

MGAS27556	sof	1	TTGACAATTGTAAGTATAAACTTAGAAGATTCTGTAGGGCTGTCGCCGAACGATGCTGATAGCTCGACAGTTAGGACAGGAGGTTAGTA	100
MGAS26786	sof	1	TTGACAATTGTAAGTATAAACTTAGAAGATTCTGTAGGGCTGTCGCCGAACGATGCTGATAGCTCGACAGTTAGGACAGGAGGTTAGTA	100
MGAS27027	sof	1	TTGACAATTGTAAGTATAAACTTAGAAGATTCTGTAGGGCTGTCGCCGAACGATGCTGATAGCTCGACAGTTAGGACAGGAGGTTAGTA	100

MGAS27556	sof	101	CTGGTCTAGCAGTACTGAGAGGAGTGTAGTACTAATAGTACCGCTAGCGCTGGTACAGTACGAGTGGAGACGCTGCCAGGGAACTGGGAGTGA	200
MGAS26786	sof	101	CTGGTCTAGCAGTACTGAGAGGAGTGTAGTACTAATAGTACCGCTAGCGCTGGTACAGTACGAGTGGAGACGCTGCCAGGGAACTGGGAGTGA	200
MGAS27027	sof	101	CTGGTCTAGCAGTACTGAGAGGAGTGTAGTACTAATAGTACCGCTAGCGCTGGTACAGTACGAGTGGAGACGCTGCCAGGGAACTGGGAGTGA	200

MGAS27556	sof	201	AGCAGCTGAGTATCTAGCGAAGGAAGTCAGAGGTTCAAGACCTAACACCTAACAGCACAGCTTAGAACAACTACAGCACACGTC	300
MGAS26786	sof	201	AGCAGCTGAGTATCTAGCGAAGGAAGTCAGAGGTTCAAGACCTAACACCTAACAGCACAGCTTAGAACAACTACAGCACACGTC	300
MGAS27027	sof	201	AGCAGCTGAGTATCTAGCGAAGGAAGTCAGAGGTTCAAGACCTAACACCTAACAGCACAGCTTAGAACAACTACAGCACACGTC	300

MGAS27556	sof	301	CCATCATCGAACCTCTTACTAGTAGTAGTGAGATAAAGGCTTAAGGCAGCAAGCACTAAATCATCTCAGCAACTGTGGCTAGCTTAGTATGGTA	400
MGAS26786	sof	301	CCATCATCGAACCTCTTACTAGTAGTGAGATAAAGGCTTAAGGCAGCAAGCACTAAATCATCTCAGCAACTGTGGCTAGCTTAGTATGGTA	400
MGAS27027	sof	301	CCATCATCGAACCTCTTACTAGTAGTGAGATAAAGGCTTAAGGCAGCAAGCACTAAATCATCTCAGCAACTGTGGCTAGCTTAGTATGGTA	400

MGAS27556	sof	401	GCAATCAAGGTGCTGGTGTGAAGATGTCAGCACAGATGATGGACGTGGACGGTATACAGTTGATAGGGAAAAACAGAGCTAAATATTAAGACGGTAA	500
MGAS26786	sof	401	GCAATCAAGGTGCTGGTGTGAAGATGTCAGCACAGATGATGGACGTGGACGGTATACAGTTGATAGGGAAAAACAGAGCTAAATATTAAGACGGTAA	499
MGAS27027	sof	401	GCAATCAAGGTGCTGGTGTGAAGATGTCAGCACAGATGATGGACGTGGACGGTATACAGTTGATAGGGAAAAACAGAGCTAAATATTAAGACGGTAA	500

MGAS27556	sof	501	GACTCCAAAAGTGAAGATAGTGTGATAAGATACAAAGCTTATTAGAACCCGATGGCAACACGGCTGATATTGTTGATACGGCTGAAGTAAA	600
MGAS26786	sof	500	GACTCCAAAAGTGAAGATAGTGTGATAAGATACAAAGCTTATTAGAACCCGATGGCAACACGGCTGATATTGTTGATACGGCTGAAGTAAA	599
MGAS27027	sof	501	GACTCCAAAAGTGAAGATAGTGTGATAAGATACAAAGCTTATTAGAACCCGATGGCAACACGGCTGATATTGTTGATACGGCTGAAGTAAA	600

