCTCTTGAGAGGTTCAACTTCAAANACTCTTTGTGC	323
OEGA1P06REV1	301	AGGAACATGATCGAGCGTGCATTTAGTGTGTTGAAGTAGAGATGGAAAAT	350
17720	324	AGGAACATGATCGAGCGTGCATTTAGTGTGTTGAAGTAGAGATGGAAAAT	373

OEGA1P06REV1	351	CTTGAATCGTATGCCCAGCCACTCTTTTCCAACACAAGTTGCAGTTGTCA	400
17720	374	CTTGAATCGTATGCCCAGCCACTCTTTTCCAACACAAGTTGCAGTTGTCA	423
OEGA1P06REV1	401	TAGT---GGGTATTTATAATTTTTGCATCATTCTGGATTTGTTGACAAGA	447
17720	424	TAGTGGGGGGTATTTATAATTTTTGCATCATTCTGGATTTGTTGACAAGA	473
OEGA1P06REV1	448	AGTTCGCAAGAGCAGAAATAGATGACAAGGTAGCCAAAGCGGAGCTACCT	497
17720	474	AGTTCGCAAGAGCAGAAAT-GATGACAAGGTAGCCAAAGCGGAGCTACCT	522
OEGA1P06REV1	498	ACTGTTGAGGATGAAATTTAGGCCGAAATGAATGCGTCGGACATAACAACA	547
17720	523	ACTGTTGAGGATGAAATTTAGGCCGAAATGAATGCGTCGGACATAACAACA	572
OEGA1P06REV1	548	AAGTGAGTGGGATAGGTTTCGCGATTACATGGCACAACAACCATGATCAT	597
17720	573	AAGTGAGTGGGATAGGTTTCGCGATTACATGGCACAACAACCATGATCAT	622
OEGA1P06REV1	598	CGCTTCTAGGAACCTCGCATCCAGTACCTATGTATTGGTATGAAGGAACT	647
17720	623	CGCTTCTAGGAACCTCGCATCCAGTACCTNTGTATTGGTATGAAGGAACT	672
OEGA1P06REV1	648	TTGCAAGTTTGAGTCAATGTATTTGTACACGTTGCGGTAGCTTTGTAAGT	697
		.	
17720	673	NTGCAAGTTTGAGTCAATGTATTTGTACACGTTGCGGTAGCTTTGTAGGT	722
OEGA1P06REV1	698	GTGTTTTGATTATGTACGTCCGTGTAACATGAAATAATTGATTATGAAAT	747
17720	723	GTGTTTTGATTATGTACGTCCGTGTAACATGAAATAATTGATTATGAAAT	772
OEGA1P06REV1	748	TTGCAGCATGAATTGGGACTTTGGGGACCGACGACGCAGTGACTATTGTA	797
17720	773	TTGCAGCATGAATTGGGACTTTGGGGACCGANGACGCAGTGACTATTGTA	822
OEGA1P06REV1	798	TCATTTTTTTCCAGTTCGAAGTCTTT	824
17720	823	TCATTTTTTTCCAGTTCGAAGTCTTT	849

Query: OEGA2C17FOR1
Subject: 5818

OEGA2C17FOR1	1	ATTATTGATTTGGACATCATCGATTATGTAACAATTAATTCTTTTGGTAC	50
5818	71	ATTATTGATTTGGACATCATCGATTATGTAACAATTAATTCTTTTGGTAC	120
OEGA2C17FOR1	51	TTGCTGAAGATTGTATTTGAAAATGCAATTCTCTTGGATCTTGGATTATA	100
5818	121	TTGCTGAAGATTGTATTTGAAAATGCAATTCTCTTGGATCTTGGATTATA	170
OEGA2C17FOR1	101	AATCCTCATTATCTTAGGACTATTTTGGAAATCTTACCGTGAGATTAAT	150
5818	171	AATCCTCATTATCTTAGGACTATTTTGGAAATCTTACCGTGAGATTAAT	220
OEGA2C17FOR1	151	ACAAGTTTTGTGTTATTCATATGTGCTAATCAAGATTTAGCACGAGCTGT	200
5818	221	ACAAGTTTTGTGTTATTCATATGTGCTAATCAAGATTTAGCACGAGCTGT	270
OEGA2C17FOR1	201	GTGACAAAATTCAAATCAGAGTAGAAGTTAGAGGTGCCAAGATGAGTTGA	250
5818	271	GTGACAAAATTCAAATCAGAGTAGAAGTTAGAGGTGCCAAGATGAGTTGA	320

OEGA2C17FOR1	251	ACAGTCTGTGACCTGAGTTCTAACCCCTTTAAATAGTTGATAAAAATGTGTT	300
5818	321	 ACAGTCTGTGACCTGAGTTCTAACCCCTTTAAATAGTTGATAAAAATGTGNT	370
OEGA2C17FOR1	301	ACTGAATAATTGATTA-AAATTGTAGATTCAATGAAATGTGTGAAAAAAT	349
5818	371	 ACTGAATAATTGATTAGAAAATTGTAGATTCAATGAAATGTGTGAAAAAAT	420
OEGA2C17FOR1	350	GCATTTTTAGAAATTGAGGACCAAACAGAAGTTTCAATTTCCATTTTCAGAT	399
5818	421	 GCATTTTTAGAAATTGAGGACCAAACAGAAGTTTCAATTTCCATTTTCAGAT	470
OEGA2C17FOR1	400	ACATGAGTTAATTGTCTCAATGTTTACTGAACTTGCATCTGTATTCAATT	449
5818	471	 ACATGAGTTAATTGTCTCAATGTTTACTGAACTTGCATCTGTATTCAATT	520
OEGA2C17FOR1	450	ATTCATTGAAGTTTATGACGTCAAGTTTTAGCCACAAAATTTATCAAAC	499
5818	521	 ATTCATTGAAGTTTATGACGTCAAGTTTTAGCCACAAAATTTATCAAAC	570
OEGA2C17FOR1	500	ATTACTTACCGACATAACAGCCATTTCAAATCGATTTAGTGACGTGACTA	549
5818	571	 ATTACTTACCGACATAACAGCCATTTCAAATCGATTTAGTGACGTGACTA	620
OEGA2C17FOR1	550	ACGGAATGCACATGTGGCGTCCCATCACGCAATTCACAAATTGTCACATA	599
5818	621	 ACGGAATGCACATGTGGCGTCCCATCACGCAATTCACAAATTGTCACATA	670
OEGA2C17FOR1	600	TTCAATTGCTCATTAAATTTTGAAAACATCTTCGATTGCTCATTGAACT	649
5818	671	 TTCAATTGCTCATTAAATTTTGAAAACATCTTCGATTGCTCATTGAACT	720
OEGA2C17FOR1	650	TTAAGACGGTCAAATTTTGACCATTGAAAATTTAAAGCATCTTTTGTTGC	699
5818	721	 TTAAGACGGTCAAATTTTGACCATTGAAAATTTAAAGCATCTTTTGTTGC	770
OEGA2C17FOR1	700	TCACCAAACCTTTGAAAACGTCTTTGATTGTTTACTGAACTTTTAAATGAT	749
5818	771	 TCACCAAACCTTTGAAAACGTCTTTGATTGTTTACTGAACTTTTAAATGAT	820
OEGA2C17FOR1	750	CGAACTTTGGTTAATAAACTTATA	773
5818	821	 CGAACTTTGGTTAATAAACTTATA	844

Query: OEGA2E16FOR1
Subject: 105150

OEGA2E16FOR1	1	AAAAAATAATAATATAGAAATCCAAGAATATGAGGGAATAGAAGGTTATG	50
105150	539	. AGAAAATAATAATATAGAAATCCAAGAATATGAGGGAATAGAAGGCTATG	588
OEGA2E16FOR1	51	GATTAAAGGTAACCTTTGATAATAATAAATTTAAGAAAATGCAAAAGCTA	100
105150	589	. GATTAAAAGTAACTTTGATAATAATAAATTTAAGAAAATACAAAAGTTA	638
OEGA2E16FOR1	101	TCCTTGGATTTGAAAATAGGAAAATGGGAAATTTCTAGATAGAATATGGAG	150
105150	639	. TCCTTAGATTTGAAAATAGGAAAATGGGAAATTTCTAGATAGAATATGGAG	688
OEGA2E16FOR1	151	AAGAGAAAGAATAGCAATAAATGAATATCATAAGATTGAAAAAATATAG	200
105150	689	. AAGAGAAAGAATAGCAATAAATGAATACCATAAGATTGAAAAAATATAG	738

