The University of Osaka
Institutional Knowledge Archive

Title	両端末cDNAライブラリーの作製とその解析
Author(s)	的場, 亮
Citation	大阪大学, 1993, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.11501/3065776
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

https://ir.library.osaka-u.ac.jp/

The University of Osaka

①

両末端 cDNA ライブラリーの作製とその解析

細胞生体工学センター　遺伝子情報システム研究部門　　的場　亮

両末端 cDNA ライブラリーの作製とその解析

細胞生体工学センター　遺伝子情報システム研究部門　　的場　亮

目次

[はじめに] ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 1 - 2 頁
[両末端 cDNA ライブラリーの特徴] ・・・・・ 3 頁
[方法] ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 4 - 6 頁
Cytoplasmic mRNA の調製
全長 cDNA ライブラリーの作製
両末端 cDNA ライブラリーの作製
PCR(Polymerase Chain Reaction) ダイレクトシークエンス法
データ解析
[結果] ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 7 - 14 頁
両末端 cDNA のサイズ
シークエンスエラー
Expression profile
両末端 cDNA ライブラリーの評価
3'-directed cDNA ライブラリーとの Similarity
Protein Database PIR との Homology
ORF 検索
Hydropathy 解析
モチーフ検索
[考察] ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 15 - 18 頁
[Fig., Table の説明] ・・・・・・・・・・・・・・ 19 - 23 頁
[参考文献] ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 24 - 25 頁

Fig.1 - Fig.8 , Table 1 - Table 4
付録. シークエンスデータ

[はじめに]

ゲノムプロジェクトにおいてcDNAの解析は、遺伝子として機能している部分の解析という意味で重要である。様々な組織・細胞でどのような種類の遺伝子がどのくらいの頻度で発現しているかを調べることにより、その細胞での遺伝子発現レベルでの特徴をつかむことができる。さらに、遺伝子の発現・調節を中心とするゲノム構造解析の進展と対応して、cDNAはゲノム構造解析にとって有用な遺伝子マーカーとしての役割を果たす。そこで大量のcDNAの塩基配列を決定し、特に未知の遺伝子について分類し、できればその機能を予測できることが期待される。最近の技術的進歩によって大量の未知の遺伝子の部分構造を決めることができる時代に入り[1),2)]、いくつかのグループがcDNAの大量シークエンスとその解析を行っている[2),3),4)]。我々のグループでは様々な細胞からmRNAを調製し、その3'側平均約270 baseを持つ3'-directed cDNAライブラリーを作製し解析を行ってきた。これまでに数千クローンの3'-directed cDNAライブラリーのシークエンスを決定し解析した結果、mRNAの3'側はユニークであるので、遺伝子の分類・同定と発現量の定量が容易にできることがわかった[3)]。しかし、未知のクローンについては、この3'-directed cDNAは3'-noncoding regionが長いので、アミノ酸としての情報量が少なく、機能的な予想が困難であった。一方、mRNAの5'側は様々な機能的情報を含んでいると考えられ、情報量の濃い領域である。よって、未知のcDNAクローンに対する機能的予測ができる。しかし、5'側領域のみでは、もしgene familyなどの異なった遺伝子であるがよく似た配列が存在したとき、その分類・同定が混乱することが予想される。そこでmRNAの5'側と3'側の両方の長所をいかした、しかも、大量かつ迅速にシークエンスが決定できるcDNAライブラリーはないかと考えた。5'側と3'側の両方の特徴を持つcDNAの代表は全長cDNAであるが、全長cDNAをシークエンスを決定するためには、PCR法でテンプレートを増幅させる方法が適用できないので、一旦、大腸菌で増やしDNAを調製しなければならない。そこでもっと簡単にシークエンスを決定できる、5'側と3'側の両方の特徴を活かしたcDNAライブラリーを作製しその解析を行った。このデータを利用すれば、将来ゲノムの構造解析が進展したときに遺伝子の両端の位置を同定し、各々に固有の情報を入手することができる。

まず、ヒト肝臓癌由来の細胞株HepG2細胞[5)]から調製したcytoplasmic mRNAを使って全長cDNAライブラリーを作製した。全長cDNAをプラスミドベクターにライゲーションした後すぐにそれを*Mbo*I (GATC)で切り、cDNA

の真ん中の部分を取り除き(このときベクターの部分はメチレーションによって保護されており切れない)、セルフライゲーションして mRNA の 5' 側と 3' 側の両末端を持つ cDNA ライブラリーを作製した(Fig.1 (a), (b))。全長 cDNA ライブラリーの平均の長さは約 2 kbp であった。一方、*Mbo*I (GATC) を用いて切った場合、この両末端 cDNA ライブラリーの平均の長さは約 0.6 kbp であり、ベクターのシークエンスをプライマーとして PCR 法で cDNA 部分を増幅することができる。

PCR ダイレクトシークエンス法を用いてこの両末端 cDNA ライブラリーの塩基配列を決定しその解析を行った。

[両末端 cDNA ライブラリーの特徴]

＊ 3' 末端の Poly A から平均約 300 bp 上流に *Mbo*I サイト、そこからさらに平均約 300 bp 上流に 5' 末端が来る構造をとる。

＊ ベクター部分の適当なシークエンスをプライマーとして PCR ダイレクトシークエンス法を用いて大量かつ迅速な塩基配列決定ができる。

＊ 1 回のシークエンス反応で同一の遺伝子の mRNA の 5' 側と 3' 側の両方のシークエンス情報が得られる。

＊ この cDNA の 5' 側はメチオニンに始まるシグナルペプチドなどの protein coding シークエンスを含んでいるので、タンパク質データベースと比較することにより、未知のクローンについての機能的な予測ができる。また、3' 側は 3'-directed cDNA ライブラリーのデータと比較することによってそれらの expression profile 等の情報を利用できる。

[方法]

Cytoplasmic mRNA の調製

まず、肝癌由来の細胞株 HepG2 細胞から cytoplasmic mRNA を調製した[6]。培養した HepG2 細胞を集め、RNA extraction buffer [0.14M NaCl,1.5mM $MgCl_2$, 10mM Tris HCl(pH 8.6), 0.5% NP-40, 1mM DTT, 1000 unit/ml RNase inhibitor(Pharmacia)] を加え、30 秒間 Vortex をかけた後すぐ、5 分間氷上に置く。遠心操作(12000×g, 90 秒間) により核やミトコンドリアを沈殿させ、上清に Proteinase K を加えてタンパク質を分解した後フェノール抽出を行なった。RNA はイソプロパノール沈殿し、70%エタノールでリンスを行なった。さらにこの RNA をoligo dT セルロースカラムに通して poly A^+ RNA を集めた。

全長 cDNA ライブラリーの作製

上記の方法で調製した cytoplasmic mRNA から全長 cDNA ライブラリーを SuperScript™ Plasmid System (BRL) キットを用いて作製した。

mRNA 2μg を使い *Not*I primer-adapter (5'-GACTA GTTCT AGATC GCGAG CGGCC $GCCCT_{15}$-3')を用いて SuperScript RT (Reverse Transcriptase) で 1st strand を合成した。そのまま同じチューブでニックトランスレーション法により 2nd strand を合成した[7]。このとき、*E.coli* DNA ligase, *E.coli* DNA polymerase I, *E.coli* RNase H を同時に反応させた。*E.coli* RNase H で mRNA にニックを入れ、RNA をプライマーとして *E.coli* DNA polymerase I で DNA を合成し、*E.coli* DNA ligase でそれらの DNA 断片をつなげた。この方法により、より長い cDNA が得られる。この反応後、T4 DNA polymerase I で 5' 側を flushing し、フェノール抽出、エタノール沈殿を行なった。T4 DNA ligase で *Sal*I adapter (5'-TCGA CCCACG CGTCCG-3' / 3'-GGGTGC GCAGGC-5') を cDNA の 5' 側につなげ、フェノール抽出、エタノール沈殿を行なった。さらに、*Not*I で cDNA の 3' 側の primer-adapter を切り、フェノール抽出、エタノール沈殿を行った。切れた primer-adapter を除くため、Sephacryl S-500 HR クロマトグラフィカラムに通し、長い cDNA を集め、エタノール沈殿を行なった。作製した cDNA (約10ng)を pSPORT 1 ベクターの *Not*I-*Sal*I サイトにライゲーションし、全長 cDNA ライブラリーが完成した。

両末端 cDNA ライブラリーの作製

上記のライゲーション反応液の半分 (10μl)を取り 10× K buffer [2000mM Tris

HCl(pH8.5), 100mM $MgCl_2$, 10mM DTT, 1000mM KCl] 4μl, *Mbo*I 10unit を加え、最終量 40μl で 37°C, 1 時間反応させた。この反応で cDNA は *Mbo*I(GATC) で切られるが、ベクター部分はメチレーションによって保護されており *Mbo*I で切れない。次に 65°C, 10 分間反応して酵素を失活させたあと、5μl (1/8 量) を取り、5× *E.coli* DNA ligation buffer [100mM Tris HCl(pH7.5), 500mM KCl, 20mM $MgCl_2$, 200μg/ml of BSA, 20mM DTT, 750μM βNAD, 50mM $(NH_4)_2SO_4$] 20μl, *E.coli* DNA ligase 20units を加え、最終量 100μl で 16°C, 6 時間反応させた。このようにして、cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでと 3' 末端から *Mbo*I サイトまでがライゲーションされて、cDNA の真ん中の部分の抜け落ちた、両末端 cDNA ライブラリーが完成した(Fig. 1(a))。

ＰＣＲ(Polymerase Chain Reaction)ダイレクトシークエンス法

上記の反応液をコンピテントセル *E.coli* DH5 にトランスフォーメーションを行ない[8]、ampicillin (50μg/ml) +1.5% Ager +LB 培地のプレートで培養した。37°C, 12 時間培養した後、大腸菌のコロニーを拾い ampicillin (50μg/ml) + 125μl LB 培地の入った 96-well プレートで 37°C, 24 時間培養した。遠心操作によって大腸菌を集めそれに 100μl の水を加えよく混ぜた後、100°C, 20 分間オートクレーブを行った。遠心操作の後、上清を 5μl 取り PCR 反応に用いた。

この上清 5μl に PCR プライマー M4 (5'-GTTTT CCCAG TCACG ACGTTG-3') 5pmol, RV (5'-CAGGA AACAG CTATG ACCATG-3') 5pmol を加え最終量 25μl で 96°C, 10 分間置く。72°C に温度を下げた後、2× reaction buffer [40mM Tris HCl(pH8.9), 3mM $MgCl_2$, 50mM KCl, 200μg gelatin/ml, 200μM each of dNTP mixture] 25μl, 1.25units Taq DNA polymerase を加え、PCR 反応を行なった。PCR 反応は、96°C 30 秒間, 55°C 1 分間, 72°C 2 分間 の反応を 35 回繰り返して行なった。反応後、PCR 反応液を millipore フィルター(VS 0.050μm)の上に乗せて、TE [10mM Tris HCl(pH8.0), 1mM EDTA] に対して透析を 1 時間行なった (drop-dialysis)。

透析したサンプルを水で 2 倍量に薄め、サイクルシークエンス反応に用いた。A(アデニン) については、薄めたサンプル液 2μl に reaction mixture [160mM Tris HCl(pH8.9), 10mM $MgCl_2$, 50mM $(NH_4)_2SO_4$, 50μM dATP, 12.5μM dCTP, 75μM 7-deaza-dGTP, 50μM dTTP, 0.8unit Taq DNA Poiymerase, 0.4pmol FAM T7 Primer (5'-dye-TAATA CGACT CACTA TAGGG-3')] 3μl を加え、95°C 30 秒間, 60°C 1 分間, 70°C 2 分間 の反応を 15 回繰り返し、続けて 95°C 30 秒間, 70°C 1 分間 の反応を 15 回繰り返した。C(シトシン)、G(グアニン)、T(チミン)についても同様

にJOE, TMRA, ROX プライマーを用いて、反応を行なった。なお、A, C, G, T の反応液量の比は5:5:10:10 である。反応後、4つの反応液を集め(全部で 30μl)、エタノール沈殿を行ない、4μl の loading buffer [formamide/50mM EDTA (5/1 by Vol/Vol)] に溶かし、373A DNA オートシークエンサー(Ver1.0.1., Applied Biosystems) を用いてシークエンスを決定した。シークエンス反応は 5' 側のプライマーを用いて行なった。

データ解析

得られた cDNA シークエンスデータはクローニングサイトのシークエンスと Poly A を除いた後、得られたシークエンス同士でお互いに Similarity search を行ない、その後、DNA databank GenBank(r.72) に対して Similarity search を行なった。用いたプログラムは Blastn である[9]。90% 以上の Similarity が存在したとき同定と見なした。GenBank に対して Similarity の見つからなかったクローンについて Protein database PIR(r.34) に対して Homology search を行なった。用いたプログラムは Blastx である[9]。Blastx は核酸塩基配列を自動的に 3 つのフレームでアミノ酸に翻訳し、Homology を検出することができる。さらに、未知のクローンについて ORF(Open Reading Frame) 検索を行ない、cDNA の 5' 側から最初に現われた ATG サイトからアミノ酸に翻訳し、そのアミノ酸配列の Hydrophobicity について調べた。用いたアプリケーションは DNASIS(Ver.2.0) である。また、motif Database Prosite に対しても検索を行なった。用いたアプリケーションは Mac Pattern(Ver.2.0) である。これらのデータ解析は Sparc Station II(SunMicroSystem) と Macintosh II を用いて行なった。

データの流れを (Fig. 8) に示す。

[結果]

両末端cDNAのサイズ

まず、全長cDNAライブラリーの長さを調べ、そのcDNAライブラリーの質を確かめたあと、MboIで切り、セルフライゲーションを行い両末端cDNAライブラリーを作製し、そのcDNAインサートがPCR法で増幅可能な長さかどうかを調べた。

HepG2細胞から調製したcytoplasmic mRNAから全長cDNAを合成しプラスミドベクター(pSPORT1)にライゲーションした後、*Mbo*I (GATC)を用いて切る前に、このcDNAをコンピテントセルDH5にトランスフォーメーションし1.5 mlのLB培地で培養した後、rapid preparationでプラスミドDNAを調製した。もし、元の全長cDNAライブラリーが短い長さのクローンばかりであったとすると、この全長cDNAライブラリーの中で本当に全長を持つクローンはほとんどないことになる。調製したプラスミドを*Not*I, *Eco*RIで切りcDNAインサートの長さを調べた。全長cDNAライブラリーの平均の長さは約2kbpであった。mRNAの平均の長さが約2 kbaseといわれていることから、この全長cDNAライブラリーの質は良いものであるといえる。しかし、このままではPCR法によってcDNAインサートを増幅できないので、大量かつ迅速な塩基配列決定法は適応できない。

