

[Header]
 Manifest SER962_275bp
 BuildID KP231180.1
 source BedToManifest1.0

[Probes]

Target ID	ULSO Sequence	DLSO Sequence
AMPL3130407	TGGATATGATTGTAGATGAGATCTC	TAGTATGACCGCTACTGCTGGGACT
AMPL3130488	CATGATGCTCCAGTAGCATGTAGGA	TAAAAACATAAACGAGTTCAGTTGG
AMPL3130489	TACAAGATATGGGATAGGTGACAAT	CAACCGAAAGACACCTCTCTTAAGA
AMPL3130490	CTGTACCTAGTGGATTACTAGATCC	TGGTAATACATAACCTAAGAAACCT
AMPL3130491	TGGTACAATTTGTAATGGTGTTACA	AAAATATGTAACACAGCAAGGATTA
AMPL3130493	CAAGATGTTGCACAATTTCTTGAAG	TAGCGTAATATGCTAAGAAGTACCA
AMPL3130494	TTGCAGCAGTTAGAATACTAGAATT	CGTAAGTGTAGTACACTAGTAAGTG
AMPL3130495	ATCCAGAAGAACTTAACTCAAGTCT	CTTCTTGAGGTAATTGAGCTCCAAC
AMPL3130497	CCTGACCCGAATTCAGAAATTAGTG	TCTAGCGCTACGATACGTAATCCAG
AMPL3130498	TGTAAATACAATAGCCCATGTAAAT	ACAACCCAAGCAATTGGTACAAGTA
AMPL3130499	AAATTACACCAAAAGCAGGTAAAAT	TTTTGCACCATTAGTTACACCTAAT
AMPL3130500	AATAGCAATCATCATTGTAACAGCA	CTTCTGGATGACCAAAGAACCAGAA
AMPL3130501	TAGTACGAAATGGAAATGAGCAATT	TCTAGTATCTGTCTCTAGACCTACT
AMPL3130502	GTATAACCAAACATTGAATCTTGGT	ATCGTGTAAGCAACATCTAGAGCG
AMPL3130503	TAGAACACATTGTGTTCAAATAAGT	CCACAAATTAATCCAATTACCGCAC
AMPL3130504	GATGAGCCGACATGGAGGTGTTAAT	GATAATCAGGAATTCTACGTGGCAT
AMPL3130505	GCTCAAGGAAGATTTGATCCTTTTT	ATCAGAGCTCCTGAAATTCTACGAC
AMPL3130506	AATCTCTTCAAGGTCTGTCACCATA	AAGGCGAACATGAACTTCACATGA
AMPL3130507	CCAAATGTTCAAGGAGTGTATGTAAT	AACCAAATTTCTTTTTCAGGAGCA
AMPL3130508	ACACTTCCCTTCTCGCCAGTTTTTG	TTTGACAGCGGTTAACCTTTCCTTT
AMPL3130509	AAACGGAAAGCGTCTGTTGGATTCA	ACTTTTTGAACCAGCCTGGGATCAT
AMPL3130510	CAGTAACCTTTCGGTTGTTTCCAT	ACTGCTAACTTTGATGAGGAGGTAT
AMPL3130511	AGCACTAGAAGACATGTGATCTAAT	AGTTTAACTTATGGAGTCCCTTTTG
AMPL3130512	ATGTAGTACCAACTTCTCTAAAAGT	GAAGATTGTAATATCGGACCGGACC
AMPL3130513	ACTTACTAGGGTGGAGTCTGTTACA	AATACAGTGAGCAAGAATGGTGAAA
AMPL3130514	TCCTAAGTACTCACAACTTGGATA	TAGAATGCTGGTGTATGCACCCAG
AMPL3130515	CAAGTAATACATGTGAGAAATGTAA	TAGGGCAATGATTACTAAAGTAAGG
AMPL3130517	TTTACGAGATCCCGTATATTTCTTA	AGCACCAAGTAATACATGTGAGAAA
AMPL3130518	TCCTATGCTCTATTACATCACAGCT	TACTAACCAAATAGCTTCTACAAAA
AMPL3130519	GTGTCATTTAAAACTTTTTAACCA	ACCGGTATTTACGAATCTTATCACC
AMPL3130520	ATGCCACTAGTTGTCTTTATGAATC	GCTTATCTGGACCGATAGAAGCTGT
AMPL3130521	AATTCCTTGTCGGGTAAATTCCGTC	TTTGCCTGGAGGTTGTAATGGTCCG
AMPL3130522	GATAAAACATGATAACGAATATTGG	GTGTAACGACTTTCCTAATGTCTCT
AMPL3130523	GATGGATGCTTTGGTAGTATAGCCT	AAGGTTCCCGTGAGGATAGAAATGA
AMPL3130524	CTTCAAAGTAACCATCAAGCCTTA	TTCGGACAGAAACTACCTAGATAAA

