Table S1. Open reading frames (ORF) and DHS elements on 10 fragments of linear plasmids of *Borrelia hermsii* with *vsp* and *vlp* genes and shown in physical maps of Figure 2

Fragment (size)	ORF	Start position	End position	Positions 22-23 of UHS of ≥33 nt
I	PF50	1	156	
(14,338 bp)	PF32	176	300	
lp28-1	*tra* fragment	420	646	
	PF49	1376	807	
	PF32	2133	1390	
	PF50	2312	2139	
	tra fragment	2618	2844	
	γvlp39	3980	3063	
	δvlp36	4177	5253	T-
	vsp13	5373	6022	T-
	γvlp19	7109	6153	
	vsp28	7684	8334	G-
	γvlp fragment	9098	8355	
	δvlp pseudogee	9091	9960	
	vsp28 pseudogene	10080	10729	
	γvlp5	11778	10852	
	αvlp7	12094	13203	T-
	vsp26	13340	13981	
	DHS$_a$	14025	14237	
II	PF145	1	192	
(8,913 bp)	*femD* fragment	548	333	
lp32-1	*vsp6*	680	1327	T-
	DHS$_b$	1371	1583	
	vsp69 pseudogene	1627	2209	
	αvlp7	2441	3550	T-
	vsp26	3687	4328	
	DHS$_a$	4372	4584	
	γvlp pseudogene	4621	5505	
	PF62	6011	6595	
	BBG30	6600	7073	
	bdr (PF80)	7810	7151	
	PF88	8644	7844	
III	PF50	11	502	
(16,331 bp)	PF32	481	1218	
lp28-2	PF49	1307	1841	
	PF161	2260	2472	
	PF112	2704	2543	
	PF113	3439	3124	
	vsp30	3761	4416	
	δvlp17 pseudogene	4727	5632	
	αvlp25	5932	6884	
	βvlp pseudogene	7037	7990	
	αvlp21	8212	9306	T-
	βvlp34	9348	10418	
	DHS$_d$	10484	10696	
	δvlp16	10819	11885	
	γvlp73	12095	12981	
	δvlp fragment	13115	13704	
	PF62	13869	14384	
	BBG30	14450	14719	
	bdr	15670	14933	
	PF88	16330	15704	
IV	BB086	40	279	
(22,593 bp)	BB163	275	505	
lp28-3	PF32	1037	468	
	PF50	1573	1016	
	PF62	2259	1630	
	bdr	3626	3970	
	vsp11	4149	4761	
	vsp8	5094	5639	
	γvlp48	5824	6862	T-
	vsp58	6979	7599	
	DHS$_k$	7643	7856	
	vsp22	7977	8633	T-
	DHS$_c$	8677	8889	
	βvlp32	9010	10095	T-
	δvlp23	11240	10185	T-
	PF32	11576	12016	
	PF49	12103	12504	
	PF96	13374	13015	
	mlp (PF113)	14479	14057	
	PF113	15133	14513	
	PF115	15318	15582	
	PF145	15875	16232	
	femD fragment	16677	16373	
	δvlp42	16720	17808	T-
	DHS$_e$	17850	18062	
	γvlp fragment	18100	18468	
	PF12	19451	20362	
	BBK32	21848	20763	
	bdr fragment	21923	22093	
V	*δvlp61*	186	1212	
(16,853 bp)	*αvlp62*	1381	2463	T-
	βvlp pseudogene	2601	3580	
	vsp63	3873	4513	
	γvlp64	4774	5754	
	δvlp fragment	5897	6340	
	PF62	7233	6518	
	PF104	7921	8319	
	PF86	8465	8658	
	BBG17	9097	9861	
	PF101	9861	11697	
	bdr	11906	12322	
	hypothetical protein	12437	12859	
	hypothetical protein	12859	13691	
	methylase fragment	14026	14319	
	methylase	14593	16851	
VI	PF96	745	5	
(23,848 bp)	*mlp*	1675	1262	
	PF115	1847	2404	
	PF145	2424	3465	
	bdr fragment	4029	3874	
	PF88	4403	4113	
	vsp24	4641	5285	T-
	DHS$_f$	5328	5541	
	vsp1	5663	6307	T-
	DHS$_g$	6350	6563	
	vsp27	6685	7335	T-
	bdr	7850	8251	
	PF146	8359	8639	
	mlp	9250	8822	
	PF113	9894	9289	
	vsp2	10081	10728	T-
	DHS$_h$	10772	10985	
	vsp72	11133	11729	
	γvlp37	11844	12890	
	vsp59	13658	13014	
	αvlp44	14887	13779	TA
	PF12	15820	15569	
	γvlp pseudogene	16857	16068	
	βvlp46	18061	16958	T-
	βvlp9	19260	18184	T-
	γvlp49	20392	19366	T-
	βvlp fragment	20930	21412	
	BBG30	21837	21968	
	bdr	22953	22153	
	PF88	23787	22987	
VII	PF113	566	97	
(22,769 bp)	*vsp68*	829	1458	
	PF145	1842	2177	
	bdr	2220	2738	
	αvlp18	2974	4056	T-
	DHS$_i$	4174	4386	
	vsp69	4424	5068	
	βvlp10	5344	6366	
	δvlp56	6480	7481	
	αvlp70	7746	8756	
	βvlp71	8801	9868	
	γvlp43	9987	10877	G-
	δvlp4	11151	12110	
	vsp3	12248	12885	T-
	γvlp43 pseudogene	13139	13959	
	PF62	14611	15189	
	BBG30	15191	15586	
	bdr	16465	15752	
	PF88	17254	16499	
	PF94	17556	17253	
	tsf elongation factor	18240	17647	
	BBQ67	19254	19105	
	hypothetical protein	20425	19589	
	hypothetical protein	20843	20421	
	bdr	21365	20958	
	PF101	11768	21584	
VIII	PF32	305	54	
(21,706 bp)	*βvlp14*	641	1723	T-
lp28-4	DHS$_j$	1803	2015	
	γvlp65	2132	3217	
	vsp66	3958	3354	
	γvlp65 pseudogene	5138	4062	
	DHS$_j$	5467	5255	
	γvlp54 pseudogene	6573	5548	
	PF161	7066	7317	
	δvlp pseudogene	7527	8456	
	γvlp pseudogene	8534	9366	
	δvlp fragment	9758	10546	
	γvlp77	11133	12067	
	βvlp12	12238	13294	GA
	γvlp54	13421	14452	GA
	δvlp76	15600	14563	GA
	γvlp53	16732	15728	
	PF57	16738	17463	
	PF32	17692	18399	
	PF49	18733	19062	
	vsp pseudogene	19638	20213	
	vsp75	20616	21260	
IX	*γvlp* fragment	363	581	
(2,625 bp)	*δvlp17*	721	1782	T-
	DHS$_l$	1863	2075	
	γvlp fragment	2113	2481	
X	*βvlp* fragment	1	551	
(2,583 bp)	*δvlp79*	670	1770	
	PF12	2132	2583	