次に、*Mbo*I (GATC)を用いてライゲーションしたすぐ後の全長cDNAを切り、DNA濃度を薄めてセルフライゲーションして両末端cDNAライブラリーを作製した。このときベクターのシークエンスはメチレーションによって保護されており*Mbo*Iで切れないで、合成したcDNAインサートの部分のみが切れる。その後、DNA濃度の薄い条件でセルフライゲーションする。このようにして両末端cDNAライブラリーが完成する(Fig.1 (a), (b))。両末端cDNAをコンピテントセル*E.coli* DH5にトランスフォーメーションした後125 µlのLB培地で24時間培養した後、直接PCR法によってプライマーM4 / RVを使ってcDNAインサートを増幅した。PCR産物の長さを測ったところ、0.3 kbpから1.6 kbpまで様々であるが、平均約800 bpであった(Fig. 2)。cDNAをこのような長さに短くすることによってPCRダイレクトシークエンス法を用いて大量かつ迅速な塩基配列決定ができる。なお、PCRで使用したプライマー(M4/RV)とクローニングサイトのシークエンスの長さの和が約200 bpあるので、cDNAの平均の長さは実質600 bpとなる。よって、この両末端cDNAライブラリーは3' 末端のPoly Aから上流へ平均約300 bpに*Mbo*Iサイトがあり、

それからさらに平均約 300 bp のところに 5' 末端が来る構造を持つと予想される。

このように大腸菌からの直接 PCR 法によって cDNA インサートを増幅できる様な適当な長さを持ち、cDNA の 5' 側と 3' 側の両方を持つ、真ん中の部分を取り除いた両末端 cDNA ライブラリーが完成した。

シークエンスエラー

未知のクローンに対してアミノ酸へ翻訳し機能的な予測をするためには、なるべくシークエンスエラーが少ないほうがよい。どのくらいの長さまで、不確定な塩基がほとんどなくシークエンスを決定できるかを調べた。

この両末端 cDNA ライブラリーの中からランダムに 275 クローンを選び、シークエンスを決定した。シークエンス反応は 5' 側の T7 dye プライマーを用い、PCR の反応液を透析したものをそのままテンプレートとして、サーマルサイクルシークエンス法を使って行った。373A オートシークエンサー(ABI) を用いてシークエンスを決定した。シークエンスのエラーについて解析した結果、cDNA の 5' 末端より 100 base までが 1/100(1%)、300 base までが 8/300(2.7%) であった。350 base よりも長い領域では不確定な塩基が急に多くなるのでアミノ酸への翻訳とその解析には適さない。この結果、この cDNA ライブラリーの 5' 末端から約 300 base 以下のシークエンスは、アミノ酸へ翻訳し、タンパク質データベースと Homology search を行うことが有効であるといえる。

Expression Profile

シークエンスを決定した 275 クローンについてどのような遺伝子がどのくらいの頻度で発現しているかを調べるためにそれぞれのシークエンスをお互いに Similarity search を行いその後、 GenBank(r.72) に対して Similarity search を行った。用いたプログラムは Blastn である。その結果、91 クローン(33%) が既知の遺伝子であった(Table 1)。また、275 クローンは 251 種類に分類できた。このライブラリーと同じ HepG2 細胞より作製した 3'-directed cDNA ライブラリー(HepG2- 3'-directed cDNA ライブラリー)を GenBank(r.71) に対して Similarity search を行った時は既知のものが 22% であったが、これは DNA データベースの update によって登録されている遺伝子の数が飛躍的に増えたことによって既知の遺伝子と同定される確率が高くなったと考えられる。また、Expression profile について調べてみると、発現頻度の多いクローンほど既知の遺伝子である確率が高い。一番多く発現している遺伝子はelongation factor で、2 番目が

serum albumin であった。

発現している遺伝子の種類について解析すると、expression profile と発現量の多い遺伝子は HepG2 細胞における mRNA レベルでの特徴をよく表している(Fig.3)。例えば、abundant なクローンの中に elongation factor, albumin, ribosomal protein など HepG2 細胞でよく発現している遺伝子がある。また HepG2-3'-directed cDNA ライブラリーで同定された遺伝子と比較して、 keratin18, calmodulin, alpha-fetoprotein, acidic ribosomal phosphoprotein P2, alpha-1-antitrypsin, 90kD heat shock protein など共通した遺伝子の発現が見られる[2](Table 1)。また、mRNA の発現量が多い遺伝子の種類がほぼ一致しており、クローンの数に対する頻度や発現している遺伝子の種類も似通っている。これらの結果より、HepG2- 3'-directed cDNA ライブラリーとこの両末端 cDNA ライブラリーがよく似た遺伝子発現パターンを表しているといえる。同じ HepG2 細胞から作製した cDNA ライブラリーであるので当然であるかもしれないが、この両末端 cDNA ライブラリーは、元の全長 cDNA ライブラリーの作製のときに cDNA をカラムに通してサイズフラクションを行い、長い cDNA フラグメントのみを集めるというバイアスがかかると思われる方法を使っている。それにもかかわらず、2つのライブラリーは同じような発現パターンを示しているので、3'-directed cDNA ライブラリー同様、この両末端 cDNA ライブラリーもほとんどバイアスのないものであるといえる。従って、この cDNA クローンの発現頻度は、直接、その細胞での mRNA の発現頻度を表していると考えられる。

両末端 cDNA ライブラリーの評価

この両末端 cDNA ライブラリーの中でどれくらいの割合のクローンが正確に 5' 末端と 3' 末端の両末端をもっているかどうかを調べるために、つまりこの両末端 cDNA ライブラリーの質を評価するために、GenBank(r.72) に対して同定された 91 クローンについて解析を行った。もし、この cDNA が期待どうりにできているとすると、cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベース(GenBank) に登録されている遺伝子の mRNA シークエンスの 5' 末端から最初に現われる *Mbo*I サイトまでと一致し、かつ、cDNA の *Mbo*I のサイトから 3' 末端までがその mRNA シークエンスの 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトから 3' 末端までと一致する構造を持つ(correct structure)。cDNA の 5' 側が mRNA の 5' 側であるという判断は、開始コドン(ATG) を含んでいるか、あるいはそれより上流のシークエンスを含んでいれば 5' 末端をもったクローンであるとした。

91 クローン中 34 クローン(37%) が mRNA の 5' 末端と 3' 末端の両末端を含む期待どうりの構造を持っていた(Fig.4, A-1,A-2)。残りの 57 クローンのうち 44 クローン(48%) は mRNA の 3' 末端を含むが、 5' 末端を含まない構造の cDNA であった(Fig.4, B-1,B-2)。つまり、cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスが完全な遺伝子の mRNA シークエンスの途中からそのすぐ下流にある *Mbo*I サイトまでと一致し、かつ、cDNAの *Mbo*I サイトから 3'末端までがその mRNA シークエンスの 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトから 3' 末端までと一致する構造を持つものであった。このような不完全な構造を持つ cDNA クローンができた理由として、全長 cDNA ライブラリーを作製するときに 1 st.strand 合成が途中で止ったか元の mRNA が分解していたために生じたものと思われる。また、cDNA の *Mbo*I サイトより 3' 側のシークエンスが mRNA の 3' 側と一致するが 5' 側が未知のシークエンスであるクローンや、その逆で、cDNA の *Mbo*I サイトより 5' 側のシークエンスが mRNA の 5' 側か真ん中と一致するが 3' 側が未知のシークエンスであるクローンが 13 クローン見つかった(Fig.4, C-1,C-1,C-2)。これらは chimeric なクローン、あるいは全長 mRNA シークエンスがデータベースに登録されていない、あるいは alternative splicing された mRNA の cDNA から生じたものと思われる。C-1 についてはまだ GenBank 登録されていない、さらに上流の 5' 末端をもったクローンである可能性も考えられる。

次に、この両末端 cDNA ライブラリーの 5' 側がどれくらいの割合で coding シークエンスを含んでいるのかを調べた。coding 領域を含むということは未知のクローンをアミノ酸に翻訳することによって機能的な予測を可能にする。GenBank に対して同定された 91 クローンの中で coding シークエンスを含むものが 74 クローン(81%) あり、そのうち 35 クローン(38%) が翻訳のための開始コドン(ATG) を含み、タンパク質のN末端の情報を持ったクローンであった。このことより 3'-noncoding region と比べて 5'-noncoding region の長さが短いといえる。

これらの結果、特にサイズの大きなクローンを除き、作製した両末端 cDNA ライブラリーの中では全体の約 4 割のクローンが mRNA の 5' 末端と 3' 末端の両末端を持った期待どうりの cDNA であると予想される。この 4 割という値はランダムに cDNA のシークエンスを決定し、解析するうえでかなり有用であると考えられる。

3'-directed cDNA ライブラリーとの Similarity

3'-directed cDNA ライブラリーはすでに様々な細胞、組織から作製され、大量にシークエンスが決定されており、それらの解析により、その細胞における遺伝子発現レベルでのより確かな発現頻度情報を持っている。この情報と両末端 cDNA ライブラリーの情報をリンクさせることによって、未知の遺伝子の様々な細胞での発現頻度情報が得られる。逆に考えれば 3'-directed cDNA に coding 含んだ 5' 側のシークエンス情報を付け加えることができる。

GenBank に対して Similarity を調べた結果同定されなかった未知の 184 クローンについて、3'-directed cDNA ライブラリーのシークエンスデータ(3664 クローン)に対して Similarity search を行った。用いた 3'-directed cDNA ライブラリーは HepG2 細胞から作製した HepG2- 3'-directed cDNA ライブラリー 982 クローン、HL60 細胞(ヒト前骨髄性白血病由来の細胞株)から作製したHL60- 3'-directed cDNA ライブラリー 1268 クローン、HL60 細胞に DMSO(dimethyl sulfoxide) 処理を行い分化誘導させた細胞から作製した HL60d- 3'-directed cDNA ライブラリー 1417 クローンの合計 3664 クローンである。その結果 20 クローンの cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 側のシークエンスがもうすでに 3'-directed cDNAs として登録されていた(Table 2)。HepG2- 3'-directed cDNA ライブラリーに同定されたものが 10 クローン、HL60- 3'-directed cDNA ライブラリーに同定されたものが 5 クローン、HL60d- 3'-directed cDNA ライブラリーに同定されたものが 5 クローン見つかった。それぞれのクローンが各細胞でどれくらいの頻度で発現しているかがわかる。それらの cDNA をアミノ酸に翻訳して Protein Database PIR(r.34) に対して Homology search を行ったところ、Rat Ribosomal protein L9 とアミノ酸レベルで 100% の Homology を持っているものが見つかった。これは新しい Human Ribosomal protein であることが予想される。このクローンは 3'-directed cNDAs の解析により HepG2 細胞で 6/982(0.6%) の発現頻度を持つ abundant なクローンでしかもその性質が同定できないものであった。このほか、C.elegans Heat shock protein 70F や Mouse Transplantation antigen P198, Mouse MER5 protein などのタンパク質と Homology を持つものが見つかった。このように、3'-directed cDNA ライブラリーとの比較により新たな情報を与えることができた。

Protein Database PIR との Homology

GenBank に対して同定されなかった未知の 184 クローンについて、その機能を予測するために、3 種類のフレームで核酸配列からアミノ酸配列への変換を

行い、Protein database PIR(r.34) に対して Homology search を行った。用いたプログラムは Blastx である。その結果、アミノ酸レベルで 50% 以上の Homology を持つクローンが 19 クローン見つかった(table 3)。Rat Ribosomal protein L9, L35 などと強いHomology (90% 以上)を持つのクローンが見つかった。それらは新しい Human Ribosomal protein であると考えられる。80% 代の Homology として Mouse Gene I3 protein, Bovine Phosphocarrier protein precursor, C.elegans Heat shock protein 70F, Human Tat-binding protein が見つかった。また、Rat Hemoprotein H-450 precurser と 51% の Homology を持つクローンについては、開始コドンと思われる ATG サイトがそのタンパク質の頭のアミノ酸であるメチオニンと一致していた。その他様々な生物のタンパク質と Homology を持つクローンが見つかった。これらは同様な機能を持つ未知の Human の遺伝子であると考えられる。

この両末端 cDNA の 5' 側、3' 側のどちらで Homology が見つかったを調べてみると、cDNA の 3' 側のみ、あるいは 5' 側から 3' 側へ両方にまたがって Homology を持つクローンも一部見られたが、ほとんどのクローンは cDNA の 5' 側のみに Homology を持っており、それらのクローンは 3' 側のみの解析から機能的な情報が得られなかったクローンである。このことからも、ほとんどの両末端 cDNA クローンの 5' 側は coding 領域を含んでいると推測できる。これらクローン以外にも、40% から 50% の Homology を持つものが 17 クローン見つかった。

このように、GenBank に対して同定されなかった未知の cDNA ライブラリーシークエンスをアミノ酸に翻訳し Protein Database PIR と Homology search を行うことにより、いくつかのクローンについて機能的な予測をすることができた。

ORF 検索

さらに、機能的な予測を行うため、未知のシークエンスを持つ 184 クローンについて ORF(Open Reading Frame) 検索を行った。ORF 検索を行うことによって、Protein Database PIR と Homology が全く見られなかったクローンの塩基配列がどのフレームでアミノ酸に翻訳されているのかを予測することができる。3 種類のフレームでアミノ酸へ翻訳し、開始コドンと終止コドンの位置を調べた。その結果、105 クローン(57%) について ATG を頭に含むフレームが見つかった。そのいくつかのパターンを (Fig. 5) に示す。一方、GenBank に対して同定された既知のクローンの解析によると、開始コドンを示す ATG を含むクローンは 91 クローン中 35 クローン(38%) である。この 2 つの割合(57% と 38%)

はかなりの差であるが、実際は、未知のクローンの ORF 検索によって見つかった 105 クローンの ATG サイトのすべてが開始コドンとして働いているわけではないと考えられる。以上のように ORF 検索で見つかったフレームについてアミノ酸に翻訳しその配列に対する Hydropathy 解析とモチーフ検索を行った。