OEGA2E16FOR1	201	ATGTTAGAACCACTCAAGGAACACATAAAAATAAATCTTTTAAACAAAAGT	250
		. .	
105150	739	ATGTTAGAACAACCTCAAGGAACACATAAAAATAAATCTTCTAACAAAAGT	788
OEGA2E16FOR1	251	ACAGTATCAGAATTATTATCAAAAATAAGTAAAAAGCATAGTGAAAAGAT	300
		. .	
105150	789	ACAGTATCAGAATTATTATCAAAAATAAGTAAAAAGCATAGTGAAAAGAT	838
OEGA2E16FOR1	301	CCAATATGTTTATTTAGCAGGAATACAAATAATGTTTAAATCATTATTTA	350
		. .	
105150	839	CCAATATGTTTATTTAGCAGGAATACAAATAATGTTTAAATCATTATTTA	888
OEGA2E16FOR1	351	GAGAGGGAATAGATTCACCATTAACCGTAAGCTTACATGATGGAAGAATT	400
		. .	
105150	889	GAGAGGGAATAGATTCACCATTAAGTGTAAAGTTTACATGATGGAAGAATT	938
OEGA2E16FOR1	401	ATAAATCTTGAAGATGGTCATTTAGGAACTATAGAAGGAAATTTAGCATA	450
		. .	
105150	939	ATAAATCTTGAAGATGGTCATTTAGGAACTATAGAAGGAAATTTAGCATA	988
OEGA2E16FOR1	451	CCAAAAGCTAATATTTACTTGTACCCAAAATATTGTGTCTCATTGAAAG	500
		
105150	989	TCAAAAGTTAATATTTACTTGTACCCAAAATATTGTGTCTCATTAAAAG	1038
OEGA2E16FOR1	501	ATAAAAACTTTAAATGAAGTCTTAGGATTACATTTTAAATTACATAGAAAT	550
		. . .	
105150	1039	ATAAAAATTTTAAATGAAGTCTTAGGATTACATTTCAAATTACATAGGAAT	1088
OEGA2E16FOR1	551	GATATAATGGAACCAGGATACCAAATTATGACTATGGAATATAGGGCATT	600
		. .	
105150	1089	GATATAATGGAACCAGGAGATCAAATTATGACTATGGAATATAGGGCATT	1138
OEGA2E16FOR1	601	ATATACATTTACTAATTCTAATTATGAAAATATTTATTCTAATAAACCAT	650
		. .	
105150	1139	ATATACATTTACTAATTCTAATTATGGGAATATTTATTCCAATAAACCAT	1188
OEGA2E16FOR1	651	ATATAGAAATTCATAAAGAATGTAAGGATATTAGTAAGATTGTGGAACCA	700
		
105150	1189	ACATAGAAATTCATAAAGAATGTAAGGATATTAGTAAAATAGTGNAACCA	1238
OEGA2E16FOR1	701	AACAAACAAATAAACCTTATCCCAGAAG-ATATGAATTTAATATAACTAA	749
		. . .	
105150	1239	AACAAACAAATAAATCTTATCCCAGAAGAATATGAATTTAATATAACTAA	1288
OEGA2E16FOR1	750	AAATAAGCTTGAAATAACAGAG	771
		.	
105150	1289	AAATAAGCCTGAAATAACAGAG	1310

Query: OEGA2I17REV1
Subject: 20023

OEGA2I17REV1	1	ATTCAGTTGTTATTTGTGAGTTTTTTAGATTACTTCATCGACTATTGTGT	50
		. .	
20023	829	ATTCAGTTGTTATTTGTGAGTTTTTTAGATTACTTCATCGACTATTGTGT	878
OEGA2I17REV1	51	TTATGTTGGCGCTCGTGGTGTATGAGCATTGCTTGTTCATTGCAGCATA	100
		. .	
20023	879	TTATGTTGGCGCTCGTGGTGTATGAGCATTGCTTGTTCATTGCAGCATA	928
OEGA2I17REV1	101	TTTATTGTTTATTGGCCATACTTTGACCTTTAGCTTCTATTTATAGTGA	150
		. .	
20023	929	TTTATTGTTTATTGGCCATACTTTGACCTTTAGCTTCTATTTATAGTGA	978

OEGA2I17REV1	151	TTTGCCAAC TGT TAGCAATATATGGAATTTGATATA CATGTTGAGGTTGA	200
20023	979	TTTGCCAAC TGT TAGCAATATATGGAATTTGATATA CATGTTGAGGTTGA	1028
OEGA2I17REV1	201	GCTGCTGATGTTAGCAAGATGGGCCTTCTTGGCCTCTGAATAATGTATTT	250
20023	1029	GCTGCTGATGTTAGCAAGATGGGCCTTCTTGGCCTCTGAATAATGTATTT	1078
OEGA2I17REV1	251	TTCATCCGCATGTTACTGGGAATGATTCATTACAATGAGCTGAATGGTTC	300
20023	1079	TTCATCCGCATGTTACTGGGAATGATTCATTACAATGAGCTGAATGGTTC	1128
OEGA2I17REV1	301	AAATGATAATAAGAATTACCCATTTAGGAAGTGC GTTATGATAAATCTTT	350
20023	1129	AAATGATAATAAGAATTACCCATTTAGGAAGTGC GTTATGATAAATCTTT	1178
OEGA2I17REV1	351	GATGCTTCTGGTTTTCTTTCTATGATTCGTGAATATTGCTGCTTGTTT	400
20023	1179	GATGCTTCTGGTTTTCTTTCTATGATTCGTGAATATTGCTGCTTGTTT	1228
OEGA2I17REV1	401	GTGAGCTGACTGCATTA AAAATTGAAAGTGTATCTTATCCATGAATTTGAA	450
20023	1229	GTGAGCTGACTGCATTA AAAATTGAAAGTGTATCTTATCCATGAATTTGAA	1278
OEGA2I17REV1	451	GTTGAAGCTACGCCGAAGCCTTTTTAACATAAAGGTGGTGAGGGAGAGGG	500
20023	1279	GTTGAAGCTACGCCGAAGCCTTTTTAACATAAAGGTGGTGAGGGAGAGGG	1328
OEGA2I17REV1	501	TTGGAGTTGGTGATAATGAGGAAAAGAAATGGAGTGAACCAGATTGCAC	550
20023	1329	TTGGAGTTGGTGATAATGAGGAAAAGAAATGGAGTGAACCAGATTGCAC	1378
OEGA2I17REV1	551	TGCTTGGGGGTTGATTGTTCAAGCTAATGAGTTTAGTCACACTGATGGTT	600
20023	1379	TGCTTGGGGGTTGATTGTTCAAGCTAATGAGTTTAGTCACACTGATGGTT	1428
OEGA2I17REV1	601	AAAATTCTCTTATGGGCAGCTCATGTT CATGACCCTAATTA AAAATTCTCT	650
20023	1429	AAAATTCTCTTATGGGCAGCTCATGTT CATGACCCTAATTA AAAATTCTCT	1478
OEGA2I17REV1	651	TATGGGCAGCTCTATTTATTATTT CATTGTTGAATAACTGCTGCTTCTCTT	700
20023	1479	TATGGGCAGCTCTATTTATTATTT CATTGTTGAATAACTGCTGCTTCTCTT	1528
OEGA2I17REV1	701	CTCTAGAATGTCC-TTTGTTTCCTGTCATTGTCTCCATGTGCTCATTAC	749
20023	1529	CTCTAGAATGTCC-TTTGTTTCCTGTCATTGTCTCCATGTGCTCATTAC	1578
OEGA2I17REV1	750	ATGGACTTAACTTACGGTAAATTTGGGAAATTGCAGATAGCAGCCCAAAG	799
20023	1579	ATGGACTTAACTTACGGTAAATTTGGGAAATTGCAGATAGCAGCCCAAAG	1628
OEGA2I17REV1	800	CTGAT-ACA-GATCAGCTGATGGATACTCCGGATATGTGGATGGTAAATT	847
20023	1629	CTGATAACAGGATCAGCTGATGGATACTCCGGATATGTGGATGGTAAATT	1678
OEGA2I17REV1	848	G-GAGA 852	
20023	1679	GAGAGA 1684	

