

Supplementary Table 1. A set of 48 sgRNAs designed based on RR722 reference sequences. sgRNA sequences are shown in black. #N/A indicates that the sgRNAs don't have a hit in RR3131. The 55mer oligo are ordered and used in sgRNA synthesis, with the promoter sequence in red and the overlap sequence in green.

sgRNA	RR722 Locations	RR3131 Locations	55mer oligo
GCAATCAAAGATGCAGCGGA	776	776	TTCTAATACGACTCACTATAGGCAATCAAAGATGCAGCGGAGTTTTAGAGCTAGA
TGTATGCACTGCACAGAACC	9065	9067	TTCTAATACGACTCACTATAGTGTATGCACTGCACAGAACC GTTTTTAGAGCTAGA
TTTTCTTCAATATGAAGCCC	14114	14125	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTTCTTCAATATGAAGCCC GTTTTTAGAGCTAGA
GCTTTTTAGGATATCGTCCC	21722	21698 (off target)	TTCTAATACGACTCACTATAGGCTTTTTAGGATATCGTCCC GTTTTTAGAGCTAGA
CGAATTTCTTTATATAAGCG	28588	28564	TTCTAATACGACTCACTATAGCGAATTTCTTTATATAAGCG GTTTTTAGAGCTAGA
GGCGATGTGCTACATATGGT	36995	36973	TTCTAATACGACTCACTATAGGGCGATGTGCTACATATGGT GTTTTTAGAGCTAGA
TTACCCGTTTCTACTGCAGT	40604	40582	TTCTAATACGACTCACTATAGTTACCCGTTTCTACTGCAGT GTTTTTAGAGCTAGA
ATTATTATTGTGGGATTAAG	51392	52772	TTCTAATACGACTCACTATAGATTATTATTGTGGGATTAAG GTTTTTAGAGCTAGA
GCGGTATCCACCCCACTGC	59529	60913 (off target)	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGGTATCCACCCCACTGC GTTTTTAGAGCTAGA
TAGCCTAGGCTTAGAGAGGC	65581	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGTAGCCTAGGCTTAGAGAGGC GTTTTTAGAGCTAGA
GTGTGACATTTTGCGCTAAG	76609	77990	TTCTAATACGACTCACTATAGGTGTGACATTTTGCGCTAAG GTTTTTAGAGCTAGA
GTTACATTACACACAACTT	86065	86656 (off target)	TTCTAATACGACTCACTATAGGTTACATTACACACAACTT GTTTTTAGAGCTAGA
GGGGCGTAAATTCTTAACAT	94393	151264 (off target)	TTCTAATACGACTCACTATAGGGGGCGTAAATTCTTAACAT GTTTTTAGAGCTAGA
GCATATTGTTTCACCTGAGT	101274	158142	TTCTAATACGACTCACTATAGGCATATTGTTTCACCTGAGT GTTTTTAGAGCTAGA
ACAACGTCATCTCGGTTATG	107153	163588	TTCTAATACGACTCACTATAGACAACGTCATCTCGGTTATGGT GTTTTTAGAGCTAGA
GAATTAAAAGAACCGATGAC	112870	169301	TTCTAATACGACTCACTATAGGAATTAAAAGAACCGATGAC GTTTTTAGAGCTAGA
CGTAAAGTTTTACTTTGCAC	118790	184425	TTCTAATACGACTCACTATAGCGTAAAGTTTTACTTTGCAC GTTTTTAGAGCTAGA
GATCTTATAAAGATAAGATG	128972	195013	TTCTAATACGACTCACTATAGGATCTTATAAAGATAAGATGGT GTTTTTAGAGCTAGA
TTTTTAATCGGCGGAATTGC	136526	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTTTAATCGGCGGAATTGCGT GTTTTTAGAGCTAGA
ACAACCCGCAATCTTGCCCTG	141414	207996	TTCTAATACGACTCACTATAGACAACCCGCAATCTTGCCCTGGT GTTTTTAGAGCTAGA
AATATTATCGGTTGGTTAGA	147554	209763	TTCTAATACGACTCACTATAGAATATTATCGGTTGGTTAGAGT GTTTTTAGAGCTAGA
ACTACAGGTATGAATCAGCT	153201	215397	TTCTAATACGACTCACTATAGACTACAGGTATGAATCAGCT GTTTTTAGAGCTAGA
TCTCTGATTTAGTTAAACTC	159515	221665	TTCTAATACGACTCACTATAGTCTCTGATTTAGTTAAACTCGT GTTTTTAGAGCTAGA
TGAGAAAAAAGATTTGCTAG	167020	229172	TTCTAATACGACTCACTATAGTGAGAAAAAAGATTTGCTAGGT GTTTTTAGAGCTAGA
