

>PCR1_seq-T3-1348-1f

TAATTRAATTTYGGMACCCMATTTGTTTTTAAGARTAWARGAWGKKATGAGARGSGCCW
WCWGAMTTTTCKGGTCYYAAKGGTATTTWKGACTGGAGTTGCCAGWGTAACATGKTTTT
CAYACTCARARTGRTTTTTGGSMTTTWATKRKMTTTTTTTWTGRTRTTTTTGACAKAAKCCCY
AATATYTAATA

>PCR1_vcrA circular GI 1f

GAGACWCCGMCTCCCAAARKKCTTTAGAAKTKYYTWTGTTTAWGGAYTTGCTTGTCTMGTT
KTYACCKATMAAAATTKCCSKTCMARGTRWTCTTCRTGATGTGWCMGWSTGTCYTTSTTAC
TCCCATCARMTATTACASYCSKTTCTTTKGATMTAAAYWWWMWTTKTSWKATAK GKTRCY
GGRTRAAAAGKTWTRGTTTTAMGGGGTACCTGATTTTATTTATTA

>PCR1_vcrA circular GI 1f

TTTTGTTTTTWAAGAMTAYRAGRTGWWRWGAGMGGCCCCWKCTGAGTTTTCTGTTGWYAR
TGKTCTTTGTGTCATGCKGTTTTGYGAARKGAAACATTCMAAGGTAGGCATARTKCGRGA
WGAGTAAAATARGGAWTTCATGATCTTACWGACCTGAAWCATTAMTCWMAATTAAGTCW
CATGMTGAYAGGTTSWAATTYAAATKACGTTTRCTTCGCAYGTAWWGARWAGAGACAWMS
TWTKGGTWKCWGGRGTTCTGATTTTAATTAWTACWWGGATA

>PCR1_seq-T3-1348-1f

CTTAATAACTCTAACTGATCATTAAASCTTTTCAACTTTGTCTGTTATCGATACCTGGYGTAG
ATTACGGCTCTMACTATTCTTCCWCAAACCCCTTAATTTCAATTTCAAGTCTCTCTTCTTCAT
CARTTAAATCAAAGACTTCCTTAAGGCGGKCAAGAARYGTAAGTACCTGGTATTCAAATCT
TCATAAGTTTTCAAGGGAGTCCTCAWGTCTATCTGCCATTTCTTACATTCGGMTTCRGCTGY
CTTGSAGATTCTCTCCAGTTCACTTACGTTAAGTACGTATCTAACCTTGCCGTGTGAAACTAC
TGATTTGATGCCGATAGCGCAWAAAGCCTGCYCTACATTGGAGGGTGTATATCCATATCAA
ATTCCTTTTTCTCTCTTGCCGATATCTCTCCGGCAGAAGCCCTGGKTGTCCCTTCRAGCGCYA
TAACATAGGYAGTTTGAAAACTGCTAAGATATTCCTTGCTCTCATATTTCTTGTCTTTTT
CCARWGTCTCCCTCATATCATCTTTCAWTTTCCAGTTCCTCCTTTCCCCTG

>PCR1_seq-T1-1572r

GTTGGGAGTASTGCGAAGYAGAGATASAATASGCTGTGYKRKAWWGATGKCCMGWAWTAC
TTCATAWKWCCTWGGMAAGGYGGTWTTYAGAKTCYTTMTKCCGGMGCTCTTCCTYCWAA
ASRACTTCTCTCTCCRACTGWWTATTTGGASYAATGWTRYSGGKTTTCRTAYCCRAYRGAW
CMAKWAWCTACCMYATGCCAAMRGAGAATTAKTCYWSSGGCCAAGATTWTTTACCACTR
CCTCRGWCWGTMATATTGTGYAAMTGCCCTTCTRTCCCGAGCWSATMAWCCACCGGGATG
AAMTCCTAKSCGGTGCCMTGAACCTTGATCMGCCTGGAMCTGTTTGATTCKGYCCWWKT
GGCCTTACAGAAGAACTCAKGCAGATCTGAAACCCTGACTACGWTMCTAATAGAGAATACC
TGCTTAAAGGATTGRTCAGATGCGCCTATKCGGAMTGCCCATRWGGRYTCAKACTTRTWY
YGTGGAAAMRGCTATYACCGGGAGCRTARGCCTCWMGGASRATACMSGAGTGCCTTGKA
CATGKCGGTACTATAGCCTGCCWTGTGMTWGATAATCRKATAASAKAACTMSYTTCSRCYA
TMKAKCTTWGACCKWGCTGSSTGWAGAKSTACTTKCWMTCAWAAGCCTTMASGATGAAG
TGKAAAGAGTMCAMTGGA AAAAGAKCAGGTTATMGSTAAKCTCCMCCGCATGYCATAGAT
CTATWTASACGGTCTGATACCTGAKGA AKAATA YTTAAGGCAKAMWWGACKTCTGGA
CGTCTGRRAWCWCTGGTTGTAMCTGATMTGATGYCTCTGAGCAKGCCKSKKAWACTCWT