Query: OEGA2K12FOR1
Subject: 92871

OEGA2K12FOR1	2	TTTGATTAGTTGAACTTTCTCTAGTTTTCTTATAAAATTTTTCTCTTGTGG	51
92871	393	TTTGATTAGTTGAACTTTCTCTAGTTTTCTTATAAAATTTTTCTCTTGTGG	442
OEGA2K12FOR1	52	TGTCACCTAATAATTTCTTTTCATTTATTTAGTCTCATGATACGTACATTA	101
92871	443	TGTCACCTAATAATTTCTTTTCATTTATTTAGTNTCATGATACGTACATTA	492
OEGA2K12FOR1	102	ACTTTATATCTAGTTTTATTACATGTTTGTATCTTATTATTGCTTTGGT	151
92871	493	ACTTTATATCTAGTTTTATTACATGTTTGTATCTTATTATTGCTTTGGT	542
OEGA2K12FOR1	152	ATAACTTAATTGCATGTTTTCATTTTTGCTTCTAATTTAGCAACTCTTAT	201
92871	543	ATAACTTAATTGCATGTTTTCATTTTTGCTTCTAATTTAGCAACTCTTAT	592
OEGA2K12FOR1	202	GTTAAATTTTGATGTGTATTTGAACTTGTACATGGTGTGAAGGTACCGA	251
92871	593	GTTAAATTTTGATGTGTATTTGAACTTGTACATGGTGTGAAGGTACCGA	642
OEGA2K12FOR1	252	TTTTACAATTTAGGCTACATGATCATTTTACACTACACTCTTTTCCTTAA	301
92871	643	TTTTACAATTTAGGCTACATGATCATTTTACACTACACTCTTTTCCTTAA	692
OEGA2K12FOR1	302	ATAGATTCTTCTTCAAATCTGTTCAAATTGTTCTTAATGATGCTTATTC	351
92871	693	ATAGATTCTTCTTCAAATCTGTTCAAATTGTTCTTAATGATGCTTATTC	742
OEGA2K12FOR1	352	AATCCCTGAATTGTGATTCTACTCTCAAATTTTATTTATAGATATGAATC	401
92871	743	AATCCCTGAATTGTGATTCTACTCTCAAATTTTATTTATAGATATGAATC	792
OEGA2K12FOR1	402	CAGATGTGACAACAGCAGTTTCTATATTATCTCATGTTTGGACATCTACA	451
92871	793	CAGATGTGACAACAGCAGTTTCTATATTATCTCATGTTTGGACATCTACA	842
OEGA2K12FOR1	452	TCATTATGGGTTTTGTTAATGCTACTTCTTCGAACAGTAGAGCATAGCAT	501
92871	843	TCATTATGGGTTTTGTTAATGCTACTTCTTCGAACAGTAGAGCATAGCAT	892
OEGA2K12FOR1	502	AAATGTTTATTTATGTAAAATTTTCAGTTATCAATTTTGATGGTTTATCTA	551
92871	893	AAATGTTTATTTATGTAAAATTTTCAGTTATCAATTTTGATGGTTTATCTA	942
OEGA2K12FOR1	552	CGTGACAGTAACAGTCTGTTTTGGGTGGTTCCGCCAGGATGCTGAGGAGC	601
92871	943	CGTGACAGTAACAGTCTGTTTTGGGTGGTTCCGCCAGGATGCTGAGGAGC	992
OEGA2K12FOR1	602	ATCAAGCACCTATTTCTGGTCTTGGAGAAGTTGGTCCATCCAGTCAGTCC	651
92871	993	ATCAAGCACCTATTTCTGGTCTTGGAGAAGTTGGTCCATCCAGTCAGTCC	1042
OEGA2K12FOR1	652	AAATTACTTGTGAACAGGGATGAAAGCCATGTGAGGAATGAAGTAAATCT	701
92871	1043	AAATTACTTGTGAGCAAGGATGAAGGCCATGTGAGGAATGAAGTAAATCT	1092
OEGA2K12FOR1	702	TAAT-AAAATTCATCAAAAATATTACATGTTGATCAGATCAACCAGAAGA	750
92871	1093	TAATAAAAATTCATCAAAAATATTACATGTTGATCAGATCAACCAGAAGA	1142

OEGA2K12FOR1	751	CAAGTGTAGATGTCACCAAGC-AGGATGTGAAGATGTT-CCTATGTGAAG	798
92871	1143	CAAGTGTAGATGTCACCAAGCAAGGATGTGAAGATGTTCCCTACGTGAAG	1192
OEGA2K12FOR1	799	AG-ATGGATAGGAGACCCATTTCT-AGCTAAAAGTAGAGGAAGGATA	843
		.	
92871	1193	AGAAGGGATAGGAGACCCAATTCTAAGCTAAGAGTAGAGGAGGGATA	1239

Query: OEGA2N17FOR1
Subject: 161027

OEGA2N17FOR1	1	CCTAGTGTGACAGTGATTTATTGATATTCGCAGCTTCCTTTAGACGCTC	50
161027	20	CCTAGTGTGACAGTGATTTATTGATATTCGCAGCNTCCTTTAGACGCTC	69
OEGA2N17FOR1	51	ACCCTCAGCACCAGAAGTCTTTTGCCTGTTAAGGGTAATAGCAATGTGTA	100
161027	70	ACCCTCAGCACCAGAAGTCTTTTGCCTGTTAAGGGTAATAGCAATGTGTA	119
OEGA2N17FOR1	101	AATAATGTGATAGCACGAGATATCCCATCTATTTTCCAGAAATTTGACTAGAA	150
161027	120	AATAATGTGATAGCACGAGATATCCCATCTATTTTCCAGAAATTTGACTAGAA	169
OEGA2N17FOR1	151	TATGATGTAAACCTTTTCGGAACCCGCAAGGTCAACAAGGTTTCAGTCGAGC	200
161027	170	TATGATGTAAACCTTTTCGGAACCCGCAAGGTCAACAAGGTTTCAGTCGAGC	219
OEGA2N17FOR1	201	AAAACGGAAGTTAGTGGTTGAATCCTTTTCCCATCTACTCTCAATCACAC	250
161027	220	AAAACGGAAGTTAGTGGTTGAATCCTTTTCCCATCTACTCTCAATCACAC	269
OEGA2N17FOR1	251	ATGTGAAAACACTATGAGAGCGGCTACTTTCTCTGTTTCATATTTGTCGCA	300
161027	270	ATGTGAAAACACTATGAGAGCGGCTACTTTNTCTGTTTCATATTTGTCGCA	319
OEGA2N17FOR1	301	GCAACTTTCCTATTTGCTGAACCCTGAAGCAAACTCAAATTTAATGCA	350
161027	320	GCAACTTTCCTATTTGCTGAACCCTGAAGCAAACTCAAATTTAATGCA	369
OEGA2N17FOR1	351	TAGAGACATACATTGTGCATGCACACATGCATCTTTGAAGATTGTAATCA	400
161027	370	TAGAGACATACATTGTGCATGCACACATGCATCTTTGAAGATTGTAATCA	419
OEGA2N17FOR1	401	GAGTAAACTAAAAGACAGTGAAAATAGTCACCTGACTCAGAAGCTGAAGA	450
161027	420	GAGTAAACTAAAAGACAGTGAAAATAGTCACCTGACTCAGAAGCTGAAGA	469
OEGA2N17FOR1	451	ATGTCGCCTACAGTTTGCACCTCAAATTCGGATAGATTTTCAACATACAC	500
161027	470	ATGTCGCCTACAGTTTGCACCTCAAATTCGGATAGATTTTCAACATACAC	519
OEGA2N17FOR1	501	GCCTTTTTTGTATGTCCTCACGTAGCTAAAAATAGAGATGATGAATATGAG	550
161027	520	GCCTTTTTTGTATGTCCTCACGTAGCTAAAAATAGAGATGATGAATATGAG	569
OEGA2N17FOR1	551	GAAACAATAATATAATCTTTTAACAATTGAAGCGCCAAAATATCCTATCA	600
161027	570	GAAACAATAATATAATCTTTTAACAATTGAAGCGCCAAAATATCCTATCA	619
OEGA2N17FOR1	601	AAAAGGTAAAAGTACCATCAGATTTGTGGATGAAGGATCAAGAAGATCAG	650
161027	620	AAAAGGTAAAANTACCATCAGATTTGTGGATGAANGATCAAGAAGATCAG	669