GTTAAACCTACAGTGCCGAT	177007	239036	TTCTAATACGACTCACTATAGGTTAAACCTACAGTGCCGATGT GTTTTTAGAGCTAGA
GCTTCTCGATTTACCAACG	187505	249534	TTCTAATACGACTCACTATAGGCTTCTCGATTTACCAACGGT GTTTTTAGAGCTAGA
TGGATAGTCGCACACCTTGA	197054	259083	TTCTAATACGACTCACTATAGTGGATAGTCGCACACCTTGA GTTTTTAGAGCTAGA
GCGAGTTTTTATGAGTAATG	202151	264176	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGAGTTTTTATGAGTAATGGT GTTTTTAGAGCTAGA
GCGACGATGACGCTAACGTC	207665	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGACGATGACGCTAACGTCGT GTTTTTAGAGCTAGA
TCTTCAATAGGACTGAACCT	213124	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGTCTTCAATAGGACTGAACCTGT GTTTTTAGAGCTAGA

TTGTTTTACGATATAATACG	219206	No label	TTCTAATACGACTCACTATAGTTGTTTTACGATATAATACGGTTTTAGAGCTAGA
TAGGTACTGTAAGAGATAAA	224792	286921	TTCTAATACGACTCACTATAGTAGGTACTGTAAGAGATAAAGTTTTAGAGCTAGA
TAACGTATTAGATGCCACCA	230103	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGTAACGTATTAGATGCCACCAGTTTTAGAGCTAGA
AATGGGTCGGAAAGTACCGC	236513	300034	TTCTAATACGACTCACTATAGAATGGGTCGGAAAGTACCGCGTTTTAGAGCTAGA
GTTAAGTTTAGTCATCGGTT	248383	312109	TTCTAATACGACTCACTATAGGTTAAGTTTAGTCATCGGTTGTTTTAGAGCTAGA
CGAAGGGATAAATATTGCGA	253327	316470 (off target)	TTCTAATACGACTCACTATAGCGAAGGGATAAATATTGCGAGTTTTAGAGCTAGA
ATTTTCATTGTATAGATGCG	259949	323064	TTCTAATACGACTCACTATAGATTTTCATTGTATAGATGCGGTTTTAGAGCTAGA
CAGCCGTGGAAATCCTTCCG	265852	328965	TTCTAATACGACTCACTATAGCAGCCGTGGAAATCCTTCCGGTTTTAGAGCTAGA
TAGCACTTAAAAGAGGAATG	270963	334078 (off target)	TTCTAATACGACTCACTATAGTAGCACTTAAAAGAGGAATGGTTTTAGAGCTAGA
TTACTCAAATAGTGC GTTAT	275716	338834	TTCTAATACGACTCACTATAGTTACTCAAATAGTGC GTTATGTTTTAGAGCTAGA
GCCTGATGTGGATTCTATTG	282039	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGGCCTGATGTGGATTCTATTGGTTTTAGAGCTAGA
GCTCTGCCAATAATTTCTCA	289780	352752	TTCTAATACGACTCACTATAGGCTCTGCCAATAATTTCTCAGTTTTAGAGCTAGA
TAATCAAGCATTAGATAGCT	296956	No label	TTCTAATACGACTCACTATAGTAATCAAGCATTAGATAGCTGTTTTAGAGCTAGA
TTTTGCATAATTCGGGGATC	301117	364094	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTTGCATAATTCGGGGATCGTTTTAGAGCTAGA
GCGAGTTTACTTTGAAATCG	306311	368783	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGAGTTTACTTTGAAATCGGTTTTAGAGCTAGA
TATTGGATGATTTTGACACT	311699	374169	TTCTAATACGACTCACTATAGTATTGGATGATTTTGACACTGTTTTAGAGCTAGA
ATTTAAACGAATCCGAGTGA	316712	379182	TTCTAATACGACTCACTATAGATTTAAACGAATCCGAGTGAGTTTTAGAGCTAGA
TTACTCTTGATTAGTGGTA	322607	#N/A	TTCTAATACGACTCACTATAGTTACTCTTGATTAGTGGTAGTTTTAGAGCTAGA

Supplementary Table 2. A set of 162 sgRNAs designed based on RR722 reference sequences. sgRNA sequences are shown in black. The 55mer oligo are ordered and used in sgRNA synthesis, with the promoter sequence in red and the overlap sequence in green.