Table S2. Polymorphic sites (positions 22-23) of UHS regions of relapse expression sites and archival sites.

Relapse isolate[a]	Expression site UHS	UHS for archival gene	Archival UHS length in nts[b]
1-7-20	T-	T-	45
1-7-12	T-	T-	45
1-7-40	T-	T-	45
1-7-24	T-	T-	45
2-7-2	T-	T-	53
2-7-4	T-	T-	53
2-7-9	T-	T-	53
2-7-21	T-	T-	53
2-7-145	T-	T-	53
6-7-16	T-	T-	48
6-7-150	T-	T-	48
6-7-11	T-	T-	48
6-7-147	T-	T-	48
6-7-144	T-	T-	48
6-7-148	T-	T-	48
17-7-37	GA	T-	45
17-7-148	T-	T-	45
17-7-150	T-	T-	45
17-7-144	T-	T-	45
7/18-7-22	T-	T-	61
18-7-10	T-	T-	46
18-7-18	T-	T-	46
18-7-20	T-	T-	46
18-7-4	T-	T-	46
18-7-21	T-	T-	46
18-7-2	T-	T-	46
18-7-23	T-	T-	46
18-7-138	T-	T-	46
18-7-146	T-	T-	46
24-7-13	T-	T-	59
24-7-18	T-	T-	59
24-7-22	T-	T-	59
24-7-8	T-	T-	59
24-7-3	T-	T-	59
24-7-5	T-	T-	59
24-7-6	T-	T-	59
24-7-10	T-	T-	59
24-7-17	GA	T-	59
24-7-151	T-	T-	59
24-7-155	T-	T-	59
1-17-14	GA	T-	45
1-17-3	GA	T-	45
2-17-9	GA	T-	53
2-17-10	GA	T-	53
2-17-6	GA	T-	53
2-17-11	GA	T-	53
2-17-15	GA	T-	53
2-17-93	GA	T-	53
2-17-8	GA	T-	53
2-17-96	GA	T-	53
6-17-18	T-	T-	48
7-17-109	GA	T-	61
14-17-13	GA	T-	61
14-17-2	GA	T-	61
16-17-96	G-	None	32
18-17-4	GA	T-	46
18-17-5	GA	T-	46
18-17-6	GA	T-	46
18-17-14	GA	T-	46
18-17-15	GA	T-	46
18-17-19	GA	T-	46
18-17-98	GA	T-	46
24-17-16	GA	T-	59
24-17-5	GA	T-	59
24-17-4	GA	T-	59
24-17-12	GA	T-	59
27-17-109	GA	T-	45
42-17-109	GA	T-	48
46-17-91	T-	T-	61
58-17-1	GA	None	5