OEGA2N17FOR1	651	ATATTTGTTTCATTATAAAATCTCCAGGAAAGAGCATTGCAATTGTATATT	700
161027	670	.	719
OEGA2N17FOR1	701	AGTCGTTTCATCTCTTCTGATTTCCCTCCTCCTGAAAAGTAAAACACGCG-A	749
161027	720		769
OEGA2N17FOR1	750	AGAAGTGTCTTATTGCAATGAAAATGCTTATATTAGAA-GTGACTTAGCA	798
161027	770		819
OEGA2N17FOR1	799	AATGGAGTCAAAGAGGGTT	817
161027	820		838

Query: OEGA3A22REV1
Subject: 124756

OEGA3A22REV1	2	AAA--TCAA-----GAGATT---CGTC----TACATATATGACT	31
124756	145	. .	194
OEGA3A22REV1	32	TTGCCAAGGTCACCTTATATAGGACTCCAAATTATGGTGTCTTTTTTGGT	81
124756	195	. .	244
OEGA3A22REV1	82	TTCCAATGCACCAAAT-AAAAATAAGCAATCTATTAGTGTCTTTGCAAT	130
124756	245		294
OEGA3A22REV1	131	GTTGATCAAATTAATAAATAAATGAGTAATGTTATTTAACAACACTAGTA	180
124756	295	.	344
OEGA3A22REV1	181	TTTAACATCAATTTAGATAATAGCACTAATGGTATTAGATTATAGGTTCA	230
124756	345	. . .	394
OEGA3A22REV1	231	ATTAAATACAATTAATTATTGTCCATTTATAAGATATATGATATGCTGGT	280
124756	395		444
OEGA3A22REV1	281	ACCTAGATTAATGTTCAATGTCAGTGAAGTGAGAACATTATTCTTATTTA	330
124756	445		494
OEGA3A22REV1	331	CTAGTGTGTTTGAATGTTGACCAATCACTATTGGACTATTGTCCAAAAT	380
124756	495		544
OEGA3A22REV1	381	TGTAGACATTGTGACCTAACTCTTAAAATCAACCTACAATAGAAGAAGAC	430
124756	545		594
OEGA3A22REV1	431	ATATCTGAAGACGTCAATGGTCCCACCGTCCAAGCTAAGTTCATCTCAGC	480
124756	595		644
OEGA3A22REV1	481	AAGATTCAAGACCTTTATCTGAAATTTAGCCCTTGTTTCGAGTCCTATTTT	530
124756	645		694

OEGA3A22REV1	531	TTATTTAAAATATATTCTTCAACAGTTATTTGATCTAATTTCAATCACATA	580
124756	695	TTATTTAAAATATATTCTTCAACAGTTATTTGATCTAATTTCAATCACATA	744
OEGA3A22REV1	581	TTTTTTAATAAAAATAATATTATACATAAAATTTAAAATTTTTTCCGTATTT	630
124756	745	TTTTTTAATAAAAATAATATTATACATAAAATTTAAAATTTTTTCCGTATTT	794
OEGA3A22REV1	631	TTTAATCACACGTTCTCCATTATAGTACCATTGCAAAATGCATGTTTTTA	680
124756	795	TTTAATCACACGTTCTCCATTATAGTACCATTGCAAAATGCATG-TTTTN	843
OEGA3A22REV1	681	AAAGGGGAAGGGGGGGG	697
		.	
124756	844	NAAGGGGAAGGGGGGGG	860

Query: OEGA3F20FOR1
Subject: 127667

OEGA3F20FOR1	1	ACCTAAAGTTTCCTCGTGAAATAACATTTTTGGCCTAATTAATCATTGGT	50
127667	818	ACCTAAAGTTTCCTCGTGAAATAACATTTTTGGCCTAATTAATCATTGGT	867
OEGA3F20FOR1	51	TAAACATTACATGAAATATCACCAATAAAGTTAATATTATTCATCTCCCA	100
127667	868	TAAACATTACATGAAATATCACCAATAAAGTTAATATTATTCATCTNCCA	917
OEGA3F20FOR1	101	AGTGGATTTGAAAATTAATTTAAGCTCCAGCTATTTATTAACATCATATT	150
127667	918	AGTGGATTTGAAAATTAATTTAAGCTCCAGCTATTTATTAACATCACATT	967
OEGA3F20FOR1	151	CAGATTCCTTTCTCAAACAACGAATTGAGGTACCTCTTGCATTATTAGTT	200
127667	968	CAGATTCCTTTCTCAAACAACGAATTGAGGTACCTCTTGCATTATTAGTT	1017
OEGA3F20FOR1	201	GAGCCTGAATTGGAACATTTTGAATTCGCTACTTTATAAAACATTTAAT	250
127667	1018	GAGCCTGAATTGGAACATTTTGAATTCGCTACTNTATAAAACATTTAAT	1067
OEGA3F20FOR1	251	CCTTAACGTTGTCCCTCAGGAGTCTTCTGATTAATTCTTTCACATGCTAC	300
127667	1068	CCTTAACGTTGTCCCTCAGGAGTCTTCTGATTAATTCTTTCACATGCTAC	1117
OEGA3F20FOR1	301	CAATTTCTCATTTATGTTTCAGTGAAGGCAGATGAATTTTCATCAACGATT	350
127667	1118	CAATTTCTCATTTATGTTTCAGTGAAGGCAGATGAATTTTCATCAACGATT	1167
OEGA3F20FOR1	351	AGTTTCGAATAAGAAATAAAAAGTTCATCTATTTCATGTGGATGTTGCTTG	400
127667	1168	AGTTTCGAATAAGAAATAAAAAGTTCATCTATTTCATGTGGATGTTGCTTG	1217
OEGA3F20FOR1	401	TTATGGCGTCTTTAACCTTCTTCTCCTCTTTCCTTTCTGGTGAAAATGA	450
127667	1218	TTATGGCGTCTTTAACCTTCTTCTCCTCTTTCCTTTCTGGTGAAAATGA	1267
OEGA3F20FOR1	451	TAATCTTTTACAAATGTGGAACATTTTCAGGAAAATATGGATCTTCTAGA	500
127667	1268	TAATCTTTTACAAATGTGGAACATTTTCAGGAAAATATGGATCTTCTAGA	1317
OEGA3F20FOR1	501	AGATGGATATAGAGGTGATGTTATTGGAGAAGCGACGCCTGATGTTCTTG	550
127667	1318	AGATGGATATAGAGGTGATGTTATTGGAGAAGCGACGCCTGATGTTCTTG	1367