sgRNA	RD location	55mer oligo
CAAAGCGCACCACGACTGAC	5938	TTCTAATACGACTCACTATAGCAAAGCGCACCACGACTGACGTTTTAGAGCTAGA
ACTGAACCTTGCAGTACCTC	12179	TTCTAATACGACTCACTATAGACTGAACCTTGCAGTACCTCGTTTTAGAGCTAGA
TTTGTGTACTCAGCCCGACC	19802	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTGTGTACTCAGCCCGACCGTTTTAGAGCTAGA
AGTAGCCGTTGCAGGGACAC	26907	TTCTAATACGACTCACTATAGAGTAGCCGTTGCAGGGACACGTTTTAGAGCTAGA
ATTGGAAAAAAACAGGCCAC	34250	TTCTAATACGACTCACTATAGATTGGAAAAAAACAGGCCACGTTTTAGAGCTAGA
GTAGTGGATAACAACCTCGGC	50008	TTCTAATACGACTCACTATAGGTAGTGGATAACAACCTCGGCGTTTTAGAGCTAGA
AATAAACATCACCTGTACAC	58678	TTCTAATACGACTCACTATAGAATAAACATCACCTGTACACGTTTTAGAGCTAGA
CGAAAAAATTTTCGGCGGGC	70676	TTCTAATACGACTCACTATAGCGAAAAAATTTTCGGCGGGCGTTTTAGAGCTAGA
CAATGGCTAATTGGGCTCGG	78546	TTCTAATACGACTCACTATAGCAATGGCTAATTGGGCTCGGGTTTTAGAGCTAGA
TTTATGATAAAAGGACTCGC	86825	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTATGATAAAAGGACTCGCGTTTTAGAGCTAGA
ATGTAGCTCGGTTCGACTCC	91668	TTCTAATACGACTCACTATAGATGTAGCTCGGTTCGACTCCGTTTTAGAGCTAGA
AGAAAGTGGGGCGGGAGCCT	108151	TTCTAATACGACTCACTATAGAGAAAGTGGGGCGGGAGCCTGTTTTAGAGCTAGA
AATACAGGTACTGCCCCGCG	119595	TTCTAATACGACTCACTATAGAATACAGGTACTGCCCCGCGGTTTTAGAGCTAGA
TAGCTCAGTTGGTAGAGCCC	129036	TTCTAATACGACTCACTATAGTAGCTCAGTTGGTAGAGCCCGTTTTAGAGCTAGA
GCACCAATTCCGCCCGCCCC	153371	TTCTAATACGACTCACTATAGGCACCAATTCCGCCCGCCCCGTTTTAGAGCTAGA
TTACAAACCAATGCCGTCGA	162155	TTCTAATACGACTCACTATAGTTACAAACCAATGCCGTCGAGTTTTAGAGCTAGA
CAAAGCAACGACCAACAGCC	168440	TTCTAATACGACTCACTATAGCAAAGCAACGACCAACAGCCGTTTTAGAGCTAGA
ATTGTAGAAGTACCGAGAGC	189456	TTCTAATACGACTCACTATAGATTGTAGAAGTACCGAGAGCGTTTTAGAGCTAGA
CGATTAATGGCAGTGGACAC	205901	TTCTAATACGACTCACTATAGCGATTAATGGCAGTGGACACGTTTTAGAGCTAGA
ATACAATGTTGAAGCGCCTC	223392	TTCTAATACGACTCACTATAGATACAATGTTGAAGCGCCTCGTTTTAGAGCTAGA
GCGGCGATTGTTTCCTTCCC	232915	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGGCGATTGTTTCCTTCCCGTTTTAGAGCTAGA
GCGGGTACAGAAGAGGCTCC	250043	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGGGTACAGAAGAGGCTCCGTTTTAGAGCTAGA
GCGGCGGGTAAAATCCCGGG	258497	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGGCGGGTAAAATCCCGGGGTTTTAGAGCTAGA
GCTTTTTGCCCCCTCCTCTC	265487	TTCTAATACGACTCACTATAGGCTTTTTGCCCCCTCCTCTCGTTTTAGAGCTAGA
TGGTTATTTTATCTTCCCGG	274257	TTCTAATACGACTCACTATAGTGGTTATTTTATCTTCCCGGTTTTAGAGCTAGA

CCGCCGCCACTGCCTCCCTC	279533	TTCTAATACGACTCACTATAGCCGCCGCCACTGCCTCCCTCGTTTTAGAGCTAGA