Hydropathy 解析

Hydropathic index を調べることによってそのタンパク質の性質がある程度わかる場合がある。例えば、分泌タンパクであればその頭のメチオニンから疎水性のアミノ酸が約 20 a.a. 以上にわたり並び、膜たんぱくであれば膜貫通ドメインとなる部分のアミノ酸が約 20 a.a. 以上にわたり疎水性のアミノ酸となる[10),11)]。GenBank に対して同定されなかった未知の 184 クローンについて ORF 検索を行い、ATG サイトを頭に含むフレーム 105 クローンについてアミノ酸に翻訳し、KYTE and DOOLITTLE の Index Table (Table 4) を用いて Hydropathy 解析を行った。この Index Table を用いてアミノ酸配列のスコアーを計算すると、プラスのスコアーが疎水性のアミノ酸配列、マイナスのスコアーが親水性のアミノ酸配列を示す。スコアーを計算する際 window サイズは 10 a.a.で行った。その結果、頭から約 20 アミノ酸までの領域で疎水性の強いクローン(Fig.6 (a))、頭から 10 から 30 アミノ酸の領域で疎水性の強いクローン(Fig.6 (b))、さらに、疎水性の領域と親水性の領域が交互に周期的に現われたり、あるいはアミノ酸配列の真ん中付近で疎水性のアミノ酸が 20 a.a. 以上にわたって存在するクローン(Fig.6 (c)) などいくつかのパターンが見られた。これらのクローンは分泌タンパク質あるいは膜タンパク質の特徴を持つものであると考えられる。

モチーフ検索

未知のシークエンスの解析に関してはモチーフ検索も有効であろう。現在までに様々なモチーフが知られており、特にアミノ酸配列モチーフはそのタンパク質の機能を知るうえで重要である。GenBank に対して同定されなかった未知の 184 クローンについて ORF 検索を行い、ATG サイトを頭に含むフレーム 105 クローンについてアミノ酸に翻訳し motif database Prosite (685 entries) に対して検索を行った。その結果、はっきりとしたモチーフが見つかったのは 3 クローンのみであった(Fig.7)。Zinc Finger モチーフ、Leucine Zipper モチーフ、RGD モチーフである。 Zinc Finger モチーフ、Leucine Zipper モチーフは DNA 結合タンパクに見られるモチーフであり[12),13)]、この cDNA は未知の Human の

DNA結合タンパク質をコードしている遺伝子であると考えられる。また、RGDモチーフはfibronectinなどに見られるモチーフで細胞間接着因子と深く関与しており[14]、これらのクローンは未知のHumanの細胞間接着タンパク質をコードしている遺伝子であると考えられる。

[考察]

両末端 cDNA ライブラリーの作製とその解析を行った。その結果、約 4 割のクローンが期待どおりに mRNA の 5' 末端と 3' 末端の両末端を持ち、cDNA の真ん中の部分の抜け落ちた構造(correct structure) を持つものであった。残りのクローンは mRNA の 5' 末端を持たない、mRNA の途中の部分を持った cDNA であった。その原因は、この両末端 cDNA ライブラリーが全長 cDNA ライブラリーを *Mbo*I で切って作製したものであるので、その元の全長 cDNA ライブラリーの中に全長でない cDNA が含まれているからだと考えられる。従って、この場合、元のいわゆる全長 cDNA ライブラリーの中で本当に全長を持つクローンは、全体の約 4 割であると考えられる。この割合は、現在における酵素反応系の効率や全長 cDNA ライブラリー作製の技術を考えれば、様々な情報を得るうえでかなり有用であるといえる。

全長でない cDNA すなわち、正確に5' 末端を含んでいないクローンができる理由として、元の mRNA があまりにも長いとき、あるいは mRNA の途中に強い 2 次構造を持っていた場合、その全長 cDNA は作製されにくいと考えられる。そこで、GenBank に対して同定された既知の 91 クローンについて元の mRNA の長さとその 2 次構造について解析を行った。91 クローンの中で correct 構造を持つ cDNA クローン(Fig.4, A-1,A-2) の元の mRNA の長さをデータベース(GenBank) より調べたところ、一番短い acidic ribosomal phosphoprotein P2 の 460 base から 一番長い NAD(P)H menadione oxdoreductase の 2447 base まで様々で平均すると 1406 base であった。また correct 構造以外のクローン (Fig.4, B-1,B-2, C-1, C-2, C-3) についても元の mRNA の長さを Database より調べたところ、一番短い ribosomal protein S17 の 477 base から一番長い pM5 の 4086 base まで様々で平均すると 2245 base であった。次に、この mRNA の 5' 末端まで伸びないで途中で止ったと考えられるクローン(Fig.4, B-1,B-2) についてその止った付近の mRNA の 2 次構造を調べてみた。すると、止ったサイト、すなわち cDNA の 5' 末端に対応する mRNA サイトのすぐ上流の 15 base から 30 base の長さの領域でパリンドローム様の構造が見られたクローンが 44 クローン中 19 クローン(43%) 見つかった。この部分的な構造によって 1st.strand 合成のとき反応が途中で止ると考えられ、5' 末端を含まない cDNA クローンができる理由の一部と考えられる。このような解析結果より、ライブラリーの質 (cDNA が正確に 5' 末端を含んでいるかどうか) は mRNA の長さだけでなく、その塩基配列による影響も大きいと考えられる。この他、5' 末端を含んでい

ない原因として、mRNA に結合したタンパク質によるブロック、mRNA の分解等が考えられる。

これに対して、質の良い全長 cDNA ライブラリーを作製するためには、まず新鮮な材料を使うこと、つまり質の良い mRNA を調製しそれを使うことである。また、5' 末端を含んだクローンの割合をより多くするために、1st strand 合成のときに高い温度で活性のある reverse transcriptase を使う、あるいは formamide, dimethyl sulfoxide(DMSO) を加えることにより mRNA の 2 次構造を解いたり、mRNA の調製のとき 5' 末端についている CAP 構造を認識してそれのみをクローニングする[15] などの方法が考えられる。CAP 構造を認識する方法は、正確に 5' 末端を持つ cDNA がクローニングできるので理想的である。いかにして質の良い全長 cDNA ライブラリーを作製するかが今後の課題である。

逆に、この両末端 cDNA ライブラリーの塩基配列が PCR ダイレクトシークエンス法を用いて簡単に、しかも大量かつ迅速に決定することができることを利用すると、全長 cDNA ライブラリーを作製したときの質を計るモニターとして使うことができる。つまり、ある細胞・組織から全長 cDNA ライブラリーを作製したとき、その cDNA ライブラリーの中で本当の全長 cDNA を持つクローンがどのくらいの割合で存在するかを調べるために、その全長 cDNA ライブラリーを適当な制限酵素で切りこのような両末端 cDNA ライブラリーを作製し大量シークエンス、解析を行う。そして正確に mRNA の 5' 末端がクローニングされているかどうかを調べることによって元の全長 cDNA ライブラリーの質が推測できる。

また、3'-directed cDNAs とこの両末端 cDNAs のデータをリンクさせることは重要である。3'-directed cDNA データが今後さらに大量に増加するにつれて、両末端 cDNA との Similarity search により同定される確率が高くなり、同定されれば、そのクローンがどのような細胞・組織でどのくらいの頻度で発現しているかという情報が得られる。逆に言えば、その 3'-directed cDNA クローンは機能的情報を持った 5' 側シークエンスが得られる。しかし、この両末端 cDNA ライブラリーの平均の長さは 600 bp であり、今日の Single run シークエンスで決定可能な長さ約 400 base よりも長い。実際、*Mbo*I サイトを越えて正確にシークエンスが決定できているクローンは 275 クローン中 179 クローン (65%) であった。すべてのクローンを Single run シークエンスで塩基配列を決定するためには、元の全長 cDNA ライブラリーを MboI 以外の制限酵素で切り、両末端 cDNA ライブラリーの平均の長さを 400 bp 以下にすることが考えられるが、cDNA の長さがあまりにも短いと機能的な予測が難しくなることや、メ

チレーションによるセレクションを使える制限酵素が限られていることなどにより、その方法は期待できない。むしろ、シークエンスの技術的改良により、例えばキャピラリー電気泳動を応用したDNAシークエンス法などを用いて[16]、Single runシークエンスでより長いDNAフラグメントの塩基配列が決定できることが望まれる。

一方、この両末端cDNAライブラリーの5'側のシークエンスデータの蓄積によって、将来、mRNAの5'末端に特有な配列が見つかる可能性が考えられる。もしそうなれば、このcDNAライブラリーから得られたデータは極めて有用である。さらにこのcDNAシークエンスのデータ解析で特に有用であるのは、ORF検索を行いcDNAの5'側の最初のATGサイトからアミノ酸に翻訳しその配列についてhydropathy解析を行うことである。このcDNAの5'側シークエンスの最初のATGが開始コドンかどうかについては、Kozak M.が行った5'-noncodingシークエンスの解析により、開始コドンATG付近にあるコンセンサスシークエンス(GCC[A/G]CCATGG)が知られており[17]、これと比較することによってある程度予想することができる。ORF検索よって見つかった105クローンのATGサイト付近のシークエンスとKozakのコンセンサスシークエンスを比較したところ、66クローンがそのATGサイトの前後に似通った配列を持っていた。この割合はGenBankに対して同定されなかった未知のクローン(184クローン)の36%を占める。この結果からも、この両末端cDNAライブラリーの中で正確に5'末端を持つクローンの割合が約4割であるといえる。

このように、cDNAの5'側の解析は未知のシークエンスに対して機能的な予測をすることができる。さらにこの領域はシグナルペプチドなどのタンパク質のN末端情報を含んでおり、ある細胞でのタンパク質N末端カタログを作ることができる。タンパク質のアミノ酸配列のシークエンスはN末端から行われており、これらの情報と比較することにより、より有用なデータとなり得る。

一般に、5'-noncoding regionの長さは3'-noncoding regionと比べて短く、その長さが100 base以下のmRNAが全体の約70%、200 base以下が90%を占める[17]。従って、mRNAの5'末端から約300 baseの領域のシークエンスはタンパク質のN末端配列の情報を持っていると考えられる。仮にcDNAがある遺伝子の完全なmRNAの5'末端を持っていなくても、その遺伝子のcoding領域を持っていたならば、アミノ酸に翻訳することができる。アミノ酸配列が得られれば、タンパク質データベースとのHomology searchやモチーフ検索によって未知のクローンに機能的な情報を与えることができる。そういう意味で、この両

末端 cDNA ライブラリーのほとんどのクローンはその 5' 側に coding シークエンスを含んでいると考えられ、未知のクローンの機能・性質を推測するための重要な情報を持っている。

さらに今後 PCR 法の技術改良により、より長いフラグメントが増幅可能となれば、この両末端 cDNA ライブラリーの解析によって興味あるクローンが見つかったとき、その 5' 側のシークエンスと 3' 側のシークエンスを用いてプライマーを合成し PCR 反応を行うことにより、簡単にその遺伝子の全長 cDNA が得られる。また、同一遺伝子の 5' と 3' のシークエンス情報が得られれば、未知のゲノムのシークエンスデータと比較することにより、その遺伝子の頭と尻尾の位置を決定することができる。

以上のように、この両末端 cDNA ライブラリーの解析は今後の遺伝子・ゲノムの解析を行う上で重要な情報を与えてくれるだろう。

[Fig., Table の説明]

Fig.1 (a) 両末端 cDNA ライブラリーの作製の原理と使用したプライマー

まず、全長 cDNA ライブラリーを作製しベクター pSPORT1 にライゲーションする。その後すぐに *Mbo*I(GATC) でcDNA の真ん中の部分を切り、DNA 濃度を薄めてセルフライゲーションを行う。*Mbo*I(GATC) はメチレーションサイトを切らないのでベクター部分は切れず、合成された cDNA の中だけが切れる。*Mbo*I は 4 base カッターなので理論的には平均 256 base に 1 箇所の割合で切れる。このようにして両末端 cDNA が完成する。cDNA は大腸菌に transformation され、ベクター内のプライマー M4, RV を用いて 直接 PCR 反応を行い cDNA インサートを増幅する。T7 dye primer を使って PCR ダイレクトシークエンス法を用い PCR 法で増幅した cDNA の塩基配列を決定する。

(b) 両末端 cDNA を組み込んだベクター pSPORT1

cDNA インサートは pSPORT の *Not*I, *Sal*I サイトにクローニングされ、*Sal*I 側に cDNA の 5' 側が、*Not*I 側に cDNA の 3' 側が来る。

Fig.2 cDNA インサートの PCR 産物

cDNA インサートを大腸菌からの直接 PCR 法を用いて増幅させ、1.5% アガロースゲルでそのサイズを見たもの。PCR 産物の平均の長さは約 800 bp であるが、PCR プライマー(M4 / RV) とベクタークローニングサイトのシークエンスの長さの和が約 200 bp あるので、cDNA の平均の長さは実質 600 bp となる。サイズマーカーは 1 kbase lader (BRL) 。

Fig.3 expression profile and abundant gene list

275 クローンのシークエンスをお互いに Similarity search を行い、次に GenBank(r.72) に対して Similality search を行った結果、251 種類に分類でき、91 クローンが同定された。黒く塗りつぶした部分は GenBank に対して同定されたクローンを表し、白抜きの部分は未知のクローンを表している。灰色の部分は未知のクローンの中で 3'-directed cDNAs に対して同定されたクローンである。abundant なクローンほど既知の遺伝子である確率がたかい。abundant な遺伝子のリストもあわせて示してある。一番多く見られた遺伝子は elongation factor でその頻度は 8/275(2.9%) であった。2 番目に多かったのは serum albumin でその頻度は 4/275(1.5%) であった。abundant な遺伝子は HepG2 細胞の特徴をよく表している。

Fig.4 両末端 cDNA ライブラリーの質

GenBank に対して同定された 91 クローンについて、その cDNA が元の mRNA のどの部分のシークエンスを持っているのかを示している。そのマッチングによって 5 種類に分類した。

(A-1) cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベースに登録されている mRNA のシークエンスの 5' 末端から最初に現われる *Mbo*I サイトまでと一致し、かつ、cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 末端までがその mRNA の 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトから 3' 末端までと一致する構造を持つ、しかも開始コドンである ATG サイトを含んでいるクローン。(5' 末端を含む)

(A-2) cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベースに登録されている mRNA のシークエンスの 5' 末端から最初に現われる *Mbo*I サイトまでと一致し、かつ、cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 末端までがその mRNA の 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトから 3' 末端までと一致する構造を持つ、しかし開始コドンである ATG サイトを含まないクローン。(5' 末端を含む)

(B-1) cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベースに登録されている mRNA の途中からその下流にある最初の *Mbo*I サイトまでと一致し、かつ、cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 末端までがその mRNA の 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトから 3' 末端までと一致する構造を持つクローン。(5' 末端を含まない)

(B-2) cDNA の 5' 末端から 3' 末端までが mRNA の 3' 側と一致する構造を持つクローン。cDNA のシークエンスの中に *Mbo*I サイトを含まないか、あるいは *Mbo*I サイトがあったとしてもその位置が 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトであるクローン。(5' 末端を含まない)