OEGA3F20FOR1	551	TCAGTGAATTTGTATGGTCCTACTCCTACTTAATATCTCTTGTGTGCACA	600
127667	1368	TCAGTGAATTTGTATGGTCCTACTCCTACTTAATATCTCTTGTGTGCACA	1417
OEGA3F20FOR1	601	AATGTCCTTACCTCTCAGATTTTCCTTTGCTTTTCAGATAATATTTGCAC	650
127667	1418	AATGTCCTTACCTCTCAGATTTTCCTTTGCTTTTCAGATAATATTTGCAC	1467
OEGA3F20FOR1	651	AAAAGTTTAATTAATGTTCAAGTCAACATATTGATGCCCTTTGATTTCC	700
127667	1468	AAAAGTTTAATTAATGTTCAAGTCAACATATTGATGCCCTTTGATTTCC	1517
OEGA3F20FOR1	701	TGTTAATAAAAATATTCTTCTGTGTGCTAAAATTACATTAATCAAGTATGG	750
127667	1518	TGTTAATAAAAATATTCTTCTGTGTGCTAAAATTACATTAATCAAGTATGG	1567
OEGA3F20FOR1	751	ACCTACACCAAGAAATCCAGGTCGACAGCATGA--TATTTTTTGCATCTT	798
		.	
127667	1568	ACCTACACCAAGAAATCCAGGTCGACAGCATGAATAATTTTTTGCATC-T	1616
OEGA3F20FOR1	799	CATTCAATCCCTTCAGTA	816
127667	1617	CATTCAATCCCTTCAGTA	1634

Query: OEGA3K14FOR1
Subject: 104867

OEGA3K14FOR1	1	TCATGTGCCATAACATCGAGCCTATATCCACAGAACAACATTTACAAAT	50
104867	331	TCATGTGCCATAACATCGAGCCTATATCCACAGAACAACATTTACAAAT	380
OEGA3K14FOR1	51	CCAAGGGCCGGATTTCATATAACCATTTGGTTAGAGGGAACAAGATTGATCT	100
104867	381	CCAAGGGCCGGATTTCATATAACCATTTGGTTAGAGGGAACAAGATTGATCT	430
OEGA3K14FOR1	101	AGCCACGTACATCTACAATCAAATCCTTGGTACAGGCACTTGGGGTGATA	150
		.	
104867	431	AGCCACGTACATCTACAATCAAATCCTTGGNACAGGCACTTGGGGTGATA	480
OEGA3K14FOR1	151	GGCACTACTCCCTAATTTTTCCAGTCTGATATGTGGAATATGTAGAGCA	200
		.	
104867	481	GGCACTACTCCCTAATTTTTCCAGTCTGATANGTGAATATGTAGAGCA	530
OEGA3K14FOR1	201	ACAGGAATACAAATCCAACCTGGGGAAGCACCNGAAAAGCCAAGTCCCTT	250
		
104867	531	GCNNGGATACAAATCCAACCTGGGGAAGCACCNGAAAAGCCAAGNCCCTT	580
OEGA3K14FOR1	251	TATCAAGCAATCCACACTAGAGGCCCAAGACCGAGCAAGACTGAAGCACC	300
104867	581	TATCAAGCAATCCACACTAGAGGCCCAAGACCGAGCAAGACTGAAGCACC	630
OEGA3K14FOR1	301	AACAGAAATTAGAGAACGCACGGCGACTACGGCAATTGAACGAGGAAGGT	350
		. . .	
104867	631	AACAGAAATTAGAAAACGCACGACGACGACGGCAATTGAATGAGGAAGGT	680
OEGA3K14FOR1	351	CAAGCAGATGCAGACCTTGACATGCCTCAAATTCCTCCACCACCACCCCA	400
104867	681	CAAGCAGATGCAGACCTTGACATGCCTCAAATTCCTCCACCACCACCCCA	730
OEGA3K14FOR1	401	AGCTGATATGGACAATCAGTTTTGAGGCAGATTTTACCCTCCACCACAG	450
		.	
104867	731	AGCTGATATGGACAATCAGTTTTGAGGCAGATTTTACCACCACCACAG	780

OEGA3K14FOR1	451	GGATCAGCCGCGATGTGCAGAGTCTCCAGCAGGCTATGGGAATTTTGACG	500
104867	781	GGATCAGCCGCGATGTGCAGAGTCTCCAGCAGGCTATGGGAATTTTGACG	830
OEGA3K14FOR1	501	ACTGAGGTACATACAACCCACCGTGACGTCCGCATTGCCCTCTGATATGTC	550
		
104867	831	ACTGAGGTGCATACAGCCCACCGTGACGTCCGCATTGCCACTGATATGTC	880
OEGA3K14FOR1	551	ACGTGCCGCCGCCAGGATGCCAGGCAGCTAGGAGGGAGATGGACACTA	600
		.	
104867	881	ACGTGCCGCTCGCCAGGATGCCAGGCAGCTAGGAGGGAGATGGACACTA	930
OEGA3K14FOR1	601	TGAATGGTCGACTAAGTGTGTACGTGGGCA-GGTGGATGGCATCCAGCTG	649
104867	931	TGAATGGTCGACTAAGTGTGTACGTGGGCAAGGTGGATGGCATCCAGCTG	980
OEGA3K14FOR1	650	AGAGTTAATGAAACTTGGGAGCGTTA-GCCGTTTGAAGACACGTGTTGA	698
		. .	
104867	981	AGGGTAAATGAAACTTGGGAGCGTTTAGGCCGTTTGGAGACACGGGTTGA	1030
OEGA3K14FOR1	699	GGGGATCCACGAGGAAATGACACAGCAGTCAGCACTGATGAGAGAAATCA	748
104867	1031	GGGGATCCACGATGAAATGACACAGCAGTCAGCACTGATGAGAGAAATCA	1080
OEGA3K14FOR1	749	TATCTCGCCTTC	760
104867	1081	TATCTCGCCTTC	1092

Query: OEGA3N17REV1
Subject: 105766

OEGA3N17REV1	1	AGAGGCGCTGCTGCACTTCTGCAAGAGGCGTTGCACGGTGGCGGTCGAAG	50
105766	182	AGAGGCGCTGCTGCACTTCTACAAGAGGCGTTGCACGATGGCGCTCTAAG	231
OEGA3N17REV1	51	TGGATCTCTCAGCGTCGACGCCGCTGCGAACAGTTTCTCTGTGTAGGTGG	100
		
105766	232	TGGATCTCTCAGCGTCAATGCCGCTGTGAACAGTTTCTCTGTACAGGTGG	281
OEGA3N17REV1	101	ACGTGGGTGGTTTTGGTGAC-----GGTGGTGCGGCGGATCT	137
105766	282	ACGTGGGTGGTTTTGGTGACGGTGTGGAGTGATGGTGGTGCGGTGGATCT	331
OEGA3N17REV1	138	AGGTAGGACGACAGTGGTGGTAATGGTAGCGACGGTCTCCTGTTAGCAGT	187
		
105766	332	AGGTAGGATGACGGTGGTGGTGGTAGCGGCGGTCTCCTGTTAGCAGT	381
OEGA3N17REV1	188	GGGGATTTGGGTGGTGTGGTGGAGGTTGGGAACGGTGTATTGTTAGGTGT	237
		.	
105766	382	AGGGATTTGGGTGGTGTGGTGGAGGTTGGGAACGGTGTATTGTTAGGTGT	431
OEGA3N17REV1	238	GTTTGGTGGTGGTTCTTGTATGGTTCTCGCCCTGGTGGCTGTGGTGGTT	287
		. . .	
105766	432	GTTTGGTGGTGGTTCTTGTGTGGTTGTCTCCTGGTGGCTGTGGTGGTT	481
OEGA3N17REV1	288	TTTGGCGATGGTTCGTGTTGGCGGTGGAGAAGGTAGTGAGTTTGTGGGTTG	337
105766	482	TTTGGCGATGGTTCGTGTTGGCGGTGGAGAAGGTAGTGAGTTTGTGGGTTG	531
OEGA3N17REV1	338	GGTATTTTTGGTGTGTTTGGTGGTGGCGGTTGTGGTGGTTTTTGGCAGCG	387
105766	532	GGTATTTTTGGTGTGTTTGGTGGTGGCGGTTGTGGTGGTTTTTGGCAGCG	581

OEGA3N17REV1	388	ACGAAGGTGATTGTTCTTGGCAACCATTTTGGTGGCTGTGATGTCGTGGA	437
105766	582	ACGAAGGTGATTGTTCTTGGCNCNCATTTTGGTGGCTGTGATGTCGTGGA	631
OEGA3N17REV1	438	GTTGGTGTAGTGGTGGTGT	458
105766	632	GTTGGTGTGGTGGCGGTGT	652

