

genome scaffold_3:7796500-7798450

7796500 TTTTATTTAAGATTACTTTAAATTTATTTTTATTTATTATCTATGATTT
550 AACTAAATTGGTACTTTTACTTCTACTAACTCTTGAGATTAAATTTTCAT
600 TACTTGTATATTTAAAAATTTATCAATAAAAATTAACATTTAATAATTTAT
650 TGCATTATTTGATTGTACTAAATTTAATAATCACTAATATAATATTA
700 AATAATCATGCAAAATATTAGCACCATTAATTAATTGATTCTATATAATA
750 TTTTTAATAAATTGCTAAAAATTAATTAATATTTAGATTGTTTTATGTA
800 TTTTTATTTTATTATTATATTATGACTGCCCAATAAATTTAAATTTTCTT
850 ATTAATTAATTTTAAATGATTTTCATTATGATTATAAAATTTTATGAA
900 TAATTAATATTATTTAAATATCAACTTAAATGCTATTTAATCTTATCTA
950 AATATAATTTAATTTTACCAAATAAGACTATAAAATATAATCAATCTTA
7797000 ATCCAATCTAACTTAATCCAGTCTAATTTTAATAATTAGTCCAATTC
050 TATACGTGCCAAACGTAACCTAATAGTCTTGATAAATCCCCTTTGTGAA
100 CTTATTGCTTTAACCTCAGTTTAAAATTACTIONTTAATCTTAGTTAGT
150 TACATGACAAGAAAAGAAAAAAGTTCTTTTTCTTGTTACGCAT
200 CACTCTCATCATTATTAATACTGCAGTCGCTGACTTTTTTGTTCAAG
250 TAAGTAATAAATAATCTTTTCTTTCTTAATCTTTAATTATTAGATAAT
300 TTTAATATATTTTTTTTTCTATTTCAAATGGCAAAGAAAGACAGAGAAT
350 GTACAAGAATAGAGATTTTTTAAGAAAAAATTTCAAATAAAAGGAATA
400 ATCCATTTAACAAATCAAATGTCAAAAAGTTAAGACAAAATTTGGGTG
450 CAGATTACTAAATCTATGGCCATCAAGATAATCAATCTTTTGC TTTTT
500 TTTATTGCTAGATTTTTGCTTCTTTATAGTAGATCGG TTTCTTCTTCTCT
550 TCTTCTTCTGAGATAAACAATAATAAAGGAAAGCAATGGGGTTTAAAGAG
600 GAGGGTTCATCGAGGGTTAGCCCTTGTAACTTATGTGATTTAGATAATC
650 AACAGACATAATACAACAGGCTTGAATTAATCAAAGACACATGAATAAC
700 AAGTCTTAATAAAAAAATAAAATGGGAAAGTCATTGAAGCTTGCTTGCT
750 GTG TTTGCTCTGGTTTGCTTCTCCTGCCTTGTGAGCATCGCCGGTGCCCA
800 AAACGGAACGTACCCGTGGTGTGTGATAAATTTTATTATTGCAGCATTG
850 ATTTTCAATATTGTACTAAAATTTGATACCCGTGGTGCCTAAGTCAATGGA
900 AGGAGGACAAAATTTCTGCGGAGTAGAGCACTTGTGAGGTCGAAATTTCT
950 AATCTAACAAATTGAAGCATTGGGACATAGGCCTAATTGTATTTGTTTCAT
7798000 TGATGAATGTGAACATGTGATGAATCTTTTTCGGATTTTGCTAATCCATG
050 GGAATTTATAATCTCGAAGATGGAAGCATCAATGGTAAACATTTTTTGTAG
100 ACCCATCAATCAATCCGTCTATGTGGGTGGAACAAATTAACTTCCAGC
150 ATCTTTATCAATCTATCATTTCATTGGTTTTTTAATTTATCAAATCATT
200 ATTTATTAACCTACCAATTATGGGTATTAATTTATTCAGTGTATACGCT
250 ATTGTTGCGTACTCTTTAAACATCACCTCTTTGCTTGCTTACTCTAAAAA
300 TAAATAATAATAATAATAATAAATGCAACATTAATCTTCTTTCAATATCA
350 ACAATTTTTTTTTTTTCAAACAAGAAATTAGTAATAATTAATGAAATCA
400 CATAGAATAGACTCAATTTTTTTTTTTCTTTCTTCTTGAAGCAATCAACT
450 GTATCGCTTAAAAAATGTTTGTGAATGTGCTTCCATCTTCGATATTATA