(C-1) cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベースに登録されていない未知のシークエンスで、かつ、cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 末端までがデータベースに登録されている mRNA の 3' 末端に一番近い *Mbo*I サイトから 3' 末端までと一致する構造を持つクローン。これらは alternative splicing された未知の mRNA から作られたものか、あるいは 5' 末端がまだ未知のクローンであると考えられる。

(C-2) cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベースに登録されている mRNA の途中からその下流にある最初の *Mbo*I サイトまでと

一致し、かつ、cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 末端までがデータベースに登録されていない未知のシークエンスである構造を持つクローン。(chimera)

(C-3) cDNA の 5' 末端から *Mbo*I サイトまでのシークエンスがデータベースに登録されている mRNA のシークエンスの 5' 末端から最初に現われる *Mbo*I サイトまでと一致し、かつ、cDNA の *Mbo*I サイトから 3' 末端までがデータベースに登録されていない未知のシークエンスである構造を持つクローン。(chimera であるが 5' 末端を含む)

(C-1), (C-2), (C-3) で '?' 印は同定されていない未知のシークエンスを表す。

Fig.5 ORF(Open Reading Frame) 検索

GenBank に対して同定されなかった未知のクローンの ORF 検索を行った。3 種類のフレームで開始コドンと終止コドン の位置を調べた結果、頭に ATG サイトがあるフレームを持つ cDNA が 105 クローン見つかった。そのうち 5 例を示す。▼ 印は ATG サイトを、▌印は TAA, TAG, TGA サイトを示す。斜線部分は予想される ORF を示している。*Mbo*I サイトの位置もあわせて表示してある。

Fig.6 Hydropathy 解析

ORF 検索した結果、頭に ATG サイトを持つクローンについてアミノ酸に翻訳し KYTE and DOOLITTLE の Index Table を用いて Hydropathy 解析を行った。そのいくつかのパターンの結果を示す。横軸はアミノ酸配列を表し、縦軸はそのアミノ酸配列の Hydropathy index を表す。プラスが疎水性、マイナスが親水性を表す。window サイズは 10 a.a. で計算した。

(a) 頭のメチオニンから約 20 a.a. の領域で強い疎水性をしめすもの。分泌タンパク質の特徴を持っているものと思われる。

(b) 頭のメチオニンを 1 として 11 番目から 31 番目の間の約 20 a.a. の領域で強い疎水性を示すもの。これらも分泌たんぱく質の性質を持っているものと考えれれる。

(c) 疎水性の部分と親水性の部分が周期的に現われるあるいはアミノ酸の真ん中の付近で疎水性の部分が 20 a.a. 以上にわたって存在するもの。膜タンパク質の特徴を持つものであると考えられれる。

Fig.7 モチーフ検索

GenBank に対して同定されなかった未知のクローンについて motif Database

Prosite(r.7.0) に対して Mac Pattern を使いモチーフ検索を行った。その結果、3 クローンについてはっきりとしたモチーフが見つかった。Zink finger motif と Leucine zipper motif と RGD motif である。これらは、DNA 結合タンパク質や細胞間接着タンパク質が持っているモチーフである。

Fig.8 データ処理の流れ

シークエンスを決定した両末端 cDNAs 275 クローンのシークエンスデータの処理の流れを示す。これらの解析は Sparc Station II (Sun Mico System) と Macintosh II を用いて行った。

Table 1 GenBank に対して同定されたクローンリスト

91 クローンが GenBank に対して同定され、その遺伝子のリストを表している。Match region and *Mbo*I site のカラムは cDNA が mRNA のどの部分を持っているかを示している。なお、このカラムの中で '/' の部分は *Mbo*I サイトを示している。 Size は元の mRNA の大きさを示している。一番右のカラムは、そのマッチングのパターンより Fig.4 で表しているように分類した場合のカテゴリーを示している。

Table 2 3'-directed cDNAs との Similarity

GenBank に対して同定されなかった未知のクローンについて、3'-directed cDNAs に対して Similarity search を行った。その結果、20 クローンが同定された。全てのクローンで *Mbo*I サイトから 3' 側で同定されている。これらのクローンのそれぞれのライブラリー(HepG2 細胞、HL60 細胞、HL60 細胞を DMSO 処理して分化誘導した細胞から作製した cDNA ライブラリー) での発現頻度を同時に示している。5' 側の解析により、そのうちの 4 クローンがタンパク質データベースに対して Homology を持っていた。

Table 3 PIR との Homology

GenBank に対して同定されなかった未知のクローンについて、3 種類のフレームでアミノ酸に翻訳し Protein Database PIR に対して Homology search を行った結果、50% 以上の Homology を持つものが 19 クローン見つかった。Match site のカラムの '=' が Homology のあった領域を示している。また、cDNA の *Mbo*I サイトの位置により、あるタンパク質と Homology を持つ領域が cDNA の 5' 側か 3' 側のどちら側であるかがわかる。

Table 4 Hydropathy index table (Kyte and Doolittle)

アミノ酸の疎水性の度合いを示す。プラスが疎水性、マイナスが親水性を表す。この表に従ってアミノ酸配列の Hydropathy のスコアーを計算する。

[参考文献]

1) Okubo, K., Hori, N., Matoba, R., Niiyama, T., and Matsubara, K. (1991). A novel system for large-scale sequencing of cDNA by PCR amplification. *DNA sequence* 2 137-144.

2) Adams, M.D., Kelley, J.M., Gocayne, J.D., Dubnick, M., Polymeropoulos, M.H., Xiao, H., Merril, C.R., Wu, A., Olde, B., Moreno, R.F., Kerkavage, A.R., McCombie, W.R., and Venter, J.C. (1991). Complementary DNA Sequencing: Expressed Sequence Tags and Human Genome Project. *Science* 252 1651-1656.

3) Okubo, K., Hori, N., Matoba, R., Niiyama, T., Fukushima, A., Kojima, Y., and Matsubara, K. (1992). Lage scale cDNA sequencing for analysis of quantitative and qualitative aspects of gene expression. *nature genetics* 2 173-179.

4) Adams, M.D., Dubnick, M., Kerlavage, A.R., Moreno, R., Kelley, J.M., Utterback, T.R., Nagle, J.W., Fields, C. and Venter, J.C. (1992). Sequence idntification of 2375 human brain genes. *Nature* 355 632-634.

5) Aden, D.P., Fogel, A. and Knowles, B.B. (1979). Controlled synthesis of HBsAg in a differentiated human liver carcinoma derived cell line. *Nature* 282 615-617.

6) Sambrook, J., Fritsch, E.F. and Maniatis, T. (1989). Extraction and purification of RNA. *Molecular Cloning. 2nd.ed.*(New York: Cold Spring Harbor Laboratory) vol.1. pp 7.3-7.36.

7) Okayama, H. and Berg, P. (1982). High-efficiency cloning of full-length cDNA. *Mol.Cell Biol.* 2 161-170.

8) Hanahan, D. (1983). Studies on transformation of *Escheritchia* coli with plasmid. *J. molec. biol.* 166 557-580.

9) Samuel, K and Altschul, S.F. (1990). Methods for assessing the ststistical significance of molecular sequence features by using general scoring shemes. *Proc. Natl. Acad. Sdc.* 87 2264-2268.

10) Kyte, J. and Doolittle, R.F. (1982). A simple method for displaying the hydropathic charactor of a protein. *J. Mol. Biol.* 157 105-132.

11) Engelman, D.M., Steitz, T.A. and Goldman, A. Identifying nonpolar transbilayer helice in amino acid sequence of membrane proteins. *Annu Rev. Biophys. Chem.* 15 321-353.

12) Klug, A. and Rhodes, D. (1987). 'Zinc fingers': a novel protein motif for nuckeic acid recognition. *Trends in Biochem. Sci.* 12 464-469.

13) Landschilz, W.L., Johnson, P.F. and McKnight, S.L. (1988). The Leucine Zipper: A hypothetical structure common to a new class of DNA binding proteins. *Science* 240 1759-1764.

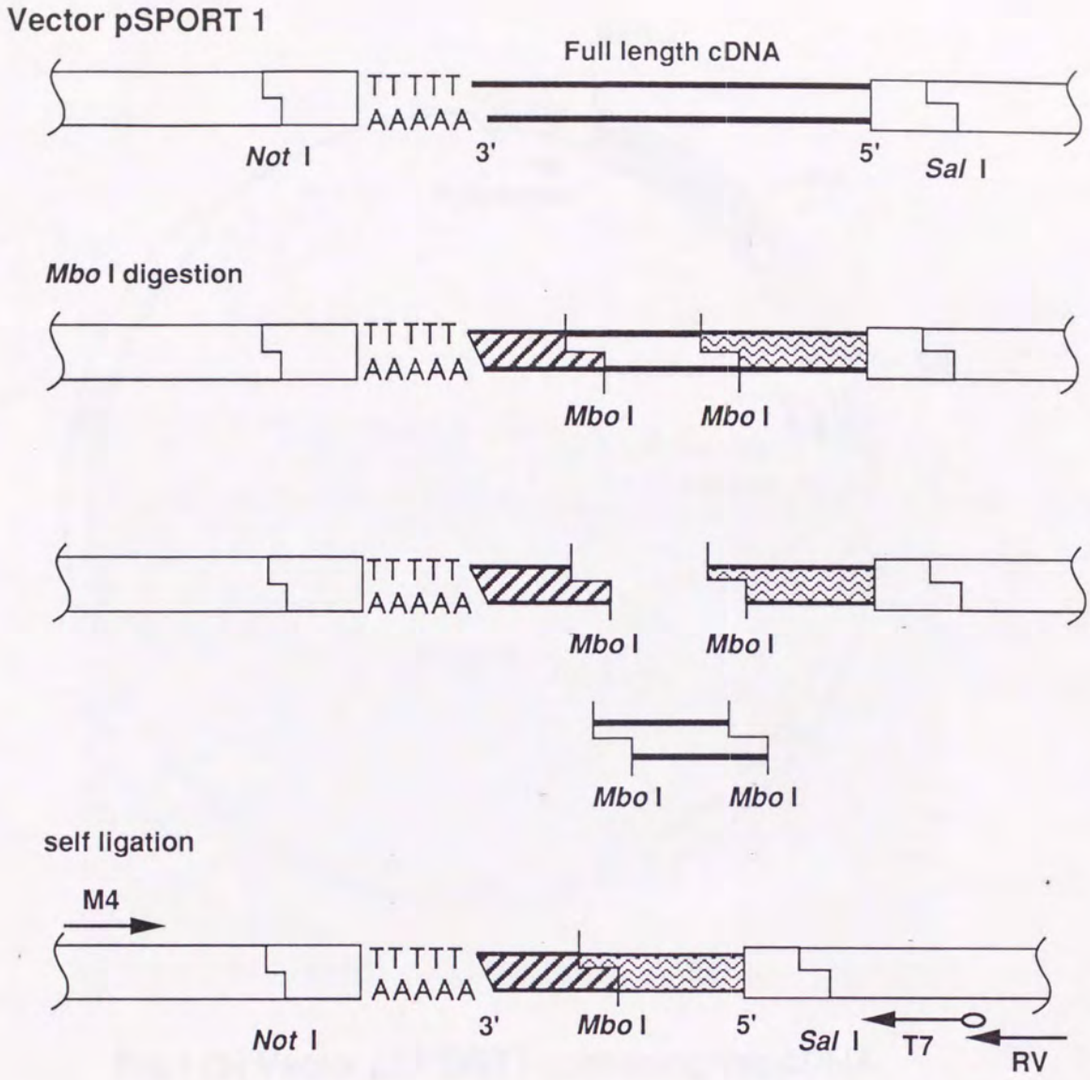
14) D'Souza, S.E., Ginsberg, M.H. and Plow, E.F. (1991). Arginyl- glycyl-aspartic acid (RGD): a cell adhesion motif. *Trends in Biochem. Sci.* 16 246-250.

15) 菅野純夫、丸山和夫 (1993). 完全長 cDNA ライブラリーに向けて. *ゲノム解析研究*(共立出版). 蛋核酵 1993 年 2 月増刊.

16) Mathies, R.A. and Huang, X.C. (1992). Capillary array elsctrophoresis: an approach to high-speed, high-throughput DNA sequencing. *Nature* 359 167-169.

17) Kozak, M., (1987). An analysis of 5'-noncoding sequences form 699 vertevrate messenger RNAs. *Nucleic Acids Res.* 15 8125-8148.

[謝辞]
本論文を作成するにあたり御協力いただいた本研究室の大久保公策、堀直裕、福島淳諸氏及びに、研究をお進めるにあたり御指導、御鞭撻をいただいた指導教官の松原謙一先生に感謝します。



PCR primer : M4 / RV

sequencing dye primer : T7

M4 : 5'-GTTTTCCCAGTCACGACGTTG-3'

RV : 5'-CAGGAAACAGCTATGACCATG-3'

T7 : 5'-dye-TAATACGACTCACTATAGGG-3'