Query: OEGA5M07FOR1
Subject: 1206

OEGA5M07FOR1	1	AACGTGTTTTACTGAAATTCATTAAATTCATTCAAAAAATAATTATCTCC	50
1206	246	AACGTGTTTTCTGAAATTCATTAAATTCATTAGAAAAATAATTATCTCC	295
OEGA5M07FOR1	51	CAAAGCAATTCATAATTGAGTTTTCAGGCGAGATTTTTTAATAATTTAGT	100
1206	296	CAAAGCAATTCATAATTGAGTTTTCAGGCGAGATTTTTTAATAATTTAGT	345
OEGA5M07FOR1	101	TCTTAATTGTGTATTTACAAGAATAATACTGTTTTTCCATTACATTTT	150
1206	346	TCTTAATTGTGTATTTAGAAAAATAATACTGTTTTTCTATTAGATTTT	395
OEGA5M07FOR1	151	TTCCATGTAGTTTTTCCATTTAGCTTTTTTATGTTTTGAAGGTTACGAA	200
1206	396	TTCCATGTAGCTTTTTCCATTTAGCTTTTTTATATTCTGAAGGTTACGAA	445
OEGA5M07FOR1	201	TTCCATAACAATGTGAGTTATAATTTTGTGATTCA-TTTTTTCCCTCTAT	249
		.	
1206	446	TACCATAACAANGTGAGTTATAATTTTGNATTCATTTTTTTCCCTNCTAT	495
OEGA5M07FOR1	250	TAGTGTAGCGCATCCATAGGTGAACCCACATGGGTTTCATGTTGGCGGGGT	299
1206	496	TAGTGTAGNGNATCCATAGGNGAACCCACATGGGTTTCATGTNGGNGGGGT	545
OEGA5M07FOR1	300	CAAGTGACCCACATATTTTTTTTTGAAAAATCCAT-ATTGTTTGATGTC	348
1206	546	CAAGTGACCCACATNTTTTTTTTG-AAAATCTATAATTGTTTGATGTC	594
OEGA5M07FOR1	349	AAAAAAAATTGAAA-ATTGTTATTTTTAATCCCATTTCAA---GCCTCAT	394
		.	
1206	595	AAATAAAATTGAAATATT-NTATTCTTAATCCCATTTCAAAGTG-CTCAT	642
OEGA5M07FOR1	395	AACCTA-TTTTTGCTATTTAATGGCCCTTAAAAT-GTTAACTATTGAAAA	442
		.	
1206	643	GACCTATTTTTTGCTTTTTAATGGCACATGAAGTGGTTAACTATTGTAAA	692

Query: OEGA6E01FOR1
Subject: 100173

OEGA6E01FOR1	1	GTACCGTCATTTGGCATTATTTAATTTCTCACTGAAATAAGTAATAGGGT	50
		. .	
100173	629	GTACCTTAACTTGGCATCATTTAGTTTCTCATTGAAATAAGCAATAGGGT	678
OEGA6E01FOR1	51	GGCGCTCTTAGCTCAAACCTCCACCTATCCCTACCGCAGAGGCATCGCAT	100
		. .	
100173	679	GGCTTTCATAGCTC-AAACTCCACCTACTCCTACCTCGGAGGCATCACAT	727
OEGA6E01FOR1	101	TCTACCTC-AAAAACTTTGAAAAATCGGGAAGTCGCATGACTGGAGCTT	149
		.	
100173	728	TCGACCTCAAAAAACTTTGGAGAAATCAGGAAGTCGCATGATTGGAGCTT	777

OEGA7A16FOR1	350	TGGGAGAATGGAGGGAGTGAATTTGGGCTGTGATGAGGAAATCCGAAGCT	399
158805	727	TGGGAGAATGGAGGGAGTGAATTTGGGCTGTGATGAGGAAATCCGAAGCT	775
OEGA7A16FOR1	400	GTAACAGTCTTGATTCTCAAGCAAATCAGCCCATCTTTTGCAAAGAGGAC	449
		.	
158805	776	GTAACAGTCTNGATTCTCAAGCAAATCAG-CCATCTTTTGCAAAGAGGAC	824
OEGA7A16FOR1	450	TCTACTTTGGCTTATGGGGACACAAAAT-AGTTGGTTCATTCATCTTTTT	498
		.	
158805	825	TCTACTTTGGCTTATGGGGACACAAAATAAGTTGGTTCATTCATCTTTTT	874
OEGA7A16FOR1	499	CATACAATGTTTAGTTTTATCTTATCAATGGGACTTCA-AAATAGGGGAA	547
158805	875	CATACAATGTTTAGTTTTATCTTATCAATGGGACTTCAAGAAATAGGGGAA	924
OEGA7A16FOR1	548	ACTAGAAACTAGAAAAG-ATAGATTATC-GTACCAAATAATAT	588
		.	
158805	925	ACTAGAAACTAGAAAAGAATAGA-TATCAGTACAAAATAATAT	966

Query: OEGA7C17REV1
Subject: 104811

OEGA7C17REV1	1	GTAGTTAAAAAGAGTGTAGGTTTTTCATTGGGGTGATGAACAGGAACTTGC	50
		.	
104811	199	GTAGTTAAAAAGAGTGTAGGTTTTTCATTGGGGTGATGAACANGAACTTGC	248
OEGA7C17REV1	51	ATTTAATACTGTTAAAGGTAGATTGTGTGAAGCACCTGTTTTGGCATTAC	100
		.	
104811	249	ATTTAATACTATTTAAAGGTAGATTGTGTGAAGCACCTGTTTTGGCATTAC	298
OEGA7C17REV1	101	CTAACTTTGATAAAACAGTTGAGATTGAGTGTGATGCATCAGGAATAGGG	150
		. .	
104811	299	CTAACTTTGANAAAACATTCGAGATTGAGTGTGATGCATCAGGAATAGGG	348
OEGA7C17REV1	151	ATTGGAGCAGTTTTAATGTAGGATCAGAGGCCTATTGCATACTTTAGCGA	200
		. .	
104811	349	ATTGGAGCAGTTTTAATGCAGGATCGGAGGCCTATTGCATACTTTAGCGA	398
OEGA7C17REV1	201	GAAATTGACTGGAGCTGCTTTAAATTATCCTACATATGACAAAGAACTTT	250
		.	
104811	399	GAAATTGAGTGGAGCTGCTTTAAATTATCCTACATATGACAAAGAACTTT	448
OEGA7C17REV1	251	ATGCACTTGTTCGAGCTTTGGAGACTTGGCAACATTATCTATGGCCGAAG	300
104811	449	ATGCACTTGTTCGAGCTTTGGAGACTTGGCAACATTATCTATGGCCGAAG	498
OEGA7C17REV1	301	GAGTTTGTAAATACATACCGATCATGAGTCACTAAAGCACTTGTGGGGACA	350
		. .	
104811	499	GAGTTCGTAATACACACCGATCATGAGTCACTAAAGCACTTGCAGGGACA	548
OEGA7C17REV1	351	AGGTAAATTGAACAAGAGGCATGCACAGTGGATGAAATTCATTGAGACCT	400
		. .	
104811	549	AGGTAAATTGAACAAGAGGCATGCACAGTGGATGGAATTCATTGAGACCT	598
OEGA7C17REV1	401	TTCCATACGTCATTCCGGTATAACAAGTAAAGGAAAATGTGGTGGCGGAT	450
		. . .	
104811	599	TTCCATACGTCATTCCGGTATAANCNAGGTAAGGAAAATGTGNTNGCGGAT	648
OEGA7C17REV1	451	GCGTTGTCGTGAAAGTACGTATTGCTCACTACTCTTGATTCTAAGTTACT	500
		. . .	
104811	649	GCGTTGTCGCGAAGGTACNNATTGCTAACTACTCTTNATTCTAAGTTACT	698