TATCCAAAGGCTCTCACTCC	285332	TTCTAATACGACTCACTATAGTATCCAAAGGCTCTCACTCCGTTTTAGAGCTAGA
CAGTGAAATTAGCGGCAGGC	302615	TTCTAATACGACTCACTATAGCAGTGAAATTAGCGGCAGGCGTTTTAGAGCTAGA
GCAATACGCTCACTACGCGC	313570	TTCTAATACGACTCACTATAGGCAATACGCTCACTACGCGCGTTTTAGAGCTAGA
CGTAATATTTGACGAGACTC	321776	TTCTAATACGACTCACTATAGCGTAATATTTGACGAGACTCGTTTTAGAGCTAGA
TTGGCGATTCTATCGGGCCT	337549	TTCTAATACGACTCACTATAGTTGGCGATTCTATCGGGCCTGTTTTAGAGCTAGA
TAACCAGTTACGCGAGAGCC	346272	TTCTAATACGACTCACTATAGTAACCAGTTACGCGAGAGCCGTTTTAGAGCTAGA
GAAATCGTCGATACAGACCC	355793	TTCTAATACGACTCACTATAGGAAATCGTCGATACAGACCCGTTTTAGAGCTAGA
TGTATTGGGACTGGACTCCA	365830	TTCTAATACGACTCACTATAGTGTATTGGGACTGGACTCCAGTTTTAGAGCTAGA
AGTTATTTTTCCCGATCCT	368652	TTCTAATACGACTCACTATAGAGTTATTTTTCCCGATCCTGTTTTAGAGCTAGA
ATCTAATGCACCACTAGGAC	373328	TTCTAATACGACTCACTATAGATCTAATGCACCACTAGGACGTTTTAGAGCTAGA
TCGGAGACGAGTGCCTCGCC	392488	TTCTAATACGACTCACTATAGTCGGAGACGAGTGCCTCGCCGTTTTAGAGCTAGA
GTCAAAGTGTTTCGCGGGCC	400723	TTCTAATACGACTCACTATAGGTCAAAGTGTTTCGCGGGCCGTTTTAGAGCTAGA
TGTTTCGTGCCGTGGGAGGCG	423932	TTCTAATACGACTCACTATAGTGTTTCGTGCCGTGGGAGGCGGTTTTAGAGCTAGA
CCTCGCACCAAAGAGATCCG	447969	TTCTAATACGACTCACTATAGCCTCGCACCAAAGAGATCCGGTTTTAGAGCTAGA
GAAACTTACGTTGTCTTCC	464749	TTCTAATACGACTCACTATAGGAAACTTACGTTGTCTTCCGTTTTAGAGCTAGA
TGTTCTGGTAAAGAGACCTC	488176	TTCTAATACGACTCACTATAGTGTTCTGGTAAAGAGACCTCGTTTTAGAGCTAGA
TGTCGGTTGGTAACCTACCG	500843	TTCTAATACGACTCACTATAGTGTCGGTTGGTAACCTACCGGTTTTAGAGCTAGA
TTTCAATTTATTGACCTCCG	514817	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTCAATTTATTGACCTCCGGTTTTAGAGCTAGA
CCGCCATTTTATCCCCGGC	535877	TTCTAATACGACTCACTATAGCCGCCATTTTATCCCCGGCGTTTTAGAGCTAGA
CCAACCATTAATCCGTCTCG	545907	TTCTAATACGACTCACTATAGCCAACCATTAATCCGTCTCGGTTTTAGAGCTAGA
ATGGGAAGAAAACCTGACGGA	560347	TTCTAATACGACTCACTATAGATGGGAAGAAAACCTGACGGAGTTTTAGAGCTAGA
ACTTTCATACGGAGGGCGC	563926	TTCTAATACGACTCACTATAGACTTTCATACGGAGGGCGCGTTTTAGAGCTAGA
TCAACTCACTGGGGACGGC	571057	TTCTAATACGACTCACTATAGTCAACTCACTGGGGACGGCGTTTTAGAGCTAGA
AGCACAATGGGCTTGGACCC	589432	TTCTAATACGACTCACTATAGAGCACAATGGGCTTGGACCCGTTTTAGAGCTAGA
AGTGACATTCCGCACTCGTC	592755	TTCTAATACGACTCACTATAGAGTGACATTCCGCACTCGTCGTTTTAGAGCTAGA
GGTTCGTTACCTTACCCTCC	612802	TTCTAATACGACTCACTATAGGGTTCGTTACCTTACCCTCCGTTTTAGAGCTAGA
TCTACACGTTGATAGGTGCC	617003	TTCTAATACGACTCACTATAGTCTACACGTTGATAGGTGCCGTTTTAGAGCTAGA