MGAS27556	sof	601	GATAATGGCGACGGAACCTTATAGTAACTTAAAGTAACCTAACACCTAACAGGTTAACGGTGGCGATTTAGTGTCTCTAAAGA	700
MGAS26786	sof	600	GATAATGGCGACGGAACCTTATAGTAACTTAAAGTAACCTAACACCTAACAGGTTAACGGTGGCGATTTAGTGTCTCTAAAGA	699
MGAS27027	sof	601	GATAATGGCGACGGAACCTTATAGTAACTTAAAGTAACCTAACACCTAACAGGTTAACGGTGGCGATTTAGTGTCTCTAAAGA	700

MGAS27556	sof	701	TGACGGATGCTGATTTAAACGCTAAGGATAAGATCAAGAAATTAGTCACACCTAACAGGATAACTCAGATAATGAGCATAA	800
MGAS26786	sof	700	TGACGGATGCTGATTTAAACGCTAAGGATAAGATCAAGAAATTAGTCACACCTAACAGGATAACTCAGATAATGAGCATAA	799
MGAS27027	sof	701	TGACGGATGCTGATTTAAACGCTAAGGATAAGATCAAGAAATTAGTCACACCTAACAGGATAACTCAGATAATGAGCATAA	800

MGAS27556	sof	801	ACATAATTCTCGAAATTCTGGTGTGATGACCTTATTACCGTGGAGATTAGCAGACCCAATTGATATACCGGAAACACTGATGCTGAACCTGATAAATTA	900
MGAS26786	sof	800	ACATAATTCTCGAAATTCTGGTGTGATGACCTTATTACCGTGGAGATTAGCAGACCCAATTGATATACCGGAAACACTGATGCTGAACCTGATAAATTA	899
MGAS27027	sof	801	ACATAATTCTCGAAATTCTGGTGTGATGACCTTATTACCGTGGAGATTAGCAGACCCAATTGATATACCGGAAACACTGATGCTGAACCTGATAAATTA	900

MGAS27556	sof	901	TTAGACGATCTCGAGTAAAGCTAAAGCTATTATGACTGGGGGGTGTATTACAGGCTGATCCAAAGCTGGGAAATTTTAATAAGGAAAAG	1000
MGAS26786	sof	900	TTAGACGATCTCGAGTAAAGCTAAAGCTATTATGACTGGGGGGTGTATTACAGGCTGATCCAAAGCTGGGAAATTTTAATAAGGAAAAG	999
MGAS27027	sof	901	TTAGACGATCTCGAGTAAAGCTAAAGCTATTATGACTGGGGGGTGTATTACAGGCTGATCCAAAGCTGGGAAATTTTAATAAGGAAAAG	1000

MGAS27556	sof	1001	AGTCAAAAAAAGCCGACGATATCTGCTCTCTCAAGGGAGTGTGACTTTAGTGTATTTACAGGCTGATTTAGTGTGACTTTACGGGATTTAC	1100
MGAS26786	sof	1000	AGTCAAAAAAAGCCGACGATATCTGCTCTCTCAAGGGAGTGTGACTTTAGTGTGATTTACAGGCTGATTTAGTGTGACTTTACGGGATTTAC	1099
MGAS27027	sof	1001	AGTCAAAAAAAGCCGACGATATCTGCTCTCTCAAGGGAGTGTGACTTTAGTGTGATTTACAGGCTGATTTAGTGTGACTTTACGGGATTTAC	1100

MGAS27556	sof	1101	TCGTATAAACGAAAAAAATTACCTCTCTT-AATCCGCTGTTGGCCACCAATTTCGATCAGCATAACATGGAGATATGATGTTG	1199
MGAS26786	sof	1100	TCGTATAAACGAAAAAAATTACCTCTCTT-AATCCGCTGTTGGCCACCAATTTCGATCAGCATAACATGGAGATATGATGTTG	1198
MGAS27027	sof	1101	TCGTATAAACGAAAAAAATTACCTCTCTT-AATCCGCTGTTGGCCACCAATTTCGATCAGCATAACATGGAGATATGATGTTG	1200