OEGA7C17REV1	501	TGGATTTGAACATATT-AGGAATTGTATG-AAAAGATGTTGAATTTTTGA	548
		. .	
104811	699	TGGNTTTGAACATATTAAGGAATTGTATGAAAAAGATGTTGAATTTTNGG	748
OEGA7C17REV1	549	ATATTTATTTGTCATGCAT-AAAGGGGCGGTTGATA-GTTCTTTA-GCAT	595
		.	
104811	749	ATATTTATTTGTCATGCATAAAAGGGGTGGTTGATAGGTTCTTTAGGCAT	798
OEGA7C17REV1	596	GAGGGTTATTTATTT--GGAAAATAGGTTATGGTGTTCCTAATTGT	639
		. .	
104811	799	GAGGGGTATTTATTTTCGGGAAAATAGGTTAT-GTGTTCNTAATTGT	843

Query: OEGA8A14REV1
Subject: 37000

OEGA8A14REV1	1	ATCTAATTTTTCTGTATTTTGTGG-AAAGATTTGGCCTTGTAATGGAAGA	49
37000	848	ATCTAATTTTTCTGTATTTTGTGGAAAAGATTTGGCCTTGTAATGGAAGA	897
OEGA8A14REV1	50	GATATTGTGGAATCTTTGAAGCTATATGGGTTGTCTTTATTTGCTATTTT	99
37000	898	GATATTGTGGAATCTTTGAAGCTATATGGGTTGTCTTTATTTGCTATTTT	947
OEGA8A14REV1	100	AGCTGATGTTTAGAACTGGGTTTGGAGCTATTTTGTATACTTTGACGTTT	149
37000	948	AGCTGATGTTTAGAACTGGGTTTGGAGCTATTTTGTATACTTTGACGTTT	997
OEGA8A14REV1	150	TTTGACTAGAACTTAGCTCTTGGAGTGGAAGAGATATTTTGTTTTCTTTT	199
37000	998	TTTGACTAGAACTTAGCTCTTGGAGTGGAAGAGATATTTTGTTTTCTTTT	1047
OEGA8A14REV1	200	GCTCTATTTGGGTTTTCTACAGAATGGCTGAAAAGTACTTTTCTGTTTTT	249
37000	1048	GCTCTATTTGGGTTTTCTACAGAATGGCTGAAAAGTACTTTTCTGTTTTT	1097
OEGA8A14REV1	250	TTTTCTACATTTGACTAATTTCTGAAATGATTTGAGTAATTTTAGGTGA	299
37000	1098	TTTTCTACATTTGACTAATTTCTGAAATGATTTGAGTAATTTTAGGTGA	1147
OEGA8A14REV1	300	TTCTTGGGGCTGGAGGAAATAAATACTGGAAGTGAAGGGTTATTTGGTAAA	349
37000	1148	TTCTTGGGGCTGGAGGAAATAAATACTGGAAGTGAAGGGTTATTTGGTAAA	1197
OEGA8A14REV1	350	GGTTTTTCCAGGTGGAGGGAGGTGGGCTAGGATTTTGGGTTTTGTAAAAC	399
37000	1198	GGTTTTTCCAGGTGGAGGGAGGTGGGCTAGGATTTTGGGTTTTGTAAAAC	1247
OEGA8A14REV1	400	ATGGGATTAGGTGGTGTATGCATTGAAGAAGGAGTCTTGGGATGTGGGGAA	449
37000	1248	ATGGGATTAGGTGGTGTATGCATTGAAGAAGGAGTCTTGGGATGTGGGGAA	1297
OEGA8A14REV1	450	ATCAAAGGGGAGAAAGAAGAAAGATGGTACTCTGAGGAGGAGACCGGGT	499
37000	1298	ATCAAAGGGGAGAAAGAAGAAAGATGGTACTCTGAGGAGGAGACCGGGT	1347
OEGA8A14REV1	500	GTTGGATTAAATTGAGGTTTATTGGCAGCTGTATGTCATCAAGATCTAAA	549
37000	1348	GTTGGATTAAATTGAGGTTTATTGGCAGCTGTATGTCATCAAGATCTAAA	1397
OEGA8A14REV1	550	GTTGATAGCTCCATTAGTAGCATCAGCACTCACTGTGGTAATG-CTTTAA	598
37000	1398	GTTGATAGCTCCATTAGTAGCATCAGCACTCACTGTGGTAATGTCTTTAA	1447

OEGA8A14REV1	599	CTTGTAGC-TTCAA-TTTTTATTTATTTATTTTTTTATATCTCGACTGGT	646
37000	1448	CTTGTAGCTTCAATTTTTATTTATTTA-TTTTTATATCTCGACTGGT	1496
OEGA8A14REV1	647	ATGAAGTTTTGCTTAATAGTA	667
		.	
37000	1497	ATGA--GTTTGCTTAATAGTA	1515

Query: OEGA8J23REV1
Subject: 110847

OEGA8J23REV1	1	ATTCGAATTGAACCATATATCCTTTTG-AACCTAAACAAATAAGCAAAAT	49
110847	1249	ATTCGAATTGAACCATATATCCTTTTGAAACCTAAACAAATAAGCAAAAT	1298
OEGA8J23REV1	50	GAGCCTGTGGACTACAAACCATTCAAAAACTAGAAGTAACTGGCATT	99
110847	1299	GAGCCTGTGGACTACAAACCATTCAAAAACTAGAAGTAACTGGCATT	1348
OEGA8J23REV1	100	GCTAGATAGTTATAAGTTCATCCTAGTTTAGATCGAATAGACATTAATGT	149
110847	1349	GCTAGATAGTTATAAGTTCATCCTAGTTTAGATCGAATAGACATTAATGT	1398
OEGA8J23REV1	150	AAAGTAGGATAATTAGAACTTTATTAAGAGAATACAAATTGAAAGATT	199
110847	1399	AAAGTAGGATAATTAGAACTTTATTAAGAGAATACAAATTGANAGATT	1448
OEGA8J23REV1	200	AAAGGTACAATAGAAGAAGCTTCAACCCATTCCATGACAAATTCAGTTGA	249
110847	1449	AAAGGTACAATAGAAGAAGCTTCAACCCATTCCATGACAAATTCAGTTGA	1498
OEGA8J23REV1	250	AAAATAGTTTTATCATTGATTCAGTTTTAACGAATTA AAAATCCTTGCCG	299
110847	1499	AAAATAGTTTTATCATTGATTCAGTTTTAACGAATTA AAAATCCTTGCCG	1548
OEGA8J23REV1	300	GAACGGTTGATGCATATATTGGGTAATTAGCATTTTAACTGAATATAAAG	349
110847	1549	GAACGGTTGATGCATATATTGGGTAATTAGCATTTTAACTGAATATAAAG	1598
OEGA8J23REV1	350	ATTTTCGTTCTTCCCATCATCATTTTTAACATAGATCTCCATTTGATCAC	399
110847	1599	ATTTTCGTTCTTCCCATCATCATTTTTAACATAGATCTCCATTTGATCAC	1648
OEGA8J23REV1	400	TCCTGATACTTCCTCCACCATTGTTAATTTTATTATATTTAATGAATATC	449
110847	1649	TCCTGATACTTCCTCCACCATTGTTAATTTTATTATATTTAATGAATATC	1698
OEGA8J23REV1	450	CTAATATTAAGTCTACTTTGAGAAGTACAAAATCTAATTTTCTGATTC	499
110847	1699	CTAATATTAAGTCTACTTTGAGAAGTACAAAATCTAATTTTCTGATTC	1748
OEGA8J23REV1	500	TACAATAATCTTTTGAAGTGAACAGATTAATAAGGATAAAAATTACAACAT	549
		.	
110847	1749	TATAATAATCTTTTGAAGTGAACAGATTAATAAGGANAAAATTACAACAT	1798
OEGA8J23REV1	550	CATCAAGAATATTA AATTTATCTAGCAAGTAGAAATCTTTGGAATGAAAG	599
110847	1799	CATCAAGAATATTA AATTTATCTAGCAAGTAGAAATCTTTGGAATGAAAG	1848
OEGA8J23REV1	600	AGTTGAATTACAGTACTTCATCAAGAATAAACGAGTGCT-CTCGTAAAAA	648
110847	1849	AGTTGAATTACAGTACTACATCAAGAATAAACGAGTGGTACTCGTAAAAA	1898