TACATTACACCAGTCCCCGG	640142	TTCTAATACGACTCACTATAGTACATTACACCAGTCCCCGGTTTTAGAGCTAGA
TCCATTACTGGTATGGTCCG	644963	TTCTAATACGACTCACTATAGTCCATTACTGGTATGGTCCGGTTTTAGAGCTAGA
GGATTTAGAAAACGGCGCGC	649833	TTCTAATACGACTCACTATAGGGATTTAGAAAACGGCGCGCGTTTTAGAGCTAGA

GGAACCAACGCACGGAACCC	662891	TTCTAATACGACTCACTATAGGGAACCAACGCACGGAACCCGTTTTAGAGCTAGA
CCCGCTCGTTTTGACCTACG	683811	TTCTAATACGACTCACTATAGCCCGCTCGTTTTGACCTACGGTTTTAGAGCTAGA
GCTGATGTGTTACTCCATCC	686592	TTCTAATACGACTCACTATAGGCTGATGTGTTACTCCATCCGTTTTAGAGCTAGA
TTTGTTACTTTTAGTCCCGT	705452	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTGTTACTTTTAGTCCCGTGTTTTTAGAGCTAGA
GCCCAAATGCACGGACTAG	722377	TTCTAATACGACTCACTATAGGCCCAAATGCACGGACTAGGTTTTTAGAGCTAGA
GATGCGGATATTCTCGTCCC	728971	TTCTAATACGACTCACTATAGGATGCGGATATTCTCGTCCCCTTTTTAGAGCTAGA
ACAAAGCTGAAAACGGCCAG	751612	TTCTAATACGACTCACTATAGACAAAGCTGAAAACGGCCAGGTTTTTAGAGCTAGA
CCGGAGATGACGCCCTCCG	753863	TTCTAATACGACTCACTATAGCCGGAGATGACGCCCTCCGGTTTTAGAGCTAGA
CTCGAGATGTTTCAGGAGAG	764238	TTCTAATACGACTCACTATAGCTCGAGATGTTTCAGGAGAGGTTTTTAGAGCTAGA
TGCAACGGTAATGACGGGGC	769727	TTCTAATACGACTCACTATAGTGCAACGGTAATGACGGGGCGTTTTAGAGCTAGA
TTTGCAGAAATTGCTCTGCC	779210	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTGCAGAAATTGCTCTGCCGTTTTAGAGCTAGA
TTATATAACTGGCTACCGAC	782680	TTCTAATACGACTCACTATAGTTATATAACTGGCTACCGACGTTTTAGAGCTAGA
AAATCTTTGGTTCTCTCGCC	787422	TTCTAATACGACTCACTATAGAAATCTTTGGTTCTCTCGCCGTTTTAGAGCTAGA
CGGTCACTTTGCGACCTCAG	794419	TTCTAATACGACTCACTATAGCGGTCACTTTGCGACCTCAGGTTTTTAGAGCTAGA
TGGTAGCATTGTTCCGTCCG	797696	TTCTAATACGACTCACTATAGTGGTAGCATTGTTCCGTCCGGTTTTAGAGCTAGA
GAGATCAAATGGTGGGTCCCT	815035	TTCTAATACGACTCACTATAGGAGATCAAATGGTGGGTCCCTGTTTTAGAGCTAGA
GGTGGCGTACTTACTCGCCG	828281	TTCTAATACGACTCACTATAGGGTGGCGTACTTACTCGCCGGTTTTAGAGCTAGA
GCGAACCAAGTAGAGCTCCA	842168	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGAACCAAGTAGAGCTCCAGTTTTAGAGCTAGA
GGTTCATTCAATCCGGTTCC	849140	TTCTAATACGACTCACTATAGGGTTCATTCAATCCGGTTCCGTTTTAGAGCTAGA
ATGGTTAAAGGTCCGGGTCC	851265	TTCTAATACGACTCACTATAGATGGTTAAAGGTCCGGGTCCGTTTTAGAGCTAGA
TTAAAAATCAACTCGGATC	863749	TTCTAATACGACTCACTATAGTTAAAAATCAACTCGGATCGTTTTAGAGCTAGA
GCGCAACGTTGCGTACGTCC	865933	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGCAACGTTGCGTACGTCCGTTTTAGAGCTAGA
GATTAACTTGGTGGACCCAG	873808	TTCTAATACGACTCACTATAGGATTAACTTGGTGGACCCAGGTTTTTAGAGCTAGA
TGAAATCTTATCTCACTCCG	875705	TTCTAATACGACTCACTATAGTGAAATCTTATCTCACTCCGGTTTTAGAGCTAGA