[a] Relapse serotype-infecting serotype-mouse number. Relapses in italics are used in the analysis for Figure 3.

[b] Length of sequence that was >90% identical in nts to the UHS at the expression site.

Table S3. DHS elements at expression sites for infecting and relapse isolates and the presumptive donor at archival site

Infecting serotype	Relapse isolate[a]	DHS site	DHS type	Polymorphic positions 23	42	47	59	68	78	81	93	99	107	120	129	137	149	154	163	167	192	195	198	211	213
7	1-7-12, 20, and 40	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
	1-7-24	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	2-7-2, 4, 9, and 21	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	h	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	C	A	C	T	G
		Relapse expression	h/a	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	C	A	C	C	A
	6-7-16 and 150	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	6-7-11	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f/a	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	17-7-37	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	7/18-7-22	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
	18-7-4, 10, 18, and 21	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
	18-7-20	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
	18-7-2	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i/a	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	18-7-23	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i/a	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
	24-7-8, 13, 18 and 22	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
	24-7-3	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f/a	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
	24-7-5, 6, and 10	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f/a	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	24-7-17	Infecting expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
17	1-17-14	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
	1-17-3	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	d	G	G	G	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	d	G	G	G	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
	2-17-9 and 10	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	h	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	C	A	C	T	G
		Relapse expression	h/l	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	C	A	C	C	A
	2-17-6, 11, and 15	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	h	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	C	A	C	T	G
		Relapse expression	h/l	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	T	-	C	C	A
	2-17-91	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	h	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	C	A	C	T	G
		Relapse expression	h	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	T	A	A	T	.	.	.	.	.
	2-17-93	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	2-17-8	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	?	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
		Relapse expression	h/f	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	C	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
	6-17-18	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	13-17-89	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	14-17-2 and 13	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	j	G	G	G	C	C	A	G	G	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	j	G	G	G	C	C	A	G	G	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	18-17-4, 5, 6, 14, 15, and 19	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
	18-17- 102 and 113	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	i	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	i/l	G	A	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	24-17-16	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
	24-17-5	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f/l	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	-	C	C	A
	24-17-4 and 114	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	f	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	G	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	f/l	G	G	G	C	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	24-17-12	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	b	G	G	G	C	C	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	26-17-2, 13, 17, 19, and 107	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	a	G	G	G	C	C	A	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	27-17-109	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	A	C	C	A
		Relapse expression	g	G	G	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	42-17-109	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	e	T	G	G	C	T	A	G	A	A	A	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	e	T	G	G	C	T	A	G	A	A	A	T	G	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	46-17-94	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	d	G	G	G	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Relapse expression	d	G	G	G	T	C	G	G	A	A	A	T	A	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	58-17-1	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	k	T	G	G	C	T	G	G	A	C	A	T	A	G	T	A	G	C	C	A	T	T	A
		Relapse expression	k/l	T	G	G	C	T	G	G	A	C	A	T	A	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
	4-17-115	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	?	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
		Relapse expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	16-17-107	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	?	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
		Relapse expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.
	16-17-96	Infecting expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	T	-	C	C	A
		Archival donor	?	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
		Relapse expression	l	T	G	G	T	T	A	G	G	C	G	T	G	T	C	A	A	T	.	.	.	.	.

[a] Relapse serotype-infecting serotype-mouse number.