[Targets]

TargetA	TargetB	Target Number	Chromosome	Start Position	End
Position	Probe Strand	Sequence			
AMPL3130407	AMPL3130407	1	KP231180 6	163	+

TTGAAGAGCCGAGTGTATCCATCCATACCAGGCGTAAAAAGCGTTCGTTCTGAAAAGAAACAGATGCCA
 GGCCAACTGAACTCGTTTATGTTTTTAATGTCTCAAGT

AMPL3130488	AMPL3130488	1	KP231180 103	363	+
<p>ATGTCTCAAGTGAGATCTCATCTACAATCATATCCATGTCCAATAATATGAATTTCTTTGGAATTTTG GTTTCTTAGTAGGAATTTCTTTGTTGTTCAAATTGTAACAGGTTTATTACTAGCATCTAGATACTAG TGAAATGTCACATGCTTTTGCTAGTGTACAGCATATCTTAAGAGAGGTGTCTTTGCGTTGGAATTTAGA T</p>					
AMPL3130489	AMPL3130489	1	KP231180 303	571	+
<p>GGAATTTAGATTCTACATGCTACTGGAGCATCATGTGTATTCTTATGCTTATTTCTACATATTTTAAGA GCTCTGGTATTTAGTAGTTATACATATCTAAGTCTAACATGGATTACAGGATTAATTATTTATTTTCTCT CAATTGCTACAGGTTTCTTAGGTTATGTATTACCATGGGGTCAAATGAGCTTTTGGGGTGCTACTGTAAT TTGTAATTT</p>					
AMPL3130490	AMPL3130490	1	KP231180 478	722	+
<p>TGGGGTCAAATGAGCTTTTGGGGTGCTACTGTAATTTGTAATTTATTGTCACCTATCCCATATCTTGTA CATGGTTATTAGGAGGTTTTTATGTAGATAGTCCTACATTA AAAAGATTCTTTGTATTACATTTTGT ACCATTCTTAGGTCTAATCCTTGCTGTGTACATATTTTCTATCTACATCTAAAT</p>					
AMPL3130491	AMPL3130491	1	KP231180 657	895	+
<p>CTATCTACATCTAAATGGATCTAGTAATCCACTAGGTACAGAACTGCTTTAAAATACTTTCTATCCT CATATGTTAAGTACAGATGGAAAAGGATTTAACTATTTAATCTTATTTCTATTAGCTCAATCATTCTTTG GTTTACTAGAATTATCACATCCAGATAATAGTATTCCTGTAATAGATT</p>					
AMPL3130493	AMPL3130493	1	KP231180 899	1071	+
<p>TCTTAAAAGTTATTCCAAGTAAAAGTGGAGGTCTATTAGTATTTGCTGGTAGTATTTTACTATTACT GTTAAGTGAAGTTCGTTCACTTACTAGTGTACTACACTTACGTCAACAATTCT</p>					
AMPL3130494	AMPL3130494	1	KP231180 1011	1275	+
<p>TCAACAATTCTCTTCAAGAAATTGTGCAACATCTTGGAGTATTATTTATTTATATTCATTTATTGCTCTT ATTATTGTTGGAGCTCAATTACCTCAAGAAGTATTCATTTCTTATGGTAGATTCTTTACCGTAATCTATC TTTTAAGTACATTTAGCTTATTTAGACTATAAGACTATAGTTAGTTATTACAAAAAATTTCAACAATTAT ATACT</p>					
AMPL3130495	AMPL3130495	1	KP231180 1112	1380	+
<p>TATTCATTTCTTATGGTAGATTCTTTACCGTAATCTATCTTTAAGTACATTTAGCTTATTTAGACTATA AGACTATAGTTAGTTATTACAAAAAATTTCAACAATTATATACTAATTCTAGTATTCTAACTGCTGCAAA CCATAAAGAATTAGGTATTTACTATGTATGGTTGCTTTCTTATTTTCAATTGTAGGTACATTACTATCA GTATTAATT</p>					
AMPL3130497	AMPL3130497	1	KP231180 1375	1621	+
<p>AAATCAAAAATTTCTATAACCTAGCATTTACACTACACGGTGCTATTATGATTTTCTTTGTAGTTATGCCA GGTCTATATGGTGGATATGGTAACTACTTCTTACCAATTTATTTAGGAGCTTCAGAAGTAGCTTTTCTA GAGTAAATTGTGTATCATTATTACTTGTACCAATTGCTTGGGTTGTAGTAAGTACAT</p>					
AMPL3130498	AMPL3130498	1	KP231180 1561	1826	+
<p>AGTAAGTACATCACTAATTTCTGAATTCGGGTCAGGTATTGGTTGGACTATATCCTCCATTAAGTACA TCATTAATGTCATTATCTCCAACCTTCAGTAGATTTAATTGTATTTGGTTTAGCTCTTGGCGGTATTTCTA GCTTTTTATCTTCCGTAAATTTCTTAACAACCTATTGCTGTATTAGGTGTAACCTAATGGTGCAAAACCATG GTGTTT</p>					
AMPL3130499	AMPL3130499	1	KP231180 1766	2016	+