Fig.1 (a) Construction of a cDNA library containing both 5' and 3' ends

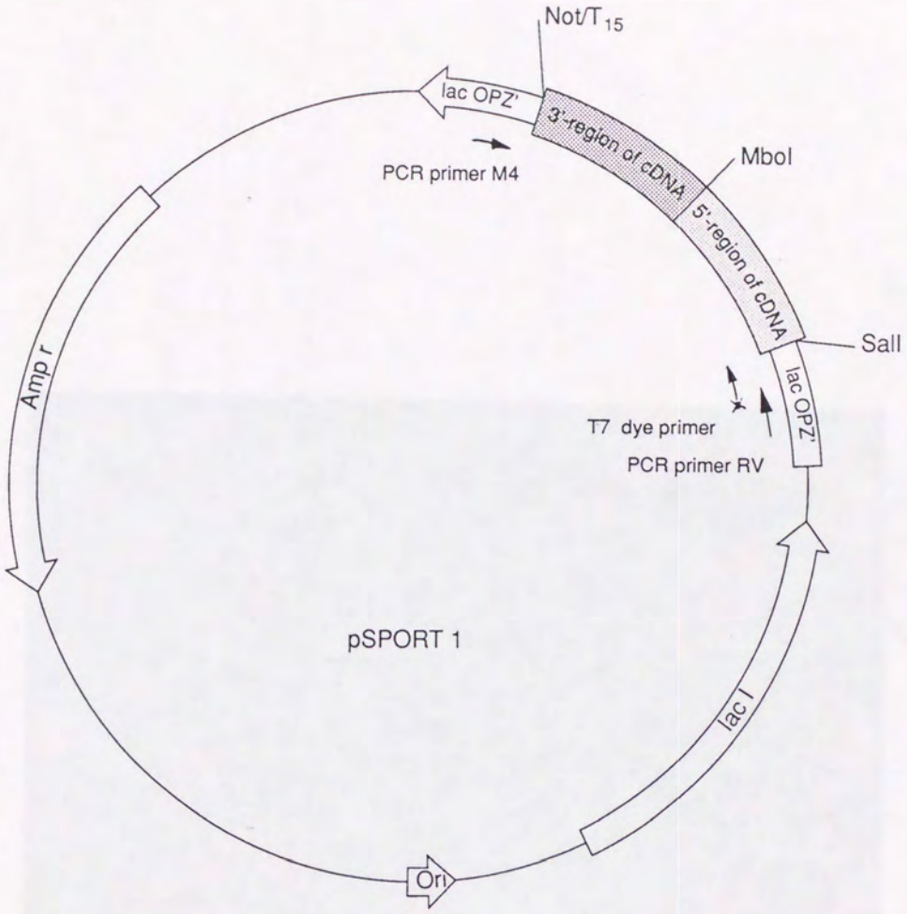


Fig.1 (b) Vector pSPORT1 containing this cDNA

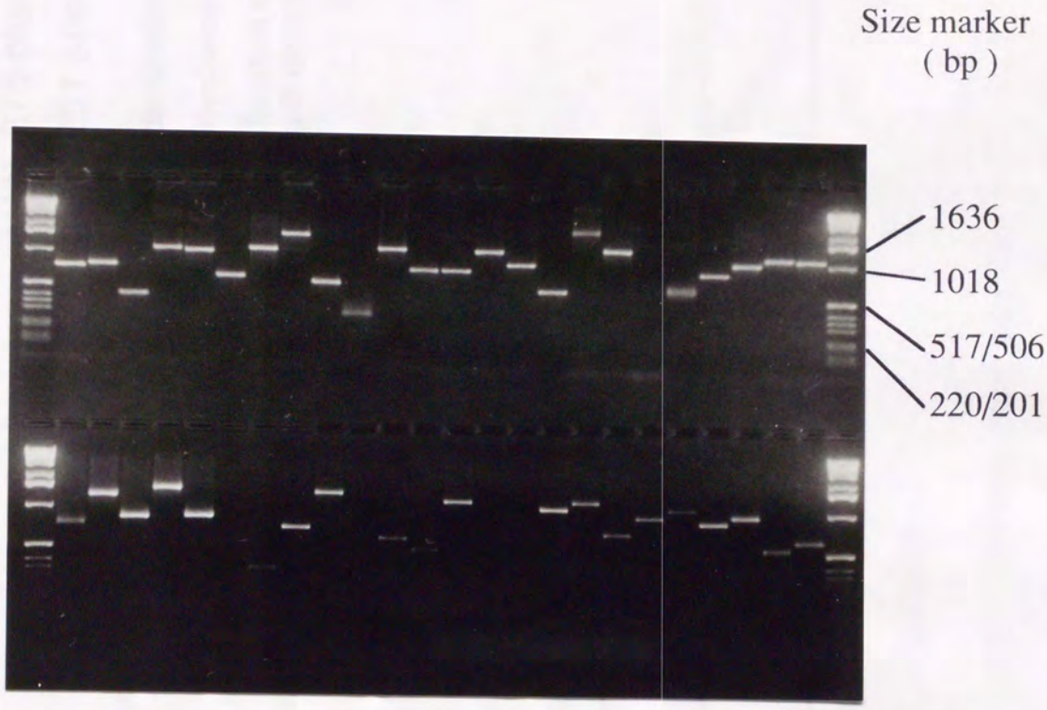


Fig.2 PCR products of this cDNAs

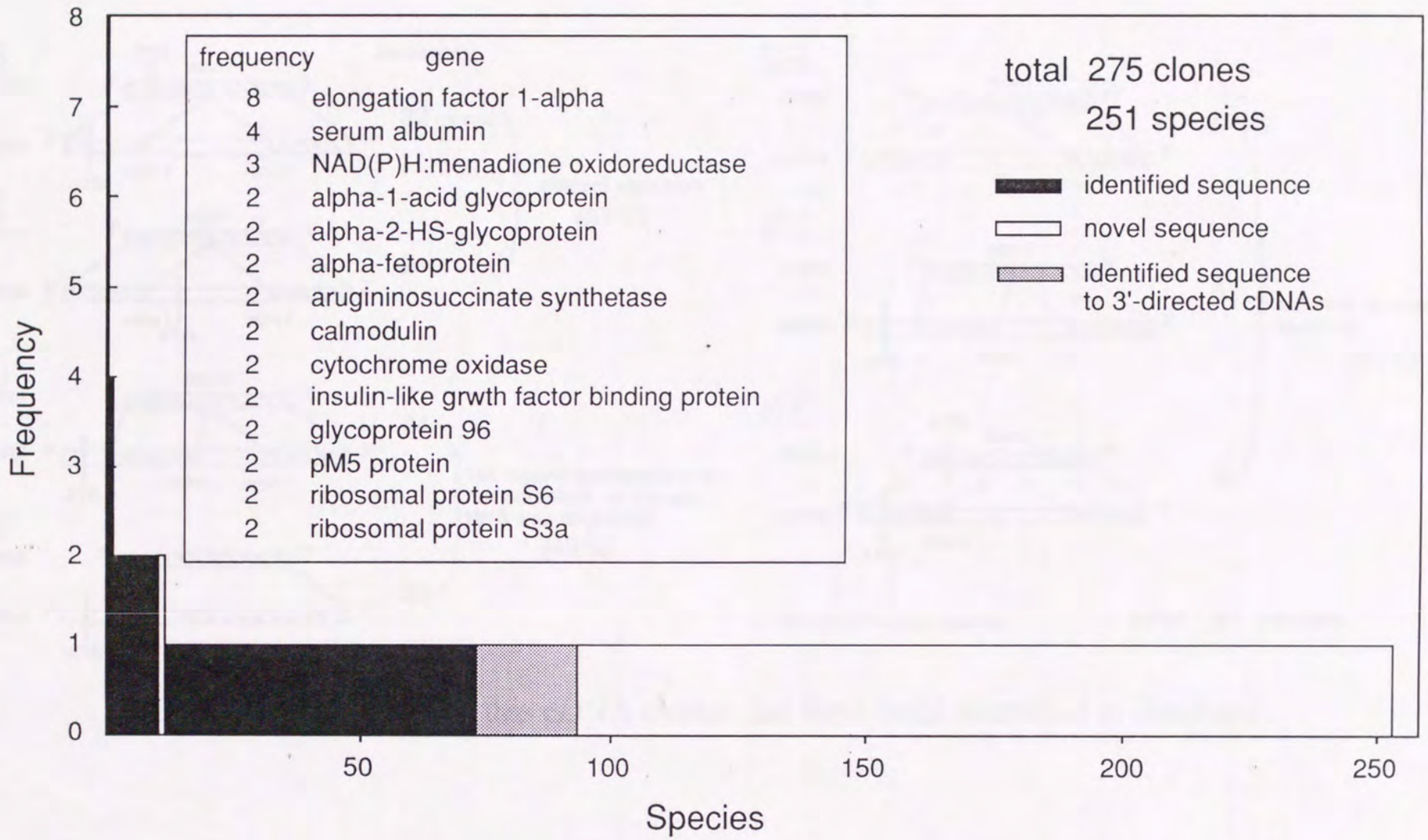


Fig.3 Expression profile and abundant gene list

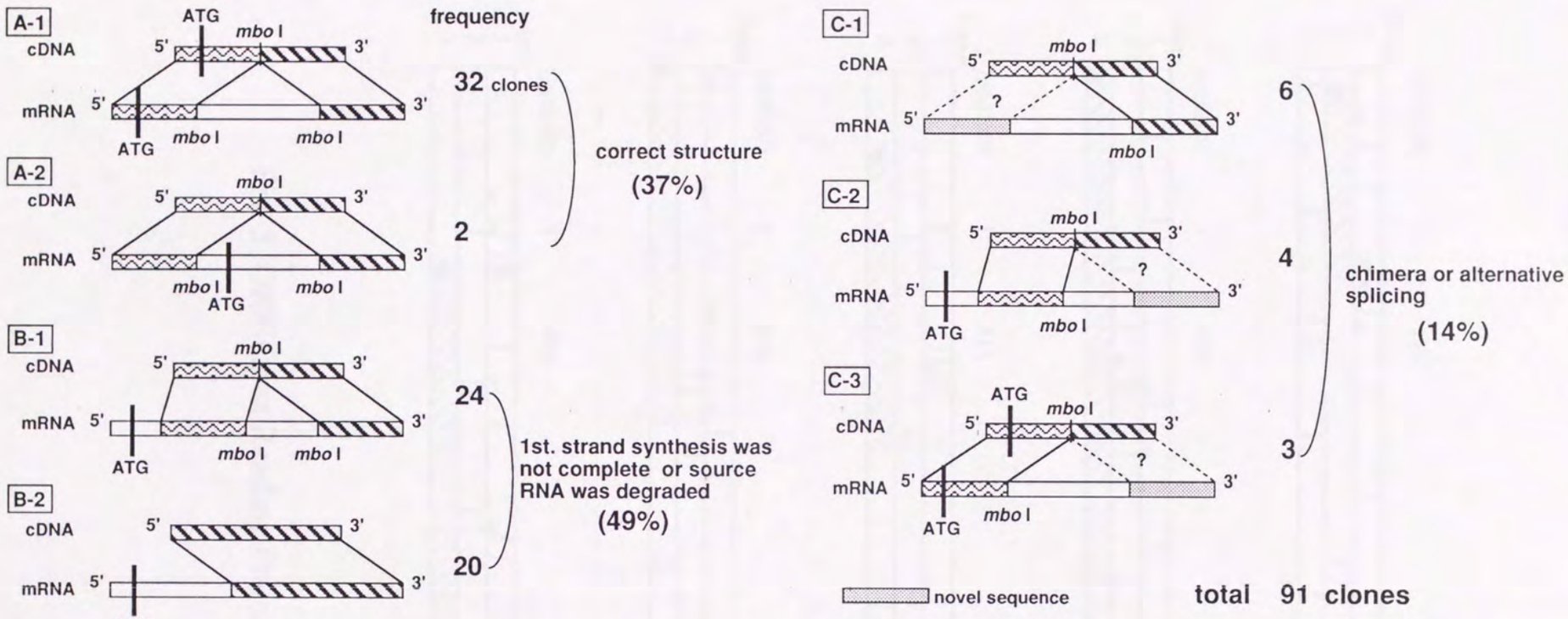


Fig.4 The structure of this cDNA clones that have been identified in GenBank

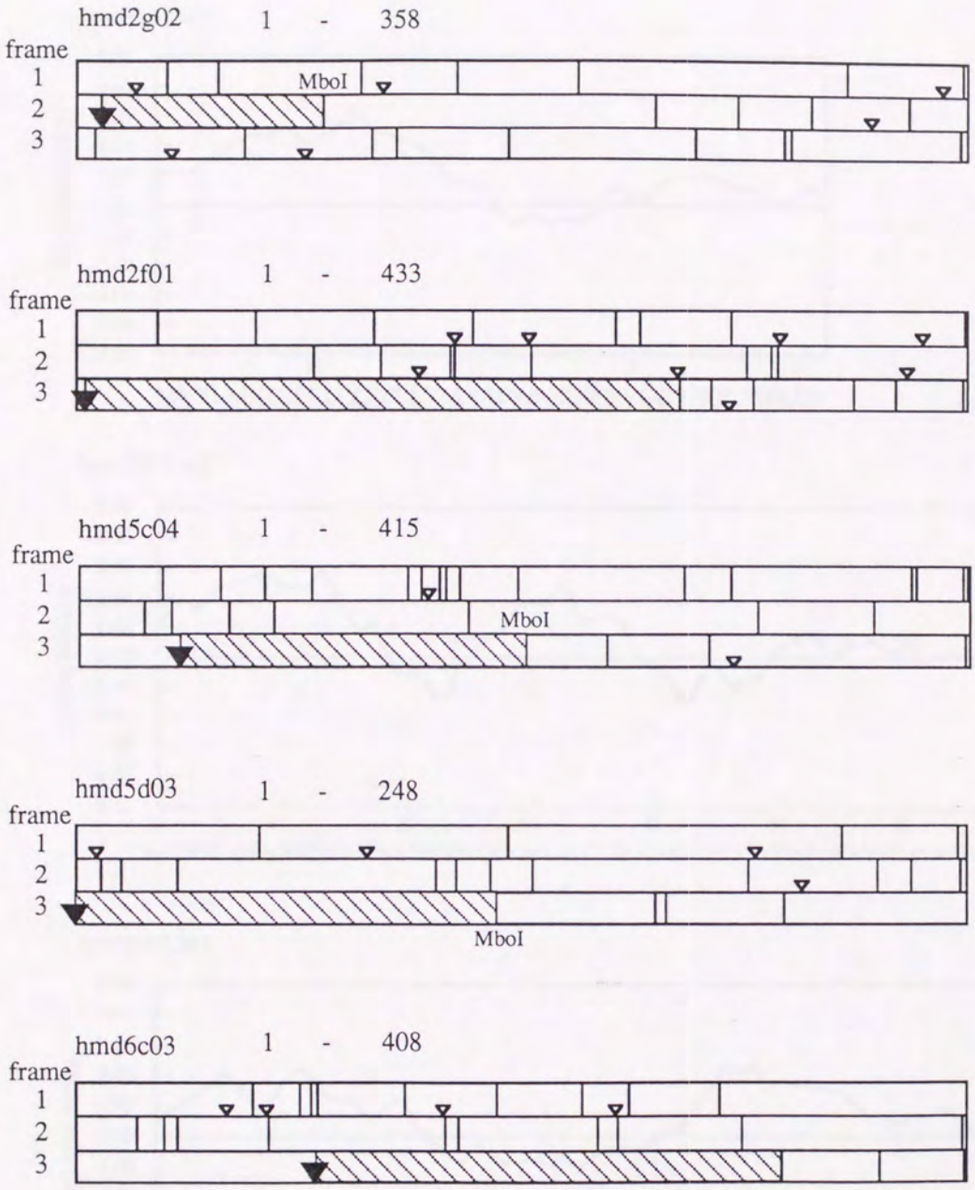


Fig. 5 ORF(Open Reading Frame) search

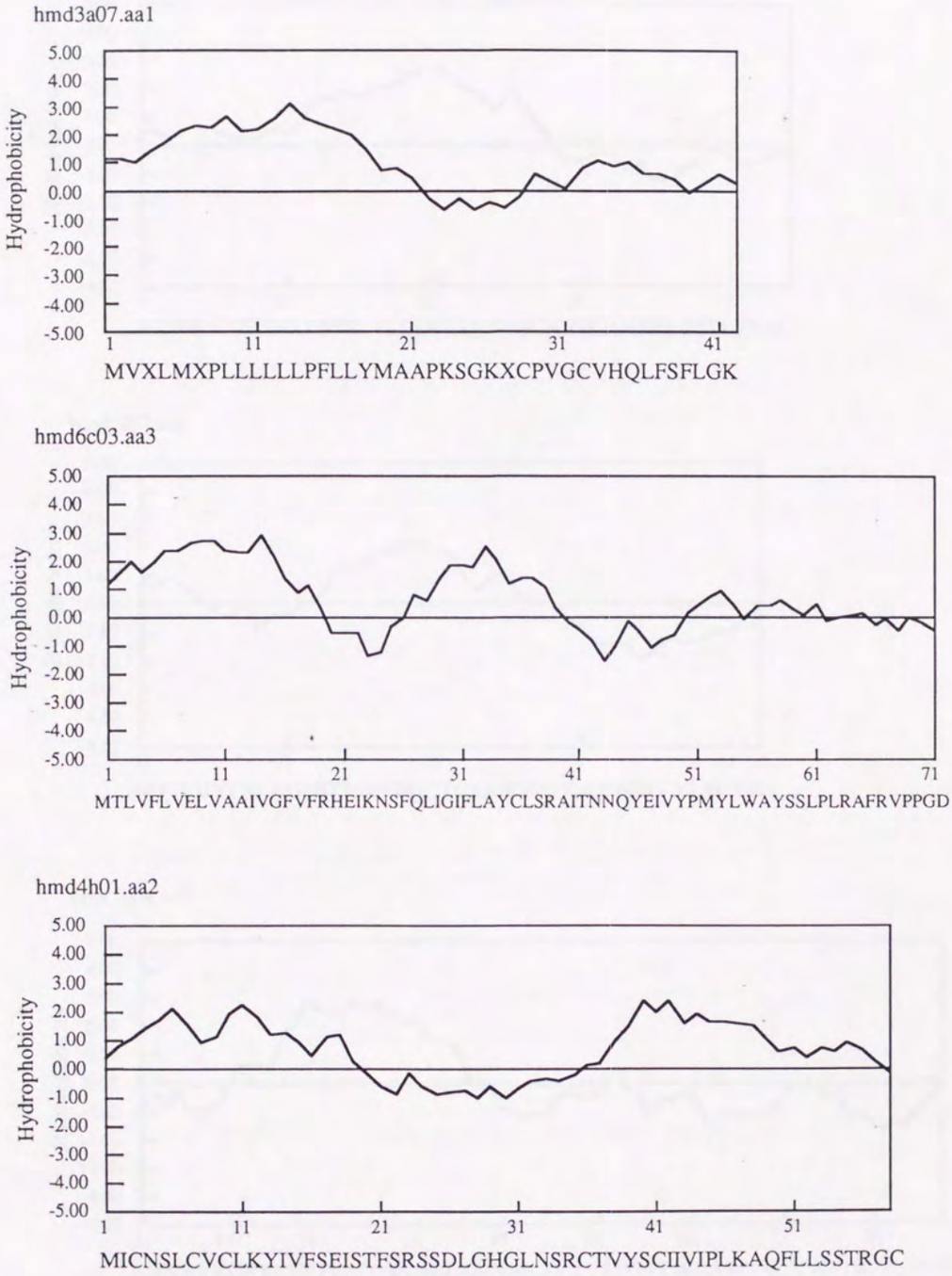
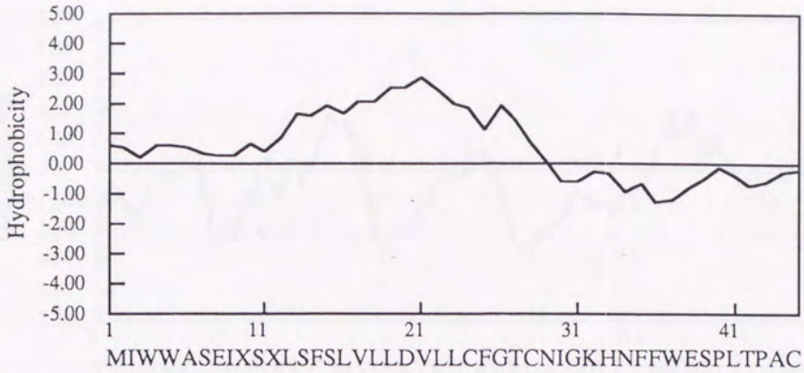
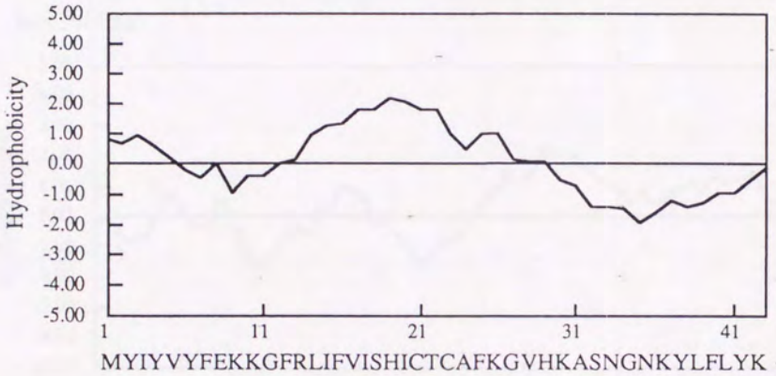


Fig.6 (a) Hydropathy analysis of a.a. sequences

hmd6a06.aa2



hmd5f07.aa1



hmd2d01.aa1

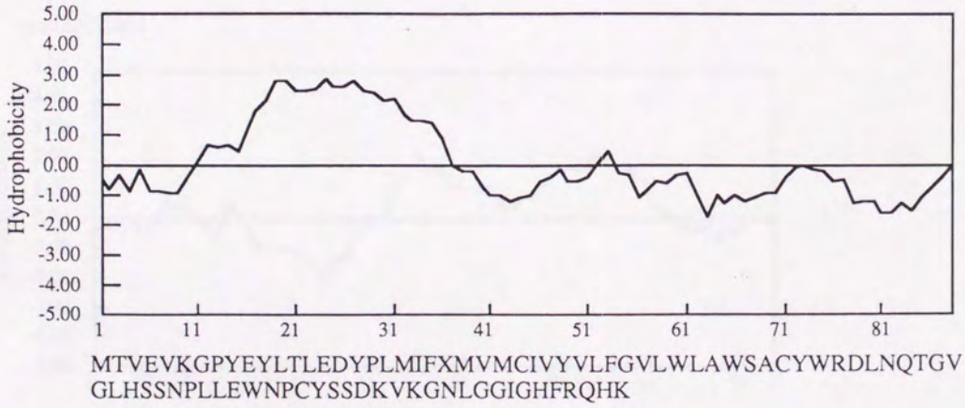
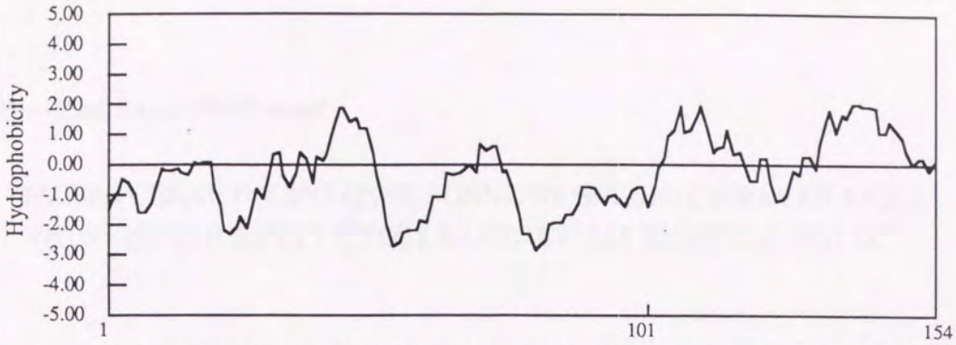


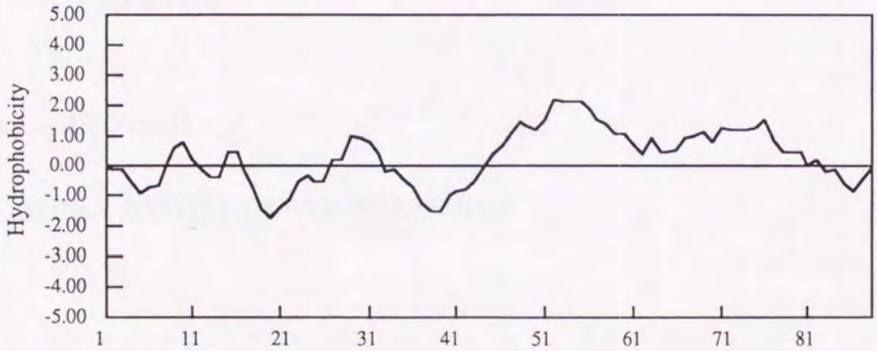
Fig.6 (b) Hydropathy analysis of a.a. sequences

hmd3f01.aa2