Table S4. Alignment of nucleotide sequences of the 3' UTR for *vsp* and *vlp* genes at expression sites for previously identified serotypes (E) and relapse isolates (R) and at archival sites (A)

Isolate	Nucleotide position																																																											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61
A1	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E1	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R1-7-24	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R1-7-12	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R1-7-20	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R1-7-40	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R1-17-3	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R1-17-14	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A2	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E2	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-7-2	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-7-4	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-7-9	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-7-21	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-8	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-9	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-10	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-11	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-15	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-91	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-6	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R2-17-93	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A3	G	G	T	A	T	A	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	A	T	C	T	T	A	T	T	A	C	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	T	T	A	A	G	G	T	A	A	A	A	G	G	T	A	A	G	A	T	C	T	G	G	G
E3	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A6	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E6	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R6-7-11	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R6-7-16	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R6-7-150	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R6-17-18	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A8	C	T	A	A	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	T	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	T	T	A	A	G	T	A	A	A	A	G	G	T	A	A	G
E8	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A11	C	T	A	A	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	T	T	A	A	G	T	A	A	G	C	T	G	T	A	A	G	A
E11	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A13	C	T	A	-	G	G	A	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	A	T	T	T	A	A	G	T	A	A	A	A	A	G	T	A	A	A	C	T
E13	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R13-17-89	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A22	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E22	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A24	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E24	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-8	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-6	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-5	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-3	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-22	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-18	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-17	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-13	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-7-10	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-17-5	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-17-4	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-17-16	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-17-12	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R24-17-114	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A26	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E26	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R26-17-107	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R26-17-19	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R26-17-17	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R26-17-13	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R26-17-2	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A27	C	T	A	-	A	A	G	T	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	A	T	A	T	T	A	T	T	A	T	A	A	A	A	A	T	T	A	T	T	C	C	T	A	T	T	A	G	T	A	C	T	G	T	T	C	T	T	G	A
R27-17-109	C	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A58	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	C	A	A	G	G	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
R58-17-1	T	T	A	-	G	G	G	A	A	T	A	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	G	T	A	G	T	T	A	T	T	A	C	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A18	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
E18	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-4	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-10	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-18	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-20	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-21	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-2	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R7/18-7-22	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-7-23	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-4	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-5	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-6	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-14	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-15	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-19	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-102	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
R18-17-113	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
A25	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
E25	G	A	T	A	G	A	T	A	G	T	T	A	G	A	T	T	A	A	T	T	A	C	T	T	A	A	A	A	G	T	A	A	G	A	G	T	A	G	A	A	G	G	C	A	A	T	C	T	T	A	G	A	G	A	T	G	C	G	T	C	T
A16	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	G	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	C	G	T	T	T	C	T	C	T
E16	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	G	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
R16-17-96	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
R16-17-107	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A17	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
E17	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
R17-7-37	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A42	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-
R42-17-109	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A	A	-	-	-	-	-
A4	A	T	A	A	A	G	A	A	C	T	A	G	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	T	A	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	C	A	A	T	G	G	A	A	A	C	T	C	T	T	T	T
E4	A	T	A	A	A	G	A	A	C	T	A	G	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
R4-17-115	A	T	A	A	A	G	A	A	C	T	A	G	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A23	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	A	G	G	A	A	A	C	T	A	C	A	C	T	C	C	T	G	C	A	T	T	A	A	A	A	C	A	A	G	A	A	A	A
E23	A	T	A	A	A	G	A	A	C	T	A	G	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A14	-	A	T	C	G	T	C	A	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
E14	-	A	T	C	G	T	C	A	A	A	C	T	A	A	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
R14-17-2	-	A	T	C	G	T	C	A	A	A	C	T	A	A	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
R14-17-13	-	A	T	C	G	T	C	A	A	A	C	T	G	A	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	C	G	C	T	T	C	T	C	T
E9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A10	G	T	T	A	T	C	T	A	A	T	T	A	A	A	T	A	A	T	C	T	A	A	A	T	A	A	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	T	T	A	G	G	C	A	A	A	C	T	C	T	T	C	T	C	T	T
E10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	G	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	-	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A12	-	A	T	C	G	T	C	A	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	C	G	C	T	T	C	T	C	T
E12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A34	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A46	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	-	T	A	A	G	G	G	A	A	G	C	G	C	T	T	C	T	C	T
R46-17-94	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A5	T	T	A	A	G	G	G	T	A	A	A	T	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	-	G	G	A	A	A	T	G	C	T	T	T	T	C	T
E5	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A19	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	G	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	T	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	C	G	C	T	T	T	T	C	T
E19	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T
A54	T	T	A	A	G	G	A	T	A	A	A	T	A	T	A	A	A	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	G	T	A	A	G	G	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	C	T