CCATGGTGTTTATTTACATGGGCTATTGTATTTACAGCCATTATGCTAATTGCTACACTTCCAATTCTTA
CTGGTGGATTATTAATGTTAGTATTAGATTTACATCTGAATACTCAATTCTACGATGCTGCATTTAATGG
TGATCCAGTATTATATCAACATTTATTCTGGTTCTTTGGTCATCCAGAAGTTTATATTATT

AMPL3130500 AMPL3130500 1 KP231180 1956 2192 +

TTTATATTATTATTTTACCTGCTTTTGGTGTAAATTTCAAAAACATTATCTACTTCAGCAGGTAAATTAGT
ATTCGGAGGTCCTGCTATGATTTTAGCGATGGGATGTATTACCATTTTAGGTTTATTAGTATGGGCACAC
CATATGATGACAGTAGGTCTAGAGACAGATACTAGAGCATATTTCTC

AMPL3130501 AMPL3130501 1 KP231180 2132 2396 +

GCATATTTCTCTGCTGTTACAATGATGATTGCTATTCCTACTGGTACCAAATCTTTAATTGGTTAAGTA
CTTTTATGGGAAATCCATTCAGTACAATATCATTAGATATTTGGTATGCTTTAAGTTTTATTTTCTTATT
TACATTAGGAGGTACTACTGGAGTAGTTTTAGGTAACCTCCGCTCTAGATGTTGCTTTACACGATACTTAT
TATGT

AMPL3130502 AMPL3130502 1 KP231180 2336 2464 +

ACTTATTATGTAATTGCTCATTTCATTTTCGTAATCTCTTGGTGCGGTAATTGGATTAATTTGTGGAT
ATTTCTATT

AMPL3130503 AMPL3130503 1 KP231180 2404 2643 +

ATATTTCTATTACCAAGATTCAATGTTTGGTTATACAGCTAATGTCTTTACTAGAAAATACATCAGATTCT
CCATACTTAAAAGTATGGTCAATTGTATTCTTATTAAGTATTTTATTAACATTTATAACCAATGCATCTAT
TAGGTTTTAATGTTATGCCACGTAGAATTCCTGATTATCCTGACTATGTA

AMPL3130504 AMPL3130504 1 KP231180 2583 2845 +

CTGACTATGTAACCTATTTGAACACAATGTGTTCTATTGGTTCTATTAGTACTGTATTTATTTTATATTC
CCTAATTTTATAAAAAAAGAGTTGACCGTGAAATCCATACAAAAGATAAAAACGGGAGATACATAAAACATG
TTACTCTATCGGTAAAAAGGTACGCCGGGGATAACAGGTCGTAGAATTTACAGGAGCTCTGATCCTTGAAT
TCT

AMPL3130505 AMPL3130505 1 KP231180 2785 3054 +

CCTTGAATTCTATTAACACCTCCATGTGCGCTCATCACACCCTTGTACTTGAAGAAGGTTCAATTAGGAA
CGAGAGTTCACCGTGATATGTGATACGTGAGCTGGGTTAAGAACGTCTTGAGGCAGTTTGTCCCTATCT
GCCATTTTAAAAAATGATTGGTTGTATAATTTAAGAACGAAGTATCATGTGAAGTTTCATGTTGCCTTA
TTTAAACAAA