OEGA8J23REV1	649	AAAAAAATTGAGAAAGGTTTATGGTCTTAATGGAATATAAAGGGATAGTA	698
110847	1899	.	1947
OEGA8J23REV1	699	GCAATGATGCTAAC-AGTCTTTCACATAGATGTCCTTGAATTCCGCGATT	747
110847	1948		1997
OEGA8J23REV1	748	GTGTGATAAA-GTTTTTCGAGCCAAAATTTTTAAAACAATTTCTACGTCT	796
110847	1998	. . .	2046
OEGA8J23REV1	797	GTTGTT 802	
110847	2047		
		GTTGTT 2052	

Query: OEGA8M11FOR1
Subject: 132300

OEGA8M11FOR1	1	ATTTTATGAGATATGGAAGAATTAAGAGATTGTTTAATATTAAGAATC	50
132300	191		240
OEGA8M11FOR1	51	AATACTTGCCTGAAATCCATATAACATAATCAATTAAGTGATAATATACT	100
132300	241	.	290
OEGA8M11FOR1	101	TCAATATAAGTAAACAAGAAAACACATGGAATTAGAATTAGAAGTAGCAT	150
132300	291	. .	340
OEGA8M11FOR1	151	GAATTAATTATCAACGAAAATCTAGTTATGAATTTTTAGCATATAGGGAA	200
132300	341	390
OEGA8M11FOR1	201	AGAGAATTGTTTCATATTAGCCAAACAGAAAAGATACAATTGAAATTTAA	250
132300	391		440
OEGA8M11FOR1	251	TAGATCATAGATAAGTCAAGAGTCCCATCAGTGTAGCCTTTTTTGTAAC	300
132300	441		490
OEGA8M11FOR1	301	CGTAAACATTGAGAGTTCATTATTTAGTAGTTCAAACACACGTGTCATCC	350
132300	491	. .	540
OEGA8M11FOR1	351	ATTTGTAGTTGTTTCTCTCTAACATAATCTGTCAATCTATGGTGAGACAT	400
132300	541	. . .	590
OEGA8M11FOR1	401	CGTATTACACCATTGGTCTTAAAGTTTGTAGTAACATTCCAATTGCGAT	450
132300	591	.	640
OEGA8M11FOR1	451	ATGAAGAGTCGTGAATTTGAACATTGCTTACAAATTTTCAGCAAATGTTGT	500
132300	641		690
OEGA8M11FOR1	501	CTAGCATATCTTCCAAGTATATACTGCAAAGTAAAAGATAAATCAATGA	550
132300	691	.	740
		CTAGCATATCTTCCAAGTATATACTGCAAAGTAAAANGATAAATCAATGA	

OEGA8M11FOR1	551	ATTATCGAATTTGAAATTATGTGGAAAAATGTGAATATGGAATGACATTT	600
132300	741	ATTATCGAATTTNAAATTATGTGNAAAANNGTGAATATGGAATGACATTT	790
OEGA8M11FOR1	601	TATACATTTAAGTAAAGAAAGATAACAAGTGATAAACAATCGAAGTTAAAG	650
132300	791	TATACATTTAAGTAAAGAAAGATAACAAGTGATAAACAATCGAAGTTAAAG	840
OEGA8M11FOR1	651	AGAACCTTACAATTTTTCGATGACCGTTGTGATTAGCTGTTAATGTTACT	700
132300	841	AGAACCTTACAATTTTTCGATGANCGTTGTGATTAGCTGNTAATGTTACT	890
OEGA8M11FOR1	701	TCAAAGACAAGATTACCTGTAAGTAAAGTGTCTTGTTCA-GAATATCATG	749
132300	891	TCAAAGACAAGATTACCTNTAAGTAAAGTGTCTTGTTCCAGGAATATCANN	940
OEGA8M11FOR1	750	GTCGTGTATTACCTCTAGCCCCGAACGGTATAGTATTGTGACGTTGAATG	799
		. .	
132300	941	GTNGTNTATTACCTCTNGCCCCGAACGGTATAGTATTGTGACGTTGAATG	990
OEGA8M11FOR1	800	TAGAATTCTCGTTAATATTCAAACACAAG-AGATAACCATCTTGT-AGGT	847
132300	991	TAGAATTCTCGTT-ATATTCAAACACAAGAAGATAACCATCTTGTAAAGTT	1039
OEGA8M11FOR1	848	ATGATGGTAAAAAAA	862
132300	1040	ATGATGGTAAAAAAA	1054

Query: OEGA9002FOR1
Subject: 142205

OEGA9002FOR1	1	TTATCTATTGTAAGGAGATAAGAAAAATTATGGGAAGGATGAAAAAAGGC	50
142205	877	TTATCTATTGTAAGGAGATAAGAAAAATTATGGGAAGGATGAAAAAAGGC	926
OEGA9002FOR1	51	AACGTGTCTCCAAACGACAGTGCAGAAGTCAGCTTTCCTAAAAGGCTATA	100
142205	927	AACGTGTCTCCAAACGACAGTGCAGAAGTCAGCTTTCCTAAAAGGCTATA	976
OEGA9002FOR1	101	AGGTAGTCATCATCGATTAGCATTAGAAGAGCAAACATCTCCAAAAGTC	150
142205	977	AGGTAGTCATCATCGATTAGCATTAGAAGAGCAAACATCTCCAAAAGTC	1026
OEGA9002FOR1	151	CATTCCTTGTGTAGGACCCATGCACCAATCACAGTTCAATTTATTTTGTGTC	200
142205	1027	CATTCCTTGTGTAGGACCCATGCACCAATCACAGTTCAATTTATTTTGTGTC	1076
OEGA9002FOR1	201	ATAATACCACAATGACATTAGCGATTCCAATTTATAAATAAGATAGCATT	250
142205	1077	ATAATACCACAATGACATTAGCGATTCCAATTTATAAATAAGATAGCATT	1126
OEGA9002FOR1	251	TTCGTAAATTCCATAATTAATTTTACTCATTGATGACACTCAGAAGTC	300
142205	1127	TTCGTAAATTCCATAATTAATTTTACTCATTGATGACACTCAGAAGTC	1176
OEGA9002FOR1	301	TTAATCAGTCAATCAAATACGTATGTACTAAATACACTAAAGTACAAAT	350
142205	1177	TTAATCAGTCAATCAAATACGTATGTACTAAATACACTAAAGTACAAAT	1226
OEGA9002FOR1	351	TATCCATAACATAATATATGAAAAAAGTCAAACCTTAGTTTACTCGGAAGG	400
142205	1227	TATCCATAACATAATATATGAAAAAAGTCAAACCTTAGTTTACTCGGAAGG	1276

OEGA9002FOR1	401	AAGAACCGTAAGAGTAAAGGACACTCCTCGTGATCAACCTCAACTTTCTC	450
142205	1277		1326
OEGA9002FOR1	451	TTTATTTCTCTTGCAATGCTCCAAAAGTGTGGAAGTACTAGGACACTCATCA	500
142205	1327		1376
OEGA9002FOR1	501	AAGACTAAACAATGATAGAGGTCGTGATGTACACACATCGTACTTAACAA	550
142205	1377		1426
OEGA9002FOR1	551	GTGATTTTTAAATTTACATCTTTGTTAGTGTGTTTTGCTTTTCCACGTCTT	600
142205	1427		1476
OEGA9002FOR1	601	TTATAATTAACATATGAATACTGTGGAAAAATTTTATAACTACAATATAA	650
142205	1477		1526
OEGA9002FOR1	651	TTTTAAAATTCATAGATTTGTCAAAAAACTTTCAAAAACTAAATAGCATG	700
142205	1527		1576
OEGA9002FOR1	701	TAATGGTGGCCTTTTCCAATAAATGATCGTAACCCAT-AATTTTATGATT	749
142205	1577		1626
OEGA9002FOR1	750	GTGACATATTATATGATGTCTAATTGTGAAATAATTTATATGTGACATAT	799
142205	1627		1676
OEGA9002FOR1	800	TATTTGTTAGTACGCGACT	818
142205	1677		1695