Nucleotide position																																																							
62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A	A	A	A	A	T	A	A	A	G	T	C	T	A	T	A	A	A	T	A	A	T	A	A	T	C	T	G	G	G	A	G	T	T	T	G	T	T	C	T	C	T	T	A	G	C	T	T	A	T	T	T	T	G	T	T
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A	G	C	T	G	G	C	A	A	A	A	A	T	A	A	A	G	T	C	A	T	T	T	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	C	T	T	T	T	C	T	T	G	T	T	T	T	C	G	G	C	A	C	A	G	G	A
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
G	C	A	G	G	T	A	A	A	A	A	T	A	A	A	G	T	C	A	A	A	A	A	G	G	A	A	T	A	G	G	A	A	G	C	T	A	G	G	A	G	C	G	T	A	A	T	G	C	T	C	T	T	G	G	C
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A	A	C	C	C	T	C	C	T	G	T	A	T	C	A	A	T	A	A	C	A	A	G	A	A	A	A	G	C	G	T	T	T	C	C	C	T	T	A	C	A	A	T	A	A	C	T	T	T	A	T	C	C	T	T	T
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	T	T	A	G	C	T	A	C	A	A	T	A	A	G	T	T	A	A	A	A	A	T	A	A	A	A	G	A	C	C	C	T	A	T	C	A	C	C	T	T	T	A	C	G	A	C	A	G	A	T	A	C	T	A	A
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	A	A	T	T	G	G	C	T	G	C	T	G	G	A	T
C	A	G	A	T	G	C	C	T	T	C	T	A	T	A	T	T	G	T	T	G	T	A	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	A	G	A	A	G	T	T	A	T	T	A	T	A	A	G	A	T	A	A	G	T	T	A
T	G	T	T	T	T	C	T	G	T	G	A	G	G	T	A	G	G	A	G	A	A	C	T	A	T	T	T	G	C	T	A	G	C	G	A	T	A	G	T	T	C	T	G	T	T	G	C	T	G	G	A	A	C	T	A
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	T	T	C	T	T	T	C	T	G	T	G	A	A	A	C	A	G	G	G	G	G	A	C	T	A	T	T	T	G	G	C	T	A	G	C	G	G	T	G	T	A	G	C	T	A	A	G	C	A	T	A	A	G	T	T
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
G	C	T	T	T	T	C	C	C	T	T	A	C	A	A	T	G	A	C	T	T	T	A	T	A	T	T	T	T	T	A	G	T	T	T	A	A	C	G	A	T	T	T	A	T	T	A	G	T	A	A	T	T	G	G	T
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	C	T	A	T	G	A	A	G	C	G	G	G	A	A	A	A	C	T	A	T	T	T	G	C	T	T	G	C	T	T	A	T	A	A	T	C	T	T	G	G	C	A	C	T	G	A	A	G	C	T
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	A	T	G	A	G	A	A	C	T	G	T	T	T	T	C	C	T	T	T	T	A	T	G	T	T	T	T	A	T	A	T	A	G	C	T	C	T	C	C	T	G	A	G	T	A	A	T	A	A	G	G	A	A	T	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	G	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	C	T	T	T	T	G	T	G	A	A	G	C	A	G	G	G	A	A	A	T	T	A	T	T	T	G	C	T	A	T	A	A	G	G	A	T	A	A	A	A	G	G	C	A	A	T	G	A	A	T	A	A	G
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	C	T	A	T	A	A	A	G	C	A	G	A	A	A	A	C	T	A	A	T	T	T	A	A	G	A	A	A	A	T	A	C	A	A	G	A	T	G	C	C	G	T	T	A	C	A	T	C	T	A
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	A	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	A	T	T	G	A	T	A	C	A	G	G	A	G	G	G	T	T	A	G	T	T	T	A	C	T	T	T	T	T	A	C	T	T	A	A	A	T	A	C	T	T	A	T	C	T	T	A	T	A	A	T	A
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	G	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	A	T	T	G	A	T	A	C	A	G	G	A	G	G	G	T	T	A	G	T	T	T	A	C	T	T	T	T	T	A	C	T	T	A	A	A	T	A	C	T	T	A	T	C	T	T	A	T	A	A	T	A
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	G	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
T	G	T	T	T	T	T	A	A	T	G	C	A	G	G	A	G	T	G	T	A	G	T	T	T	C	T	C	T	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-