MGAS27556	sof	1200	AGCTTAAATTGCTTAGTAAGCTAGTATAAAAGATTTATCATGGATTGAAACATCACTTGTGCTTAAGCGTAGGAAGTAACCTGTTGGTCT	1299
MGAS26786	sof	1199	AGCTTAAATTGCTTAGTAAGCTAGTATAAAAGATTTATCATGGATTGAAACATCACTTGTGCTTAAGCGTAGGAAGTAACCTGTTGGTCT	1298
MGAS27027	sof	1201	AGCTTAAATTGCTTAGTAAGCTAGTATAAAAGATTTATCATGGATTGAAACATCACTTGTGCTTAAGCGTAGGAAGTAACCTGTTGGTCT	1300

MGAS27556	sof	1300	GTTTTGGGGGGTGTGACTAGCGCAGTACCTAACCTTAAAGAATATGATTCAACAAATTAAAGGACCAATTGTTAGTATACAAACGGTAGGGC	1399
MGAS26786	sof	1299	GTTTTGGGGGGTGTGACTAGCGCAGTACCTAACCTTAAAGAATATGATTCAACAAATTAAAGGACCAATTGTTAGTATACAAACGGTAGGGC	1398
MGAS27027	sof	1301	GTTTTGGGGGGTGTGACTAGCGCAGTACCTAACCTTAAAGAATATGATTCAACAAATTGTTAGTATACAAACGGTAGGGC	1400

MGAS27556	sof	1400	AAGGATATCATTATCATAGTTTCAAACTAGGAATCTGAGGATAAAATGCTCTGAAACAGAATTAAAGCTTGTGACTTTACCAAATT	1499
MGAS26786	sof	1399	AAGGATATCATTATCATAGTTTCAAACTAGGAATCTGAGGATAAAATGCTCTGAAACAGAATTAAAGCTTGTGACTTTACCAAATT	1498
MGAS27027	sof	1401	AAGGATATCATTATCATAGTTTCAAACTAGGAATCTGAGGATAAAATGCTCTGAAACAGAATTAAAGCTTGTGACTTTACCAAATT	1500

MGAS27556	sof	1500	CGAAGAAAATACGGTTACCAAAAGCTAACTAAATCTGGATTGAAAGATAACAGCTGAAACGCCAACCTTGATGTAATCATGAAAGTATTTAAAGT	1599
MGAS26786	sof	1499	CGAAGAAAATACGGTTACCAAAAGCTAACTAAATCTGGATTGAAAGATAACAGCTGAAACGCCAACCTTGATGTAATCATGAAAGTATTTAAAGT	1598
MGAS27027	sof	1501	CGAAGAAAATACGGTTACCAAAAGCTAACTAAATCTGGATTGAAAGATAACAGCTGAAACGCCAACCTTGATGTAATCATGAAAGTATTTAAAGT	1600

MGAS27556	sof	1600	GTCTCTACAGGCCAGTACCACTATTATAATCAGCAGTACCCGAGGCTAAGATGGCGAGAAGAGGGCATTACCTCTATTCCGTT	1699
MGAS26786	sof	1599	GTCTCTACAGGCCAGTACCACTATTATAATCAGCAGTACCCGAGGCTAAGATGGCGAGAAGAGGGCATTACCTCTATTCCGTT	1698
MGAS27027	sof	1601	GTCTCTACAGGCCAGTACCACTATTATAATCAGCAGTACCCGAGGCTAAGATGGCGAGAAGAGGGCATTACCTCTATTCCGTT	1700

MGAS27556	sof	1700	ATGTTACTGCTTAAACCCGCTAGAGAGGTGAAGCGACAAACAGCAGTGTGCTAAAGAACACTAAAGGAAGAAGACGTAATAAGGTTGATGAT	1799
MGAS26786	sof	1699	ATGTTACTGCTTAAACCCGCTAGAGAGGTGAAGCGACAAACAGCAGTGTGCTAAAGAACACTAAAGGAAGAAGACGTAATAAGGTTGATGAT	1798
MGAS27027	sof	1701	ATGTTACTGCTTAAACCCGCTAGAGAGGTGAAGCGACAAACAGCAGTGTGCTAAAGAACACTAAAGGAAGAAGACGTAATAAGGTTGATGAT	1800