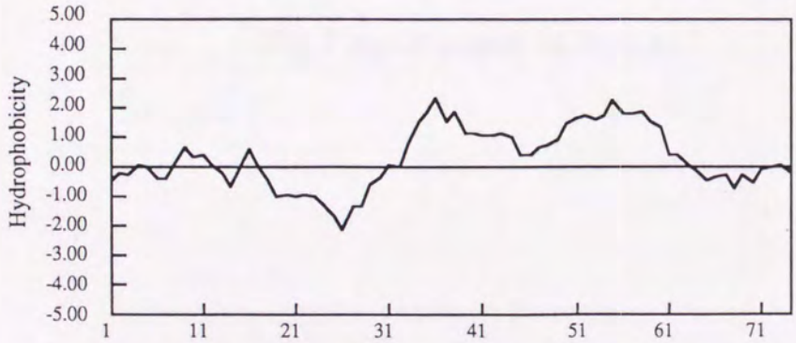
MKRRNCLLPQRNYTLMVINKTKSSRKRLWSRILKVMKERLACKIFLILRWFGK
KRREENCLGTRVRNVKFIMQICQQKQEKRNWLPAQDTDSATFHPTHQRIFGKL
VFLPLRLVWEEVILREXPSLQNPVNISVWXVIAHFFLIPXLQAPFPSL

hmd3h01.aa3



MNSSFGGKKACILAQQDEIMEYKSGSFPCAVPVPPRQSSTPKLVSDWLLA
FXCFFFPLLTTWYFGGLSLXFXXGIPLGVFKKGFFSXR

hmd2g02.aa2



MGRGSCSLYNAVAKGSESLLNSNQWGKDGSISVSFSLVCLNFHS
CYIFNLSLYIIGFVASTVRCRGSCPLQTVL

Fig.6 (c) Hydropathy analysis of a.a. sequences

hmd3g05 -- Zinc finger C2H2 motif

MAHPG CEKAF TQLSN LQSHR RQHNK DKPFK CHNCH RAYTD AASLE
VHLST HTVKH AKVYT CTECS RAYTS ETYLM KHMRK HNPPD LC

hmd2a05 -- Leucine zipper motif

MTQFL EQGEA TLSVA RRALA AQLPV LPRSE VTFLA PVTRP DKVVC
VGMXY VXHCK EQNVP VPKEP IIFSX FASSI VGPYD XVVLP PQSXX
VDWXV XLGR

hmd5h03 -- RGD motif

MTSLR XWYRG DNPNK PMXXL IIYX

Fig.7 motif search in Prosite

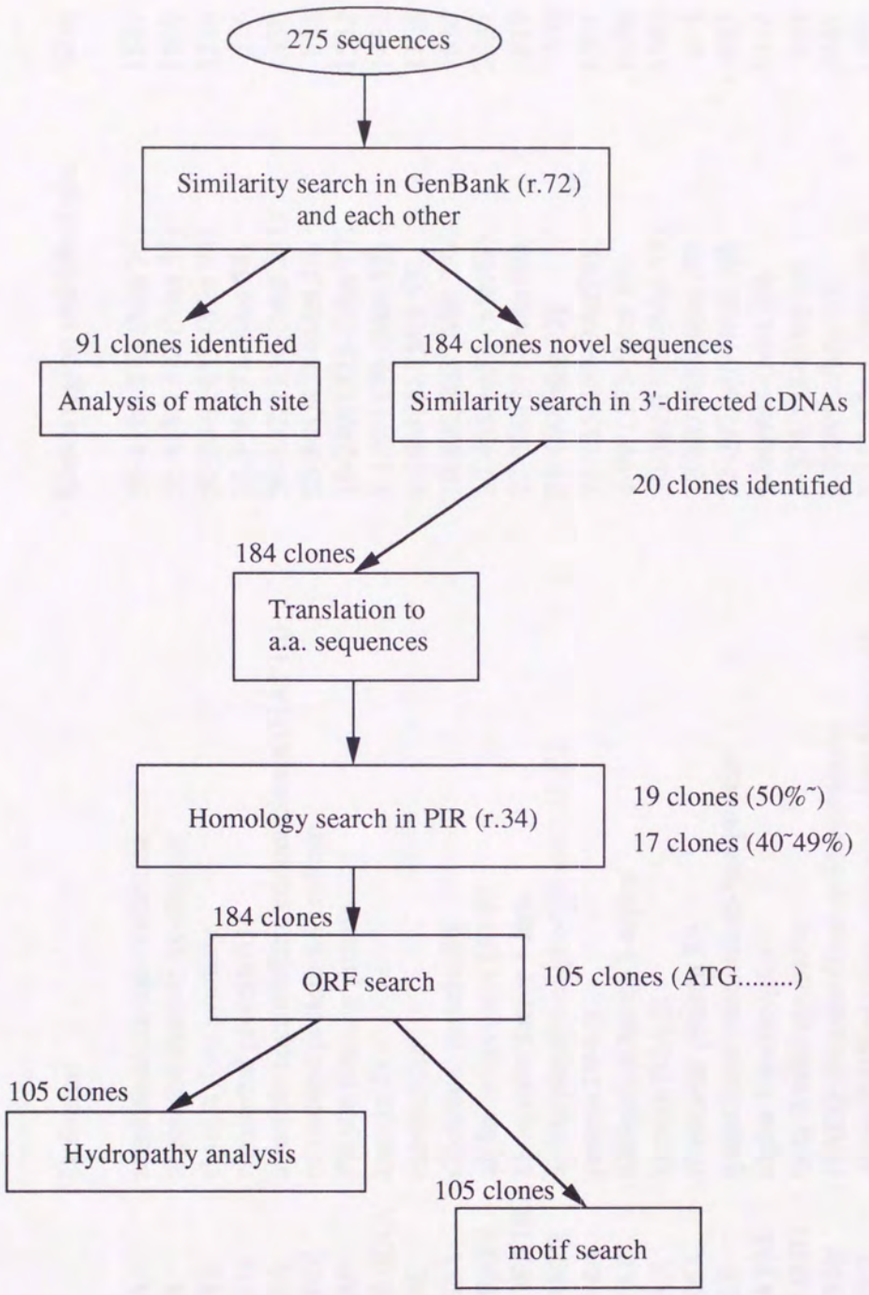


Fig.8 flowing of the Sequence Data

Table 1 Identified genes in GenBank (r.72)