CSAGAATCTGYCTGTACTCTGKASCRMAGGCMASCTTRCTGAA YMGAGAAAGATACCCTGA
CYATGMTGGTC

>PCR1_seq-T3-1348-1f

TGGGTCTCTTTGRAAGWKACWYCATCCWGCCACGCATCMKAAACTGACTTTACTCCAWSTC
CCCATTCTCTAAAYTTYCCAAAGAGAWGGASAYWTGGGTA ACTGAATAAAAGGYTCTGTC
CATGCTCTGAATAATCWSYACATCAAAAYGTTTGTTAATTGCGTCTTCCARCARCCTCTGYM
AGTCTTWTCKTTGTCTTAASTWATCWGCWTGTGCCTGATSASAGTWTTMCTKATARAYYTT
CCAAMGCCTTTCTTTGACAAAGYGSCTTAATAACTCTAACTGATCATTAAASCTTTTCAACTTT
GTCTGTTATCGATACCCTGGYGTAGATTACGGCTCTMACTATTCTTCCWCAA AACCCCTTAA
TTTCATTTCAAGTCTCTCTTCTTCATCARTTAAATCAAAGACTTCCTTAAGGCGGKCAAGAAR
YGTAAGTACCCTGGTATTCAAATCTTCATAAGTTTCAAGGGAGTCCTCAWGTCTATCTGCCA
TTTCTTCACATTCGGMTTCRGCTGYCTTGSAGATTCTCTCCAGTTCACTTACGTAAAGTACGT
ATCTAACCTTGCCGTGTGAAACTACTGATTTGATGCCGATAGCGCAWAAAGCCTGCYCTACA
TTGGAGGGGTGTTATATCCATATCAAATTCCTTTTTCTCTCTTGCCGATATCTCTCCGGCAGAA
GCCCTGGKTGTCCCTTCRAGCGCYATAACATAGGYAGTTTGAAAAACTGCTAAGATATTCCT
TGCTCTCATCATTTCTCTTGCTTTTTCCARWGTCTCCCTCATATCATCTTTCAWTTTCCAGTTC
CTCCTTTCCCTGTTGTACAACAAYATACATATGTTTTTCCGATTTAAGAGCCCTCACCACCC
TCGCTACYCTTTCTAGCTAAACCCTTCTCTGCTATCACCTTGGCGATATAGWCCTGGTCCSAT
ATAAGGSTCTAAAATGCCTGCCATKCCTCAGGCAAACCAGCAGATAAAAGGCTTGTGGAAC
CTTCWTCCTTGCCATGCGTACAGATATGGCTTGTACATATCGGGYACTTACGTC

>PCR2-GI_vcrA670f

GTCAGGTGAAGAGCAAAAGAAGCGAATTTTGGCCGCTAAAAAAGAGAGGTTCCCTGGTTGG
GACGGTGGGTACACGGGAGAGGGGATCAGCGGGCGGATGCACTATTTTACGCAGTAACTC
AACCATTTCCTGGTAGTGGTGAGGAAGGGCACGACTATTCCAACCTTATCCTGATCAACCC
GGTAAGTTTTAC

>PCR2-GI_10426r

GTGGGTACTTGGMATATTGGGGSTGTTACTAGCTTTGWTTGCTATTCAACACACATATGSCA
GKGSTACRTATGAATTTGAATATACGKCAGCATGGMTAGTGGGCGTCATAGYGWATTGTT
AGCTGTMGTACCGTTGTTATTTGCGGCCAGATCAGWAAGACGCASGGGAGRCMAATAACGG
GTATCTTTAAGTAGATAAAGGKAGTAAGTCGCTTGGSGTTGCACGCTTARTAAAGMATCAAGA
GCTATTTCATAAAAAGTTWACCCCCGAGTTGTATTACCCGTGGCAACTCKGGGGATTATAGTT
TTCTTTTATGTGCRMATATAACGMGAAA AKGGATACRYATAGACAGTGAAGAAGTTTATTA
TTGCAATTATTGCGCTTGKCTTATTGGGCGCCGSSMTATATGGAAATACCGGCGGCGATCAA
GATATTGATGCGTATCTAGCTGAGSTTTACCTGA