AMPL3130506 AMPL3130506 1 KP231180 2994 3192 +

ATTTAAACAAAAAAGGATCAAATCTTCCTTGAGCGACTCGTTAGGCAAATAAAAAATTGAGCTATAAC
GCTATCTTTTATATAAAATATAATGTCTTCGATTTTAAACGGTTTGCTCCTGAAAAAGAAATTTTGGTTTA
TCTCAAGTT

AMPL3130507 AMPL3130507 1 KP231180 3132 3399 +

TATCTCAAGTTTATGGTGACAGACCTTGAAGAGATTTGGAAAAGTCCTCAATAAAAAAGATACGTTAAAA
AAACACAGTCGGTGCGAAGTCGAAACAAGGTAGTTGATGGTGAACCAGTGGCTGAACAAAAAATGAGTCT
TGTTTTCAAATAGATGTATTTTTTTGGCTAGAGTACGTAAGGAAAAGGAAAGGTTAACCGCTGTCAAAAAC
AAAAACTT

AMPL3130508 AMPL3130508 1 KP231180 3339 3599 +

AACAAAACTTATTACATACACTCCTGAACATTTGGAACATATGGATATAATTTGGTAGTGGAACATTTG

AAATAAAAATTGGCAGCTGGAAGACGGAATCGTTACTAAGCGTCAGGTAGTCCTGGACACTGAATCCATG
CGTGATCCCAATGGAACGGTCCCTGGCTGAATTTTATGATCCCAGGCTGGTTCAAAAAGTCAAATATTAG
C

AMPL3130509 AMPL3130509 1 KP231180 3539 3813 +

CAAATATTAGCCAAAACTGGCGAGAAGGGAAGTGTGTTTCTTAGACAAAAATAAGGGAAGTTTAGCCG
GGAAGTTAGCGTCTAAAAAATATGATATAATTATCGCACAAGCACTCAGCAAGTTAAGAGAATGTATTGA
CGTGTTAAAAACCGGTTTTTTGTTAGGGTGCCGGGCAGATGTCATAAACTATACCTCCTCATCAAAGTTA
GCAGTGTCTTACGTT

AMPL3130510 AMPL3130510 1 KP231180 3754 4019 +

GTCTTACGTTTGAATCCAACAGACGCTTCCGTTTTTAACTACACTACGAAATGCCAACTATTCAAAC
AATCTTCTCACTTCTTATTAATGGAAGCGCTGGTACCTGGGTATCCAATCCAGTGCTCCTAATTCCGCA
TAGAGACTCAGCCTCAGTCCAACCTTTGTACTGTTTTTACCAAAGGGACTCCATAAGTTAACTGTAGA
GTCTGAG

AMPL3130511 AMPL3130511 1 KP231180 3959 4220 +

GTAGAGTCGAGATGGAACAACCGGAAAGGTTACTGCATGTCCTAAAAAATTATATAAATTATATTTTTT
GTA A A A T T C T T T C T G A A T A G A T T T C A T A G A A A A C C T A A A A T C A T C A T G T A T G A T T G A C A T T T A A C C G C T
A A T T A T G A A T C T T C C A A G A A T T A T T T A A C A T T C T C A G G T C C G G T C C G A T T A C A A T C T T C C A G T T A G A T
A A

AMPL3130512 AMPL3130512 1 KP231180 4160 4406 +

CAGTTAGATAAATTAGATCACATGTCTTCTAGTGCTTTGAGATTTGACTCAGTTTTTATAAAAAATTTAAT
GTCAAATTGCTCATATTTAAGAATTTATACTAAAATTTCTTCTTATATGCAACTACCTTAAGATATTTT
ACAGTTGGTTTTCTATTTTACCATTCTTGCTCACTGTATTAGTATTATTTAATTTT

AMPL3130513 AMPL3130513 1 KP231180 4341 4537 +

AGTATTATTTAATTTTACTTTTAGAGAAGTTGGTACTACATCAGCTTCTCTGGTTTCATCAATTTGTTTA
GGTGTATTAGTACTGAGTTACTACTATTTGTTAGCTTCTTCTGGGGTGCATACACCAGCATTCTATCTC
CTAGTTA

AMPL3130514 AMPL3130514 1 KP231180 4477 4738 +

TCTCCTAGTTATGTAACAGACTCCACCCTAGTAAGTCCAAGTGGGTTCTTGTAAGTATCTCTAGTAGAG
GACTTATTGTAACTATTACATTCTTACTATCTACTGCTAGTGTAATTCTAGGATATGGTATTTTAACTTC
AGAGAAAGCTATTATACTAAATATCCAAGAGGATTCCTTACTTTAGTAATCATTGCCCTATGTTTTACT
AG