MGAS27556	sof	1800	GAAAAAGATGCTGAAGGGCGTAACGCTTAAACGATGTTGATAAGCGAGATAAGTCAAAACACTTACGATTAAGACGAGTTT	1899
MGAS26786	sof	1799	GAAAAAGATGCTGAAGGGCGTAACGCTTAAACGATGTTGATAAGCGAGATAAGTCAAAACACTTACGATTAAGACGAGTTT	1898
MGAS27027	sof	1801	GAAAAAGATGCTGAAGGGCGTAACGCTTAAACGATGTTGATAAGCGAGATAAGTCAAAACACTTACGATTAAGACGAGTTT	1900

MGAS27556	sof	1900	GACGCCAAGGTTAGTGTGATAAAACCTCATATCACTACAGTGTGCTAAACTTCTGAGGCTAGTAATGTTGGCTACTACCAAAGAACGTC	1999
MGAS26786	sof	1899	GACGCCAAGGTTAGTGTGATAAAACCTCATATCACTACAGTGTGCTAAACTTCTGAGGCTAGTAATGTTGGCTACTACCAAAGAACGTC	1998
MGAS27027	sof	1901	GACGCCAAGGTTAGTGTGATAAAACCTCATATCACTACAGTGTGCTAAACTTCTGAGGCTAGTAATGTTGGCTACTACCAAAGAACGTC	2000

MGAS27556	sof	2000	TCACCTGGGACCATTCACAAAGAGCAGTTGAAAAACGGCTTACCTTACCTTACAGTGGATAACCAACAGTTAA	2099
MGAS26786	sof	1999	TCACCTGGGACCATTCACAAAGAGCAGTTGAAAAACGGCTTACCTTACCTTACAGTGGATAACCAACAGTTAA	2098
MGAS27027	sof	2001	TCACCTGGGACCATTCACAAAGAGCAGTTGAAAAACGGCTTACCTTACCTTACAGTGGATAACCAACAGTTAA	2100

MGAS27556 sof 2100 AACAGCTCTGAGGGAAAATAAAGAAGAGAACAAACGTTACACCTACAGAAAATGAAACTGTACAGAAAAATCATTCAAATACTACT 2199
 MGAS26786 sof 2099 AACAGCTCTGAGGGAAAATAAAGAAGAGAACAAACGTTACACCTACAGAAAATGAAACTGTACAGAAAAATCATTCAAATACTACT 2198
 MGAS27027 sof 2101 AACAGCTCTGAGGGAAAATAAAGAAGAGAACAAACGTTACACCTACAGAAAATGAAACTGTACAGAAAAATCATTCAAATACTACT 2200

 MGAS27556 sof 2200 ACCTACGAAATTATGAACAAAAGTTGAAGGGAACAAACTTGGTATGTTAGTCTGACATACAGTAATTCAAGGTTCTGTACCACAGATTGATGGGC 2299
 MGAS26786 sof 2199 ACCTACGAAATTATGAACAAAAGTTGAAGGGAACAAACTTGGTATGTTAGTCTGACATACAGTAATTCAAGGTTCTGTACCACAGATTGATGGC 2298
 MGAS27027 sof 2201 ACCTACGAAATTATGAACAAAAGTTGAAGGGAACAAACTTGGTATGTTAGTCTGACATACAGTAATTCAAGGTTCTGTACCACAGATTGATGGC 2300

 MGAS27556 sof 2300 ATGTTATTGAGCCACAAGCACCACATTACCTAAGTACCTCTGTATTGAGCATGGCCCTAACTTGGTATGAGCATGGGAGAACAGGTTACGTAC 2399
 MGAS26786 sof 2299 ATGTTATTGAGCCACAAGCACCACATTACCTCTGTATTGAGCATGGCCCTAACTTGGTATGAGGAGAACAGGTTACGTAC 2398
 MGAS27027 sof 2301 ATGTTATTGAGCCACAAGCACCACATTACCTCTGTATTGAGCATGGCCCTAACTTGGTATGAGGAGAACAGGTTACGTAC 2400

