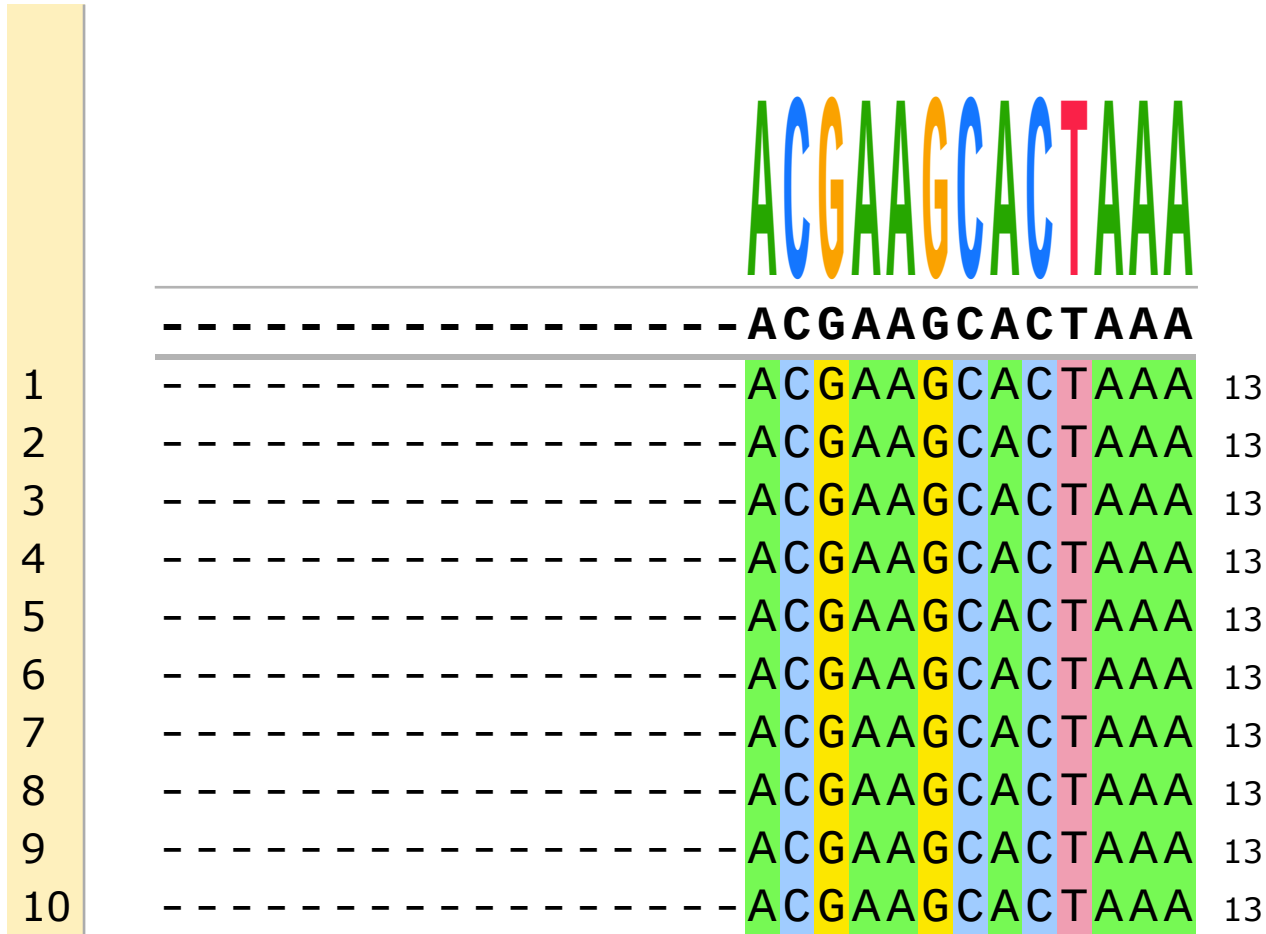


Consensus

- 1. J1-F
- 2. J2-F
- 3. J3-F
- 4. J4-F
- 5. J5-F
- 6. J6-F
- 7. J7-F
- 8. J8-F
- 9. J9-F
- 0. J10-F



ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA

ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA

1	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
2	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
3	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
4	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
5	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
6	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
7	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
8	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
9	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43
10	ACTAGGGGGATAAATGAGCCGAATCGAGCCA	43

AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT

AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT

1	AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
2	AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
3	AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
4	AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
5	AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
6	AGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
7	TGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
8	TGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
9	TGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73
10	TGCACCTCCTTTTTTGAACCTCGATCTCGAT	73

GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG

GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG

1	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
2	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
3	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
4	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
5	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
6	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
7	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
8	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
9	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103
10	GAGACTTATCAAGCTCGAGTTTAAAGCCGAG	103

CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA

CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA

1	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
2	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
3	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
4	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
5	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
6	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
7	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
8	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
9	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133
10	CTCTTATTGAACTTTCAAACCTTTGCTTGA	133

GCTC^GAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG

GCTCNAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG

1	GCTCGAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
2	GCTCGAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
3	GCTCGAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
4	GCTCGAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
5	GCTCGAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
6	GCTCAAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
7	GCTCAAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
8	GCTCAAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
9	GCTCAAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163
10	GCTCAAATTGATAAGGTATTAGTCTATTTG	163

ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG

ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG

1	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
2	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
3	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
4	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
5	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
6	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
7	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
8	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
9	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193
10	ATAATCAACTCAACTTGGCTCATTAGCCTG	193

ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC

ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC

1	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
2	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
3	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
4	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
5	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
6	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
7	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
8	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
9	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223
10	ATTGAACCGATTCAAGCCTGTTATCTACAC	223

GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG

GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG

1	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
2	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
3	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
4	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
5	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
6	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
7	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
8	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
9	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253
10	GAGCTGAGCTAATTATGGAGCTAAATCAAG	253

CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC

CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC

1	CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC	283
2	CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC	283
3	CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC	283
4	CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC	283
5	CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC	283
6	CTCATAATCGATCCGAACCTGCTTTCGAATC	283
7	CTCATAATCGATCCAAACCTGCTTTCGAATC	283
8	CTCATAATCGATCCAAACCTGCTTTCGAATC	283
9	CTCATAATCGATCCAAACCTGCTTTCGAATC	283
10	CTCATAATCGATCCAAACCTGCTTTCGAATC	283

GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT

GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT

1	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
2	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
3	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
4	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
5	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
6	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
7	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
8	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
9	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313
10	GAGCTCACTATCAAGCTAAGCTATTTAAGT	313

TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG

TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG

1	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
2	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
3	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
4	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
5	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
6	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
7	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
8	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
9	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343
10	TACTATCGAGGCCATTTTTCGAAC TATTTTTGG	343

AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA

AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA

1	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
2	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
3	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
4	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
5	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
6	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
7	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
8	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
9	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373
10	AGCTAATAACCTATTGTTAACGAACCA TTAA	373

TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA

TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA

1	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
2	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
3	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
4	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
5	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
6	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
7	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
8	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
9	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403
10	TATTAAACGACTCAAAACATCTCCCGTTCGA	403

ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT

ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT

1	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
2	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
3	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
4	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
5	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
6	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
7	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
8	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
9	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433
10	ACTCGGCTCGTTAATGTTATGGAGTTTGCT	433

CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC

CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC

1	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
2	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
3	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
4	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
5	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
6	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
7	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
8	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
9	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463
10	CAAAC TCGGC TCGAT AAGCT TTTCAAGCTCC	463

CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT

CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT

1	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
2	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
3	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
4	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
5	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
6	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
7	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
8	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
9	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493
10	CAAAA TGAACATGAACAAGTTGCAATCGAT	493

TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T

TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T

1	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
2	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
3	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
4	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
5	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
6	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
7	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
8	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
9	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523
10	TTC A A A A A C G A G T A G T T T A G A A T A T T T G G T	523

T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T

T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T

1	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
2	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
3	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
4	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
5	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
6	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
7	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
8	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
9	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553
10	T C G G C T A C A C C C C T A A C T A G A A C A G A C G A T	553

ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT

ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT

1	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
2	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
3	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
4	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
5	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
6	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
7	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
8	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
9	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583
10	ATTGAGCAAGGCAATTACGTAATAAGCTAT	583

TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT

TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT

1	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
2	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
3	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
4	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
5	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
6	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
7	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
8	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
9	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613
10	TCAATGGATGAAAAGGTGAAATAAAAACCTT	613

CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG

CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG

1	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
2	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
3	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
4	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
5	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
6	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
7	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
8	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
9	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643
10	CGTTCATACATTGAAGAAAGATACTAGCAG	643

AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT

AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT

1	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
2	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
3	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
4	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
5	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
6	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
7	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
8	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
9	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673
10	AGATTAGGTAATAAGCTATTCAATAAATTT	673

TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG

TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG

1	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
2	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
3	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
4	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
5	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
6	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
7	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
8	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
9	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703
10	TTCCAAGAGTAATCAAAATGAAAGAAACCG	703

GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA

GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA

1	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
2	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
3	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
4	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
5	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
6	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
7	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
8	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
9	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733
10	GACAGTACTCCTAAAGGACTTGCCTTATAA	733

GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG

GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG

1	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
2	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
3	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
4	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
5	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
6	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
7	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
8	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
9	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763
10	GTAGCAACATCTTGCCAACTGAGCTTTCTG	763

CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG

CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG

1	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
2	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
3	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
4	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
5	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
6	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
7	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
8	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
9	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793
10	CCTTCGAATTCACGGAAACATAATCAACG	793

TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG

TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG

1	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
2	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
3	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
4	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
5	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
6	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
7	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
8	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
9	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823
10	TCATCAAGTTGTCTTCGC TTTTGGGTTGG	823

CATTC

CATTC - - - - -

1	CATTC - - - - -	828
2	CATTC - - - - -	828
3	CATTC - - - - -	828
4	CATTC - - - - -	828
5	CATTC - - - - -	828
6	CATTC - - - - -	828
7	CATTC - - - - -	828
8	CATTC - - - - -	828
9	CATTC - - - - -	828
10	CATTC - - - - -	828

Sequence Logo: 50% GC base composition

Consensus Threshold: >50%

Compare to: the consensus

Bases that match the reference are marked with 4-color highlighting.

Created: 29 Dec 2019

Last Modified: 29 Dec 2019