CTGCATTAAAATCACGTGTC	900001	TTCTAATACGACTCACTATAGCTGCATTAAAATCACGTGTCGTTTTAGAGCTAGA
ACTTGATCCACAACCCAGTC	915941	TTCTAATACGACTCACTATAGACTTGATCCACAACCCAGTCGTTTTAGAGCTAGA
ACTTTTGTAAGACCCGACC	926544	TTCTAATACGACTCACTATAGACTTTTGTAAGACCCGACCGTTTTAGAGCTAGA
GCTGCGGCAATTGTCGCCGG	933465	TTCTAATACGACTCACTATAGGCTGCGGCAATTGTCGCCGGGTTTTAGAGCTAGA
CTGAGGTTTTAACTCTCGTC	936634	TTCTAATACGACTCACTATAGCTGAGGTTTTAACTCTCGTCGTTTTAGAGCTAGA
TTACACCAATTAAGCCACCG	959006	TTCTAATACGACTCACTATAGTTACACCAATTAAGCCACCGTTTTAGAGCTAGA
GGAAAAATGGTCCCCCCTAC	981428	TTCTAATACGACTCACTATAGGGAAAAATGGTCCCCCCTACGTTTTAGAGCTAGA

TCGTGGTATTTTCAGGCCCTG	991831	TTCTAATACGACTCACTATAGTCGTGGTATTTTCAGGCCCTGGTTTTAGAGCTAGA
TTTCCAATTCCACGACGCGG	1015992	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTCCAATTCCACGACGCGGGTTTTAGAGCTAGA
AAAACATTTCTTACCGTCTCC	1029811	TTCTAATACGACTCACTATAGAAAACATTTCTTACCGTCTCCGTTTTAGAGCTAGA
AGTTCCTTTTGTTCGGAGGGCC	1033196	TTCTAATACGACTCACTATAGAGTTCCTTTTGTTCGGAGGGCCGTTTTAGAGCTAGA
TTGGGGGACAAACCCCGGGC	1047106	TTCTAATACGACTCACTATAGTTGGGGGACAAACCCCGGGCGTTTTAGAGCTAGA
TGGCTATCAGCTTCTCGGCC	1077442	TTCTAATACGACTCACTATAGTGGCTATCAGCTTCTCGGCCGTTTTAGAGCTAGA
ATACACTAGAAAGCCTAGTC	1082624	TTCTAATACGACTCACTATAGATACACTAGAAAGCCTAGTCGTTTTAGAGCTAGA
TTTGGCATAATCCCAGCTC	1084743	TTCTAATACGACTCACTATAGTTTGGCATAATCCCAGCTCGTTTTAGAGCTAGA
AAAGCGAAATCTGGTCACCC	1089177	TTCTAATACGACTCACTATAGAAAGCGAAATCTGGTCACCCGTTTTAGAGCTAGA
TTAATGTTGTATTAGGGACG	1092341	TTCTAATACGACTCACTATAGTTAATGTTGTATTAGGGACGGTTTTAGAGCTAGA
ACTCAAGCTGTTTCGCCTACC	1096130	TTCTAATACGACTCACTATAGACTCAAGCTGTTTCGCCTACCGTTTTAGAGCTAGA
AACAGCACCAGTGAGGACGC	1104243	TTCTAATACGACTCACTATAGAACAGCACCAGTGAGGACGCGTTTTAGAGCTAGA
TGAACAGCAAATGGGTAGGG	1121583	TTCTAATACGACTCACTATAGTGAACAGCAAATGGGTAGGGGTTTTAGAGCTAGA
CATCTGCAATCACGGCGCCA	1135939	TTCTAATACGACTCACTATAGCATCTGCAATCACGGCGCCAGTTTTAGAGCTAGA
TGCATATCAGTTGGGAACCC	1148111	TTCTAATACGACTCACTATAGTGCATATCAGTTGGGAACCCGTTTTAGAGCTAGA
AAGAAGATGCAAAACGTCCC	1155797	TTCTAATACGACTCACTATAGAAGAAGATGCAAAACGTCCCGTTTTAGAGCTAGA
TTATTTCTAAAGCACCTCGC	1162635	TTCTAATACGACTCACTATAGTTATTTCTAAAGCACCTCGCGTTTTAGAGCTAGA
GGAACCTCTTGGGGGTCAGC	1172132	TTCTAATACGACTCACTATAGGGAACCTCTTGGGGGTCAGCGTTTTAGAGCTAGA
CATTGACCATTGCCGCAGCG	1184003	TTCTAATACGACTCACTATAGCATTGACCATTGCCGCAGCGGTTTTAGAGCTAGA
TCAGAAGTGAAGGGGCTGCC	1190116	TTCTAATACGACTCACTATAGTCAGAAGTGAAGGGGCTGCCGTTTTAGAGCTAGA