	cDNA clone	Locus	Defintion	Match region and MboI site	Size	Fig.4 Class
1	hmd1a06	HUMASA	argininosuccinate synthetase	56-418/1370-(Met 76)	1547	A-1
2	hmd1b06	HUMASA	argininosuccinate synthetase	56-418/1370-(Met 56)	1547	A-1
3	hmd1c04	HUMTHYS	thymidylate synthase	50-204/1453-(Met 94)	1524	A-1
4	hmd1c08	HUMRPS14	ribosomal protein S14	33-196/477-(Met 58)	556	A-1
5	hmd1c09	HUMAPEA	apurinic/apyrimidinic endonuclease (HAP1h)	36-362/1134-(Met 211)	1438	A-1
6	hmd1d08	HUMRPS4X	ribosomal protein S4 isoform	25-341/852-(Met 36)	888	A-1
7	hmd1e02	HUMFKBP	FK506 binding protein	10-249/1375-(Met 79)	1532	A-1
8	hmd1f02	HUMKER18AA	keratin 18	5-189/1179-(Met 52)	1412	A-1
9	hmd2c09	HUMCAM	calmodulin	1-168/701-(Met 53)	1126	A-1
10	hmd2d02	HUMRPS6A	ribosomal protein S6	10-802/802-(Met 28)	814	A-1
11	hmd2e03	HUMALBAF4	alpha-fetoprotein (AFP)	22-455/1653-(Met48)	2032	A-1
12	hmd2f02	HUMELOFA1B	elongation factor 1-beta	73-369/791-(Met 96)	817	A-1
13	hmd2g01	HUMPPARP2	acidic ribosomal phosphoprotein P2	24-460(Met 75)	460	A-1
14	hmd2g11	HUMPAP4A	protein PP4-X	71-235/439-(Met74)	1301	A-1
15	hmd2h03	HUMEF1AC	elongation factor 1-alpha	1-99/1152-(Met 16)	1696	A-1
16	hmd2h09	HUMH2AX	histone H2A.X	50-382/1120-(Met 74)	1585	A-1
17	hmd3b09	HUMRPS6A	ribosomal protein S6	10-802/802-(Met 28)	814	A-1
18	hmd3c11	HUMGPLP	glutathione peroxidase-like protein	52-297/646-(Met 52)	985	A-1
19	hmd3e05	HUMA1ATM	alpha-1-antitrypsin	1-98/983-(Met 20)	1352	A-1
20	hmd3f02	HUMB2MMU	beta-2 microglobulin	1-374/538-(Met 16)	844	A-1
21	hmd3f10	HUMNMOR	NAD(P)H:menadione oxidoreductase	1-74/855-(Met 51)	2447	A-1
22	hmd4a01	HUMAHSG	alpha-2-HS-glycoprotein alpha and beta chain	1-151/1265-(Met 49)	1538	A-1
23	hmd4g08	HUMAGP1A	alpha-1-acid glycoprotein	1-75/637-(Met 16)	737	A-1
24	hmd4h05	HUMEF1AC	elongation factor 1-alpha	1-99/1152-(Met 16)	1696	A-1

	cDNA clone	Locus	Defintion	Match region and MboI site	Size	Fig.4 Class
25	hmd4h08	HUMRPL3A	ribosomal protein L3	1-180/880-(Met 7)	1256	A-1
26	hmd5b03	HUMAHSG	alpha-2-HS-glycoprotein alpha and beta chain	1-151/1265-(Met 49)	1538	A-1
27	hmd5e01	HUMALBAF4	alpha-fetoprotein (AFP)	23-452/1653-(Met 48)	2032	A-1
28	hmd6a12	HUMEF1AR	elongation factor 1-alpha subunit	19-137/1190-(Met 54)	1506	A-1
29	hmd6b05	HUMALB3	serum albumin	39-189/1924-(Met 40)	2055	A-1
30	hmd6b07	HUMRAP30	RAP30 subunit of transcription initiation factor RAP30/74	4-300/1357-(Met 120)	1408	A-1
31	hmd6b10	HUMGST	glutathione S-transferase	52-415/784-(Met 74)	909	A-1
32	hmd6f08	HUMGRANUL	H.sapiens granulin	1-300/1672-(Met 13)	2095	A-1
33	hmd4f09	HUMCAMA	calmodulin	20-72/1991-(Met 104)	2175	A-2
34	hmd5c04	HUMAGAGENE	aspartylglucosaminidase	1-123/1925-(Met 171)	2150	A-2
35	hmd1a10	HUMRPSA3A	ribosomal protein S3a 3' end	1-66/306-(Met <1)	836	B-1
36	hmd1b03	HUMNMOR	NAD(P)H:menadione oxidoreductase	1070-1563/2409-(Met 51)	2447	B-1
37	hmd1b05	HUMPMMPP1	mitochondrial matrix protein P1	121-703/1505-(Met 46)	2227	B-1
38	hmd1c05	HUMTF	transferrin	1111-1227/2178-(Met 31)	2298	B-1
39	hmd1d12	HUMRIBIIR	ribophorin II	500-519/1968-(Met 289)	2509	B-1
40	hmd1f09	HUMNFKB	nuclear factor kappa-B	2766-2876/3584-(Met 398)	3625	B-1
41	hmd1g05	HUMPM5A	pM5 protein	1680-2043/4000-(Met 139)	4086	B-1
42	hmd2b04	HUMLSZ	lysozyme	3328-3405/5510-(Met 28)	5855	B-1
43	hmd2e06	HUMAPACT	alpha-actinin	1033-1050/1923-(Met <1)	2327	B-1
44	hmd2e07	HUMTRA1	glycoprotein 96 (tra1)	415-1310/2771-(Met 106)	2780	B-1
45	hmd2g03	HUMAPBB10X	apolipoprotein B-100	245-334/2744-(Met <1)	2811	B-1
46	hmd3c07	HUMSAP1	sphingolipid activator protein 1	666-798/1995-(Met 7)	2724	B-1
47	hmd3c10	HUMALB3	serum albumin	649-820/1924-(Met 40)	2055	B-1
48	hmd3e11	HUMMTSDHB	mitochondrial succinate-ubiqinone oxidoreductase iron sulfur subunit (sdh B)	1-218/865-(Met <1)	958	B-1
49	hmd3h02	HUMTRA1	glycoprotein 96 (tra1)	1352-1426/2771-(Met 106)	2780	B-1

	cDNA clone	Locus	Defintion	Match region and MboI site	Size	Fig.4 Class
50	hmd3h04	HUMFGF1A	fibroblast growth factor (FGF) receptor-1	654-934/2688-(Met 10)	3343	B-1
51	hmd3h07	HUMADE2H1	H.sapiens ADE2H1 mRNA, homologies to SAICAR synthetase and AIR carboxylase of the purine pathway	714-856/1169-(Met 25)	1426	B-1
52	hmd3h08	HUMNMOR	NAD(P)H:menadione oxidoreductase	390-530/2409-(Met 51)	2447	B-1
53	hmd4b02	HUMALB3	serum albumin	364-820/1924-(Met 40)	2055	B-1
54	hmd4c10	HUMCYL	cyclin protein gene	353-569/1095-(Met 119)	1231	B-1
55	hmd5b04	HUMACTGAA	gamma-actin	791-1049/1049-(Met <1)	1210	B-1
56	hmd5c10	HUMPM5A	pM5 protein	3227-3266/4000-(Met 139)	4086	B-1
57	hmd5h11	HUMCTSB	cathepsin B proteinase	1121-1145/1878-(Met 195)	2002	B-1
58	hmd6h07	HUMRRL3A	ribosomal protein L3	52-180/880-(Met 7)	1256	B-1
59	hmd1b07	HUML6A	tumor amtigen L6	583-1188(Met 109)	1188	B-2
60	hmd1c11	HUMCOX4A	cytochrome c oxidase (COX) subunit IV	150-152/152-(Met 35)	668	B-2
61	hmd1c12	HUMHISH3B	H3.3 histone, class B	304-352/352-(Met 109)	1039	B-2
62	hmd1d02	HUMIGF27	insulin-like growth factor II	833-1233/1233-(Met <1)	1621	B-2
63	hmd1f03	HUMECK	tyrosin kinase	3460-3921(Met 114)	3921	B-2
64	hmd1g11	HUMHSP90	90kD heat shock protein	2140-2205/2205-(Met 85)	2543	B-2
65	hmd2c04	HUMEF1AC	elongation factor 1-alpha	1442-1696(Met 16)	1696	B-2
66	hmd2c11	HUMEF1AC	elongation factor 1-alpha	1214-1696(Met 16)	1696	B-2
67	hmd2d03	HUMGFIBP	insulin-like growth factor (IGF) binding protein	848-852/852-(Met 124)	1462	B-2
68	hmd3b12	HUMGRP78	78 kdalton glucose-regulated protein (GRP78) gene	5104-5470(Met 593)	5470	B-2
69	hmd3c04	HUMEF1AC	elongation factor 1-alpha	1379-1696(Met 16)	1696	B-2
70	hmd3c12	HUMMTM1	mitochondrial cytochrome oxidase I and II URFs	2220-2768/2768-(Met 2212)	2771	B-2
71	hmd4f12	HUMPRPHOS1	phosphatase-1 catalytic subunit	1321-1367(Met 30)	1367	B-2
72	hmd5b05	HUMFBRAA	fibrinogen A-alpha-chain	1816-1888/1888-(Met 55)	2223	B-2
73	hmd5d07	HUMEF1AC	elongation factor 1-alpha	1152-1696(Met 16)	1696	B-2
74	hmd5e10	HUMFGFR4	FGFR-4 fibroblast growth factor receptor	2797-2915(Met 56)	2915	B-2
75	hmd5h09	HUMQM	Wilm's tumor-related protein (QM)	528-744(Met 42)	744	B-2

	cDNA clone	Locus	Defintion	Match region and MboI site	Size	Fig.4 Class
76	hmd6a10	HUMMTM1	mitochondrial cytochrome oxidase I and II URFs	2288-2768/2768-(Met 2212)	2771	B-2
77	hmd6b02	HUMRPS17	ribosomal protein S17	319-477(Met 26)	477	B-2
78	hmd6h06	HUMGFIBP	insulin-like growth factor (IGF) binding protein	825-1462(Met 124)	1462	B-2
79	hmd2a08	HUMMNSODR	Mn superoxide dismutase	/767-829(Met 67)	829	C-1
80	hmd2e12	HUMNMTDC	NAD-dependent methylene tetrahydrofolate dehydrogenase cyclohydrolase	/1448-2102(Met 16)	2102	C-1
81	hmd2f05	HUMALB3	serum albumin	/1924-2055(Met 40)	2055	C-1
82	hmd5d05	HUME4BP4RN	E4BP4 protein	/1218-1923(Met 214)	1923	C-1
83	hmd5f08	HUMTLCA	ADP/ATP translocase, 3' end	/990-1116(Met <1)	1116	C-1
84	hmd5h02	HUMLLREP3	LLRep3	/536-934(Met 214)	934	C-1
85	hmd1e03	HUMODC	ornithine decarboxylase	330-841/(Met 88)	1812	C-2
86	hmd2b05	HUMRPSA3A	ribosomal protein S3a	1-66/(Met <1)	836	C-2
87	hmd2f12	HUMARF1A	ADP-ribosylation factor (ARF3)	19-180/(Met 425)	1058	C-2
88	hmd3d12	HUMENOA	alpha enolase	864-977/(Met 95)	1755	C-2
89	hmd1a12	HUMAGP1A	alpha-1-acid glycoprotein	16-81/(Met 16)	737	C-3
90	hmd3e02	HUMB61	B61 protein	21-131/(Met 74)	1480	C-3
91	hmd4f06	HUMEF1AR	elongation factor 1-alpha subunit	5-137/(Met 54)	1506	C-3

Table 2 Identified clones in 3'-directed cDNAs

cDNA clone	3'-directed cDNAs (library-frequency)	Match site	MboI site	Homology(5'-region) in PIR
hmd1c10	HUM00D0G12(HepG2-6/982)	(219/1)-54 (90%)	219	Rat Ribosomal protein L9
hmd1d06	mm0347(hl60-1/1268)	(251/1)-101 nt (81%)	251	
hmd2a07	pm0387(hl60d-3/1417	(55/1)-285 nt (81%)	55	
hmd2d01	pm0985(hl60d-2/1417)	(148/1)-331 nt (93%)	148	
hmd2f10	HUM00D3A07(HepG2-2/982)	(208/1)-106 nt (96%)	208	
hmd2h04	HUMHM02F11(HepG2-1/982)	(200/1)-50 nt (86%)	200	
hmd3a05	HUM00TW182(HepG2-1/982)	(14/1)-247 nt (95%)	14	
hmd3c05	mm0423(hl60-5/1268)	(38/1)-100 nt (98%)	38	
hmd3c06	pm1895(hl60d-1/1417)	(144/1)-141 nt (95%)	144	C.elegans Heat shock protein 70F
hmd3d08	HUM000S331(HepG2-2/982)	(83/1)-89 nt (98%)	83	
hmd3g11	mm0384(hl60-1/1268)	(38/1)-100 nt (99%)	38	
hmd3h05	pm1783(hl60d-1/1417)	(437/1)-162 nt (82%)	437	
hmd3h11	mm08c06(hl60-1/1268)	(63/1)-98 nt (83%)	63	
hmd4c12	HUM000HC02(HepG2-1/982)	(212/1)-144 nt (92%)	212	Mouse Transplantation antigen P198
hmd5a09	HUMHM02A08(HepG2-1/982)	(72/1)-304 nt (81%)	72	
hmd5c12	HUM00D0C12(HepG2-2/982)	(192/1)-234 nt (90%)	192	Mouse MER5 protein
hmd5d04	HUMHM01C05(HepG2-1/982)	(219/1)-178 nt (83%)	219	
hmd6a04	mm3091(hl60-3/1268)	(239/1)-86 nt (95%)	239	
hmd6b03	HUM00D0D12(HepG2-3/982)	(127/1)-52 nt (96%)	127	
hmd6b09	pm2457(hl60d-1/1417)	(183/1)-41 nt (100%)	183	