 MGAS27556 sof 2400 ACTTAAACATGGCGCACATGCACTGACAGCACACAGTGAACATTGAGAACACAGTCTCAACGTCAGATATCCTGTAGGGGGTAGAGTGCAC 2499
 MGAS26786 sof 2399 ACTTAAACATGGCGCACATGCACTGACAGCACACAGTGAACATTGAGAACACAGTCTCAACGTCAGATATCCTGTAGGGGGTAGAGTGCAC 2498
 MGAS27027 sof 2401 ACTTAAACATGGCGCACATGCACTGACAGCACACAGTGAACATTGAGAACACAGTCTCAACGTCAGATATCCTGTAGGGGGTAGAGTGCAC 2500

 MGAS27556 sof 2500 GTTGACATCACCAGAACGATACCGTATGTCAGGTCAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGCAGCTAACGTCAGATGTCTTGTG 2599
 MGAS26786 sof 2499 GTTGACATCACCAGAACGATACCAACCGGTATGTCAGGTCAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGCAGCTAACGTCAGATGTCTTGTG 2598
 MGAS27027 sof 2501 GTTGACATCACCAGAACGATACCAACCGGTATGTCAGGTCAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGCAGCTAACGTCAGATGTCTTGTG 2600

 MGAS27556 sof 2600 GTGGTCAAAGTGAGCCAATCGATATCAGTAAAGATACCAACCAAGTGTGTCAGGCTCAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGTACCTCAACG 2699
 MGAS26786 sof 2599 GTGGTCAAAGTGAGCCAATCGATATCAGTAAAGATACCAACCAAGTGTGTCAGGCTCAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGTACCTCAACG 2698
 MGAS27027 sof 2601 GTGGTCAAAGTGAGCCAATCGATATCAGTAAAGATACCAACCAAGTGTGTCAGGCTCAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGTACCTCAACG 2700

 MGAS27556 sof 2700 TCCAGATATCCTTGTGGCGTCAAAGTGATAATCGATATCAGGAAAGATACCAACCAAGGTATGTCAGGCTCAAATGACGCTACTGTATCGAAGAA 2799
 MGAS26786 sof 2699 TCCAGATATCCTTGTGGCGTCAAAGTGATAATCGATATCAGGAAAGATACCAACCAAGGTATGTCAGGCTCAAATGACGCTACTGTATCGAAGAA 2798
 MGAS27027 sof 2701 TCCAGATATCCTTGTGGCGTCAAAGTGATAACGAGGACATCCACCCAGGTATGTCAGGCTCAAATGACGCCAGTTGTCAGGGAGACACAGTACCTCAACG 2800

 MGAS27556 sof 2800 GATACGAAACCAAACGCTTCTCCACTTGTGATAACGAGGCCAACGACAGCAGAAAACCTAAAGAGCACCCATCTCAGCCTACACAGCTCCAGTCT 2899
 MGAS26786 sof 2799 GATACGAAACCAAACGCTTCTCCACTTGTGATAACGAGGCCAACGACAGCAGAAAACCTAAAGAGCACCCATCTCAGCCTACACAGCTCCAGTCT 2898
 MGAS27027 sof 2801 GATACGAAACCAAACGCTTCTCCACTTGTGATAACGAGGCCAACGACAGCAGAAAACCTAAAGAGCACCCATCTCAGCCTACACAGCTCCAGTCT 2900

 MGAS27556 sof 2900 ATAAGGCAGCTCATCTTGCCTGCATCTGGAGACAAACGTAAGGATCTTCAATTGTCAGGTTGCTCAAACATTGGAGCTGCAGGTTGCTCAGCAA 2999
 MGAS26786 sof 2899 ATAAGGCAGCTCATCTTGCCTGCATCTGGAGACAAACGTAAGGATCTTCAATTGTCAGGTTGCTCAAACATTGGAGCTGCAGGTTGCTCAGCAA 2998
 MGAS27027 sof 2901 ATAAGGCAGCTCATCTTGCCTGCATCTGGAGACAAACGTAAGGATCTTCAATTGTCAGGTTGCTCAAACATTGGAGCTGCAGGTTGCTCAGCAA 3000

 MGAS27556 sof 3000 AAAACGTCGCAGACCGAAGAAAACCTAA 3027
 MGAS26786 sof 2999 AAAACGTCGCAGACCGAAGAAAACCTAA 3026
 MGAS27027 sof 3001 AAAACGTCGCAGACCGAAGAAAACCTAA 3028