CTGGCTGATTTTCAGGGGGC	1208406	TTCTAATACGACTCACTATAGCTGGCTGATTTTCAGGGGGCGTTTTAGAGCTAGA
CTGGTTTACTCGGTCAGGTC	1223913	TTCTAATACGACTCACTATAGCTGGTTTACTCGGTCAGGTCGTTTTAGAGCTAGA
CGATAACAAAACGACCAGTC	1242702	TTCTAATACGACTCACTATAGCGATAACAAAACGACCAGTCGTTTTAGAGCTAGA
TCATTACAAGGGGTCGTCCC	1250893	TTCTAATACGACTCACTATAGTCATTACAAGGGGTCGTCCCGTTTTAGAGCTAGA
GAACGCGTAGCTGCTCCTCT	1255835	TTCTAATACGACTCACTATAGGAACGCGTAGCTGCTCCTCTGTTTTAGAGCTAGA
CAATATTCGTCATACTCGGG	1266838	TTCTAATACGACTCACTATAGCAATATTCGTCATACTCGGGGTTTTAGAGCTAGA
ATCGTAATAAAAACGACGCC	1276011	TTCTAATACGACTCACTATAGATCGTAATAAAAACGACGCCGTTTTAGAGCTAGA
CAAGTGATTCGAAGTATCCC	1287103	TTCTAATACGACTCACTATAGCAAGTGATTCGAAGTATCCCGTTTTAGAGCTAGA
GTATCAGCAAACGAGTCCA	1291289	TTCTAATACGACTCACTATAGGTATCAGCAAACGAGTCCAGTTTTAGAGCTAGA
GTTCCCTATTGGACGAATCCC	1294399	TTCTAATACGACTCACTATAGGTTCCCTATTGGACGAATCCCGTTTTAGAGCTAGA
GGTTACATTATTCCCGGTCT	1297063	TTCTAATACGACTCACTATAGGGTTACATTATTCCCGGTCTGTTTTAGAGCTAGA

GACGAATTCGACCAGAACCG	1311638	TTCTAATACGACTCACTATAGGACGAATTCGACCAGAACCGGTTTTAGAGCTAGA
TTCTCTAATTCATAGGCCCC	1323307	TTCTAATACGACTCACTATAGTTCTCTAATTCATAGGCCCCGTTTTAGAGCTAGA
ATTTGCCGTGTCTGGCCCG	1325880	TTCTAATACGACTCACTATAGATTTGCCGTGTCTGGCCCGTTTTAGAGCTAGA
GGATAAATATCAGACATGCC	1345521	TTCTAATACGACTCACTATAGGGATAAATATCAGACATGCCGTTTTAGAGCTAGA
GGGCAAACAATCGTCTCGTC	1350573	TTCTAATACGACTCACTATAGGGGCAAACAATCGTCTCGTCGTTTTAGAGCTAGA
ATCGATATGCCTCCGGGCAC	1354718	TTCTAATACGACTCACTATAGATCGATATGCCTCCGGGCACGTTTTAGAGCTAGA
GGGAATTGAGTGCCAGCGCG	1358727	TTCTAATACGACTCACTATAGGGGAATTGAGTGCCAGCGCGTTTTAGAGCTAGA
GAATGTATGGTTGCCCTGCC	1368250	TTCTAATACGACTCACTATAGGAATGTATGGTTGCCCTGCCGTTTTAGAGCTAGA
ATCACTATCGTGCGTACCCC	1383355	TTCTAATACGACTCACTATAGATCACTATCGTGCGTACCCCGTTTTAGAGCTAGA
GTGCCTAATTGAAAGGAGGC	1407888	TTCTAATACGACTCACTATAGGTGCCTAATTGAAAGGAGGCGTTTTAGAGCTAGA
GTGATTTTAGATTGGGTGCC	1437776	TTCTAATACGACTCACTATAGGTGATTTTAGATTGGGTGCCGTTTTAGAGCTAGA
AGGCATTGGATTCCGGGCCAG	1453682	TTCTAATACGACTCACTATAGAGGCATTGGATTCCGGGCCAGGTTTTAGAGCTAGA
AATACGTGTTCTGGAACCC	1463301	TTCTAATACGACTCACTATAGAATACGTGTTCTGGAACCCGTTTTAGAGCTAGA
GTTTTTAAAGCGGCACGGAC	1485658	TTCTAATACGACTCACTATAGGTTTTTAAAGCGGCACGGACGTTTTAGAGCTAGA
AACATAAAGAGAAAGACCCT	1498821	TTCTAATACGACTCACTATAGAACATAAAGAGAAAGACCCTGTTTTAGAGCTAGA
AAGCCGAACCATTCGAGGCG	1509314	TTCTAATACGACTCACTATAGAAGCCGAACCATTCGAGGCGGTTTTAGAGCTAGA