AMPL3130515 AMPL3130515 1 KP231180 4678 4820 +

TGTTTTACTAGTATCCAAGTTTGTGAGTACTTAGGACTAGCTATTTCTATTAATGATGGAGTATTAGGTA
CTTACTTACTATGGATTACAGGA

AMPL3130517 AMPL3130517 1 KP231180 4801 5027 +

ATCTTATTATTCTTTACATTCTGGAGAGGTAGTTTACAATATAATGCAAATACACAAATTAGAACATATA
ATTCTTCTAGTATTCTAGTATTACCTTTACTAGAATCATACACTCTATTATACTGGCATTTTGTAGAAGC
TATTTGGTTAGTAATTCATTTTACATTCTATACTTTA

AMPL3130518 AMPL3130518 1 KP231180 4954 5176 +

ATTCATTTTACATTCTATACTTTATAAGAAATATACGGGATCTCGTAAACATGCGAACTCACTTGAAC TA
TAA A A T A C T T C A T A T T G A C T A T G C T G A C T T G A G T A A T G G A A A T C A A A T A G A T T C A G C T A T C C A T G G T G A

TAAGATTCGTAATACCGGTCAATTCAAAAAAT
AMPL3130519 AMPL3130519 1 KP231180 5114 5370 +

CAATTCAAAAATAGCTGTGATGTAATAGAGCATAGGATAATGCAAAGTATCCCTGACTGGATTATGCAA
AAACTGATTTTTATGAGAACAGCTTCCAAGCATACATTTGTTAATGTAATAATAGAAATCATATTTTATT
GCCTGTCAAGTTCCTTTAATGTAGTTATCTCACAGCTTCTATCGGTCCAGATAAGCGATCTCATGTA
AMPL3130520 AMPL3130520 1 KP231180 5310 5565 +

GATCTCATGTATGGTTAAAAAGTTTTTAAATGACACCAGGCATGCAATACCAAAAAATTTTTAATATATT
AATTTTTATGCATGGTAAGGTTTAGCGTGACTTTTGAATGAAACTTTGTGCTCCACCGCTAGTCTCTTA
CCTCTAACATTCCTTACTTGATACTGTACGGACCATTACAACCTCCAGGCAAAGAATTGTCCAC
AMPL3130521 AMPL3130521 1 KP231180 5505 5777 +

GAATTGTCCACGATTCATAAAGACAAGTAGTGGCATCTCTCTCGATTTCCAGATGGTGAGTTACAAAGAT
GATTCTCTCCACACTTATTTTTTTGTTTAAAAGGGAAGTAAAGGTGCTCAGGGTCTTACCGTCCGGCCATA
GGGTTCTCATATTCAGGATATTTCTATTTAAAAAAGTCTTACATTAGAGACATTAGGAAAGTCGTTAC
ACCATTCATGCAG
AMPL3130522 AMPL3130522 1 KP231180 5717 5924 +

CATTCATGCAGGACGGAATTTACCCGACAAGGAATTTTGCTACCTTTGGACCGTCAGATTACAGCCGCCG
TTTACCCTAGTTTTTATATCATGTTGAGTTATCTCTTTCAAGATTATCTATTTCAATTTCTATCCTCACGG
GAACCTTTCCACGCTCTA
AMPL3130523 AMPL3130523 1 KP231180 5864 6066 +

TCCACGCTCTACCAATATTCGTTATCATGTTTTATCTCGCGTGACGAGCGGTGTGTTAAGGCAAGTAAA
GATGCGCCCAAATTTTTAATAACAAAAATTTGGCGGTGTAGAGCATCTTTATCTAGGTAGTTTCTGTCCG
AAACAATAACCTT
AMPL3130524 AMPL3130524 1 KP231180 6006 6266 +

ACAATAACCTTAGGCTATACTACCAAGCATCCATCTACAGCTGCGGAACTGTATTTTTATTATTTAAT
TTTACTATTTTAAATAGTATTATTTATAATAGTATTATTTATAATAGTATTATTTTTAATAGTACTATTT
TTAATATAAAAAATTTAGTACACCTAGCCAACACGATCCGATTGCTTGGGTATTTTTTTGTGCTACAAAA
A