>PCR2-GI_10426r

TGGACTAACTATGCTATTTACCTGGYTAAARAGAATAATATCACTTTAAAGKGGAAATGRGT
GGGTA CTTGGMATATTGSGGCTGTTACKAGCTTTGWTTGCTATTCAACACACATATGCCAGY
GCTACATATGARWTYGAATATACGWCAGCMTGSATAGKGGGCGTCATAGTGTATTGTTAG
CTGTAGTACCGTTGTTATTTGCGGCAAGATCAGTRAGACGCAGGGTAGACAAATAACGGGTA
TCTTTAAGTAGATAAGGYAGTAAGTCGCTTGGGTTGCACGCTTAAATAAAGCAATCAAGAGCT
ATTTACATAAAAAGTTAACCCCCGAGTTGTATTACCCGTGGCAACTCGGGGGATTATAGTTTTCT

TTTATGTGCAAATATAACGAGAAAATGGATACAAATAGAYAGTGAAGAAGTTTAKTATTGC
AATTATTGCGCTGGTCTTATTGRGCGCCGGCATATATGGAAATACCGGCGGCGATC

>PCR2_vcrA670f

GATGAGATGTCAGGTGAAGAGCAAAAGAAGCGAATTTTGGCCGCTAAAAAAGAGAGGTTCC
CTGGTTGGGACGGTGGGTACACGGGAGAGGGGATCAGCGGGCGGATGCACTATTTTACGC
AGWAACTCAACCATTTCTGCTAGTGGTGAGGAAGGGCACGGACTATTCCAACCTTATCCTG
ATCAACCCGGTAAGTTTTACCAGAATAATATCRCTTTAAAGTGGAATGAGTGGGTACTTGGC
ATATTGGGGCTGTTACTAGCTTTGTTTGCTATTCAACACACATATGCCAGTGCTACATATGAA
TTTGAATATACGTCAGCATGGATAGTGGGCGTCATAGTGTTATTGTTAGCTGTAGTACCGTTG
TTATTTGCGGCAAGATCAGTAAGACGCAGGGTAGACAAATAACGGGTATCTTTAAGTAGAT
AAGGTAGTAAGTCGCTTGGGTTGCACGCTTAATAAAGCAATCAAGAGCTATTTTCATAARAGT
TAACCCCGGAGTTGTATTACCCGTGGCAACTCGGGGGATTATAGTTTTCTTTTATGTGCAAAT
ATAACGAGAAAATGGATACAAATAGACAGTGAAGAAGTTTATTATTGCAATTATTGCGCTGR
TCTTATTGSGCGCCGGCATATATGGAAATACCGGCGGCGATCAAGATATTGATGCGYATCTA
GCTGAAGCTTTAMCTGAAGMGMAGAGTTTCTCTTTTGCTTGAAGGTTCGAACG

>PCR2-GI_10426r

ACAAATAACGGGTATCTTTAAGTAGATWAGGYAGTAAGTCGCTTGGGTTGCACGCTTAATA
AAGCAATCAAGAGCTATTTTCATAMAAGTWAACCYCCGAGTTGTATTACCCGYGGCAACTCG
GGGGATTATAGYTTTTCTTTTATGTGCAAATATAACGAGAAAATGGATACAWWTAGACAGTG
AAGAAGTTTATTATTGCAATTATTGCGCTG

>PCR2-GI_10426r

ATTCAACACACATATGCCAGTGCTACATATGAAWTTGAATATACGKCAGCATGSATAGTGG
GCGTCATAGTGTTATTGTYAGCTGTAGTACCGTTGTTATTTGCGGCAAGATCAGTAASACGC
AGGGTAGACAAATAACGGGTATCTTTAAGTAGATRAGGYAGTAAGTCGCTTGGGTTGCACG
CTTAATAAAGCAATCAAGAGCTATTTTCATAAMAGTTAACCCCGGAGTTGTATTACCCGTGGC
AACTCGSGGGATTATAGTTTTCTTTTATGTGCAAATATAACGAGAMAATGGATACWAATAG
AYAGTGAAGAAGTTTATTATTGCAATTATTGCGCTGGTCTTATTGRGCGCCGGCATATATGG
AAMTACCGGCGGCGATCWAGATATTGATGYGYATCTAGCTGAAGCTTTACCTGAAGCRCAA
GAGTTTTCTCTTTTGCTTGAAGGTTCGAACGGGGACA ACTATTTATMTGGCGGATATGATGC
TRATATATTAGGYTATGTTGCTGTATCAGAAGGCTATGGTTATGGTGGCCCTCTTACGGTTGT
TACAACCTATAGTACAGATGGCACAATCGCWGCATAACCGTTCTAAAAACAAAGAGAGTG
AAGTTTGGTTTGATACCCTCTATCAATACGATTCTTTG