GTATTTATCAAACCGGGCAG	1530862	TTCTAATACGACTCACTATAGGTATTTATCAAACCGGGCAGGTTTTAGAGCTAGA
AATGAATAAAGCGCTCTCCG	1555782	TTCTAATACGACTCACTATAGAATGAATAAAGCGCTCTCCGTTTTAGAGCTAGA
ACTCAGCAATTACGCCCCGG	1563041	TTCTAATACGACTCACTATAGACTCAGCAATTACGCCCCGGTTTTAGAGCTAGA
CCCGTGAAGTGGCAGAGGTC	1572190	TTCTAATACGACTCACTATAGCCCGTGAAGTGGCAGAGGTCGTTTTAGAGCTAGA
CCAATCCATTCTGTCAGCCC	1578994	TTCTAATACGACTCACTATAGCCAATCCATTCTGTCAGCCCCTTTTTAGAGCTAGA
CACCGAGTATGTCAGACCGC	1582385	TTCTAATACGACTCACTATAGCACCGAGTATGTCAGACCGCGTTTTAGAGCTAGA
TGCTTGGAAGTTCGAGACA	1594993	TTCTAATACGACTCACTATAGTGCTTGGAAGTTCGAGACAGTTTTAGAGCTAGA
GAAAATGAAGAACGCGCGGG	1597029	TTCTAATACGACTCACTATAGGAAAATGAAGAACGCGCGGGGTTTTAGAGCTAGA
TAAATCTTCAAACCTGCGGAC	1606859	TTCTAATACGACTCACTATAGTAAATCTTCAAACCTGCGGACGTTTTAGAGCTAGA
GAAGCAAAGCACTTCCGCC	1612709	TTCTAATACGACTCACTATAGGAAGCAAAGCACTTCCGCCGTTTTAGAGCTAGA
TATATGAAAAATCATGTCCG	1634628	TTCTAATACGACTCACTATAGTATATGAAAAATCATGTCCGTTTTAGAGCTAGA
GTGCTAGTGACTTCGGGGCC	1653303	TTCTAATACGACTCACTATAGGTGCTAGTGACTTCGGGGCCGTTTTAGAGCTAGA
TAGTGAATTAGATAGGGTAC	1664939	TTCTAATACGACTCACTATAGTAGTGAATTAGATAGGGTACGTTTTAGAGCTAGA
TATTGCTGGTGCAGGGGGGG	1683153	TTCTAATACGACTCACTATAGTATTGCTGGTGCAGGGGGGGTTTTAGAGCTAGA
CAATTGTGCCACCACGTCCG	1700535	TTCTAATACGACTCACTATAGCAATTGTGCCACCACGTCCGTTTTAGAGCTAGA

TGGCGTAAGTGGAACGGGTC	1710116	TTCTAATACGACTCACTATAGTGGCGTAAGTGGAACGGGTCGTTTTAGAGCTAGA
TCTGCATATCTGCCCTCCCT	1714052	TTCTAATACGACTCACTATAGTCTGCATATCTGCCCTCCCTGTTTTAGAGCTAGA
CAATTGATATTCGCCCCCG	1722453	TTCTAATACGACTCACTATAGCAATTGATATTCGCCCCCGTTTTAGAGCTAGA
ATTCAGCTGTGGCAGGACAG	1731210	TTCTAATACGACTCACTATAGATTCAGCTGTGGCAGGACAGGTTTTAGAGCTAGA
AGTGCCGATAACGTCCGGG	1746682	TTCTAATACGACTCACTATAGAGTGCCGATAACGTCCGGGGTTTTAGAGCTAGA
TGCTGATGTTCAAGGCTCCT	1764720	TTCTAATACGACTCACTATAGTGCTGATGTTCAAGGCTCCTGTTTTAGAGCTAGA
GTCAAATCAGGTGAGCTCAC	1776710	TTCTAATACGACTCACTATAGGTCAAATCAGGTGAGCTCACGTTTTAGAGCTAGA
ACGACCATGGTTGCCGCCCC	1796447	TTCTAATACGACTCACTATAGACGACCATGGTTGCCGCCCCGTTTTAGAGCTAGA
ATGTCAAAGGTAGCCCGCCG	1797663	TTCTAATACGACTCACTATAGATGTCAAAGGTAGCCCGCCGGTTTTAGAGCTAGA
GCGACATCCGCCATAGGCC	1802242	TTCTAATACGACTCACTATAGGCGACATCCGCCATAGGCCCGTTTTAGAGCTAGA
TTATGGGGAGAGCGAGGTC	1804365	TTCTAATACGACTCACTATAGTTATGGGGAGAGCGAGGTCGTTTTAGAGCTAGA
CATCAGTTACGAGGGCGCGT	1824887	TTCTAATACGACTCACTATAGCATCAGTTACGAGGGCGCGTGTTTTTAGAGCTAGA
CCTTCAACTTCACCCGGGCG	1829738	TTCTAATACGACTCACTATAGCCTTCAACTTCACCCGGGCGGTTTTAGAGCTAGA