Table 3 Homology to PIR with clones that have not been identified in GenBank

cDNA clone	Locus	Definition	Homology region	MboI site	ATG site	Frame
hmd1c10	R5RT9	Ribosomal protein L9 -Rat (192 a.a.)	(1/8)=(222/81)-340(100%)	222		1
hmd3c05	R5RT35	Ribosomal protein L35 -Rat (123 a.a.)	1-(38/46)=(152/84)-180(90%)	38	30	3
hmd4h10	S16868	Gene I3 protein -Mouse (74 a.a.)	(3/20)=(101/52)-416(87%)			3
hmd1a04	A29453	Phosphocarrier protein precursor -Bovine (362 a.a.)	(2/86)=(337/197)-517(87%)			2
hmd3c06	S03210	Heat shock protein 70F -C.elegans (487 a.a.)	(3/289)=(146/336)-283(81%)	147		3
hmd2c02	A34832	Tat-binding protein-1 -Human (404 a.a.)	(2/298)=(61/317)-178(80%)	61		2
hmd4c12	S10384	Transplantation antigen P198 -Mouse (203 a.a)	1-(233/166)=(319/194)-384(75%)	232		2
hmd2c07	A39610	SLY1-20 protein -Yeast (666 a.a.)	(2/92)=(58/110)-411(73%)			2
hmd1d10	SYMTAT	Alanine-tRNA ligase -Silkworm (967 a.a.)	(2/193)=(83/219)-374(70%)	67		2
hmd5c12	JQ0064	MER5 protein -Mouse (257 a.a.)	1-(112/80)=(210/112), ,(211/199)=(310/232)-495(68%)	210	106	1
hmd3f06	S13370	EBER-associated protein -Human (128 a.a.)	1-(29/10)=(356/119)-511(68%)	367	17	2
hmd1b08	B41440	Protein disulfide-isomerase -Alfalfa (40 a.a.)	1-(110/21)=(169/40)-274(60%)	261		2
hmd1d01	A33879	Cytosol aminopeptidase precursor -Yeast (514 a.a.)	1-(82/333)=(165/360)392(60%)	165	79	1
hmd1g12	S08686	Finger protein ZFP-36 -Human (582 a.a.)	1-(98/24)=(235/69)-393(60%)		71	2
hmd5f08	COBYC1	Cyclin 1 -Yeast (546 a.a.)	1-(58/73)=(120/93)-235(57%)	155	94	1
hmd3a07	B39930	InternalinB -Listeria monocytegenes (248 a.a.)	1-(138/6)=(269/49)-485(52%)	269		3
hmd3e12	A39596	Progesterone receptor B form -Mouse (923 a.a.)	1-(8/278)=(70/298)-107(52%)	32		2
hmd6a02	A35363	Synapsin Ia -Human (705 a.a.)	1-(105/539)=(179/563)-217(52%)	16		3
hmd2d11	JX0145	Hemoprotein H-450 precurser -Rat (547 a.a.)	1-(46/1)=(156/37)-249(51%)	174	46	1

Table 4 Hydropathy index table (Kyte and Doolittle)

Amino acid		Table value	Amino acid		Table value
Ala	(A)	1.80	Met	(M)	1.90
Arg	(R)	-4.50	Phe	(F)	2.80
Asn	(N)	-3.50	Pro	(P)	-1.60
Asp	(D)	-3.50	Ser	(S)	-0.80
Cys	(C)	2.50	Thr	(T)	-0.70
Gln	(Q)	-3.50	Trp	(W)	-0.90
Glu	(E)	-3.50	Tyr	(Y)	-1.30
Gly	(G)	-0.40	Val	(V)	4.20
His	(H)	-3.20	Asx	(B)	0.00
Ile	(I)	4.50	Glx	(Z)	0.00
Leu	(L)	3.80	Xxx	(X)	0.00
Lys	(K)	-3.90	***	(*)	0.00

付録. シークエンスデータ

::::::::::::::
hmd1a02.seq
::::::::::::::
gnagcagcctgcccaagangctggcactgctgaaggccccanccaagaagaaaggggcag
ctgccgccacctcctccaaganaccttcctnaggacgctggccccantncaggccaacat
cccaccccctacctccatatggnaccttgcaagtaatcccacaggctgcactgtnaggaa
gaggaccctgtcccccagcactgggcttnacctagaacttnagtgggggccaagggtgct
gagaacccagcantgaccaggaagatacagtcactaacttnatctgtccccgtgccccctt
cccaggtnctgcntccacaggtttaacccagaacantaaacctggntttntcaaa
::::::::::::::
hmd1a04.seq
::::::::::::::
cctggntttagtgaaatnccgtatgcaggtggacccccaaaagtacaagggcatatttaa
cggattctnagttacacttaaagaggatggtgttcgtggtttggctaaaggatgggctcc
gactttccttggctactccatgcagggactctgcaagtttggctttnatgaagtctttaa
agtcttgtatagcaatatgcttggagaggagaatacttatctctggcgcacatcactata
tttggctgcctctnccagtnctgaattctttnctganattgccctggctcctatggaagc
tgctaaggttcganttcaaacccagccaggttatgccaancacttttgagggntgcagct
cccaaaaatgtataagggaaggaaggnctaanaagnattcttcangggggttgnccctn
tctggnttgngacagntancatacaccntgnttgaagttcgcctnntttntgaccggnctt
gtgaanccccctgtacaatntttnnggtcccaagncctx
::::::::::::::
hmd1a06.seq
::::::::::::::
gcctgccaccgctgcccganccccgacgntatgtccagcaaaggctccgtggttctggcct
acagtggcggcctggncacctcgtgcatcctcgtntggctgaaggaacaaggctatnacg
tcattnccctatntggccaacattggccagaaggaaganttcgaggaagccaggaagaagg
cactgaagcttggggccaaaaaggtgttcattgaggatgtcagcagggagtttttggagg
agttcatctggcccggccattcantncagcgcactgtatgaggaccgttacctcctgggaa
ctcttttnccaggccctgcatcgnccgnaaaacaagtggaaatcgcccagnggnagnggg
gccaaagtatnttcccacggngccacaggaaatgggaaccgattcccnaagtacangnc
gctaatttnttntaataatttnnaattagacttnttctcccggnttgaacntagnaggtt
tncagnccnanntttntncntggtccnntaaagntnnaacntttnattnagggangnttt
x
::::::::::::::
hmd1a07.seq
::::::::::::::
tttcattggatttggaggaaatgtnatctgtacttnaaactacagttaggaatcctagaa
gattgcttttnttttttttnaactgtagttccagtattatatgangactatngatttcc
tggngaggtttttnnnttttnnagacagagagactccatctgaaa
::::::::::::::
hmd1a08.seq
::::::::::::::
ctccactggagcccccttcctatgttttgggcacagatggctgggaccgagaggaaagag
gaagagcggctgccagagtgtgaatatacccctcagggatatacagcggagtttcatgat
aaactacccatactttcccaaaaaaggttgaggagcaatacataactttncagattacaa
acccttgttttacttttnaaacctttttccatactctgcttattggaaatcgatggctg
tnatgtgaccaacacctgtgatgatagcaaagcccctcctttcacagtctcctgactgtn
cggggacctccttggtcattgggtagaaagctttagnaaaggccttagctttttagggg
anganctaaaaaaattntcccaaaannttncttngtcccntggcnttngntaacctgnaa
attgtcctggggnntaaacttaanccccngggnattntgggatcgaggatgttncaatntt
taaatnggttaatcccagntaancttganatttcccanggggncnnttgggnantcnttt
aaangggtnaggggcccccaannttntcgntntttngnccnnntnagnnaaaatntax
::::::::::::::
hmd1a09.seq
::::::::::::::
gcctgctggtgacaagcagagcgcctgtnatttggctcaagactcctatatgatgcaggt
gccattgaaaatgctgctcttctaagtcctttgtggcttgtaagtggagaagaatttcat
ccaaatgttaccctgtaatactggcatttaaaattcttatttaaccttcctcccttcatc
ttcctcaccctttttacagtggaagaaaggctgttaaaatgattacaaattaataattgg
aacatcctgtcccttgtccccactcccttcccaagtnccttttcctcttttccaatcct
agttgtctaccttctttccttcctnatttnctttctttattcctncncancccnaacccc
ttaaaaaaaaggtcaggangnaaagntggtttgtttgggaatggcttgatcggccntnc
tagntgagggnccnnagngntgattggctccaggtttnttttnaancnggaaaatgtt
ttannnttaantccatttttaaatgtnggcnnancnttgnttttccttggx
::::::::::::::
hmd1a10.seq
::::::::::::::
ctgaccagcaccatggcggttggcaagaacaagcgccttacgnaaggcggcaaaaaggga
gccaagaagaaagtggttgatcttacccgtgacaaaatgtgttccatggtcaaaaaatgg
cagacaatgattgangctcacgttgatgtcaagactaccgatggttacttgcttcgtctg
ttctgtgttggttttactaaaaaacgcaacantcagatacggaagacctcttatgctcag
caccaacaggtccgccaaatccggaagaagatgatggaaatcatgacccgngaggtgcag
acaaatgacttgaaaagaagtggtcaataaattgattccagncagcattnggaaaggcat
agnaannggcttgcccaattctatttatcctctccatgntgtctttggttagnaaaggta
aaaantnctgaagnnggccccaggtttgtnttngggnangctcntggggcttcatngtna
nggctntagnttttggaaangcccctnggncngggcnggttnctaanntttaccngnnt
nttgattttcccccccannccnggtttttttx
::::::::::::::
hmd1a12.seq
::::::::::::::
atggcgctgtcctgggttcttacagtcctgagcctcctacctctgctggaagcccagatc
cgtttgaccaatttncaccagttttatccataatnatggatttaacagcatgacaaaaat
natttttttttgtccttgatggagattaagatgccttgaattgtctagggtgtnctgta
cttagaaagtaagagctctaagtacctttcctacatttcnttttttaattaaacagatat
cttcagtttaaa

::::::::::::::
hmd1b03.seq
::::::::::::::
tccgaaatccgactgggctcaagaggccacttagggaaagntgtagnaagntgctagana
antntccttttaaaggcatctncacanttnanttcctcttttnngggctaangttttaggg
tacagtttggctaggtatcattcanctctccaatgtcctattaatcacctctctgtngtt
tatggcaganggnattgctcagaganggnaaagnctgantctncctgccctangggnct
tanctttgtttggtagttagccatctaatgcttgtttatgatantcntggctntcaatncc

::::::::::::::
hmd1b05.seq
::::::::::::::
atgccaaanatgtaaantttggtgcagatgcccgnncctttaatgcttcanggtgtagncc
tttnagccgatgctgtggccgtnacantggggccaaagggaagaccagtgattattgagc
agagttggggaagtcccaaagtaacanangntggtgtgnctgttgcaaagtcaattgact
tananggtanttncaaanccttttggngctnnnctngtncangctgttgccantancacan
ntngggnngctgggnntggcactcccaantgctnntgtcctggnacgntntttngccngg

::::::::::::::
hmd1b06.seq
::::::::::::::
gcctgccaccgctgcccganccccgacgctatgtccagcaaaggctccgtggttctggcct
acagtggcggcctggncacctcgtgcatcctcgtntggctgaaggaacaaggctatnacg
tnattncntatntggccaacattggccaganggaaganttcgaggaagccaggaagaagg
cactnaagcttggggccaaaanggtgttcattgaggntgtcagcagggagtttntggngg
agttnatctggccgtcnattnnnntncagcgcactgtatgngnncgatacctnctggacac

::::::::::::::
hmd1b07.seq
::::::::::::::
gcaaggtctttnaaaggtgtgagttggccaganctctgaaaagnttggnaatgtatctct
ntttnctatcctcttggctcttggtggaattnanttcatcttgtgtcttattcaagtaat
aantggngtnctttggnggcatatgtggctttncctgctctcaccaacagcantatgnctg
ctaaangncccaacccnggncagagccacantnttcctctnttncattgtaattnatata
tcncnactgntttccatnngtannccnttggtnttggtntaccancatcncntcnanncan
attttgnaaaaggacntacaagggnntgnncnttctccancgggtt
::::::::::::::
hmd1b08.seq
::::::::::::::
ccttgaaaagcatctcattggaagtggctctgcccagttcccgtctcagcatttaatcac
tgaagtgacaactgataccttttgggaagtagtccttcaaaaacaggacgttctcctgct
ctattacgctccgtggtgcggcttctgtccatccctcaatcacatcttcatccagctagc
tcggaacctgcccatggacacattcactgtggcaaggnttgacgtgtctcaagaatgacc
ttccttgggaatttatggtcgntcanccacaaa
::::::::::::::
hmd1b09.seq
::::::::::::::
gcctgctggtgacaagcagagcgnctgtnatttggctcaagactcctatatnatgcaggt
gccattgaaaatgctgctcttctaagtcctttgtggcttgtaagtggagangaatttcat
ccaaatgttaccctgtaatactggcatttaaaattctnatttanccttcctcccttcatc
ttcctcaccnttttcccagtggaagnaaggctnattaaantgnttacaacntnaatantt
gggnacatcctgttccnnttgtccccnanttccnttccnnngttnccnttttccntntt
tnccaaatcctaggttggtntancttnnttttnat
::::::::::::::
hmd1b10.seq
::::::::::::::
gcctgatgaggggaaactacagcacttggtgatgatatcgtgggtgagttcattttccag
gtgctgtagtttcccctcatcaggcaggaagaagatggcggtggcattgcccaggtattt
natcagcagcacccanctggacagcttcttacagtgctggatgttaaanatgcctaancg
gttcatcatnaggcaccttcacggtggtcacctggtccacgtggaagtccttttttcctng
gtgtccttgacttnaaagggggnntctcccattttc
::::::::::::::
hmd1b11.seq
::::::::::::::
gcaggtgtcctaaggcgagctcagggaggacagaaacctcccgtggagcagaagggcaaa
anctcgcttgatcgggtgggggtggagtgggggcttccaggtggcccttcccggcacaca
ttccatttgttgagccccagtcctgcccnccaccncaccntccctacccctcccnagtct
ctggggtcaggaagaaaccttatttnaggttgtgttttgtttttntataggagcccnagg
caaggnctagtaacagttttnaaataaanggcaacaggtcaaa
::::::::::::::
hmd1b12.seq
::::::::::::::
attttaaagaggncatatttaagttcataatcatattttccagtaaatattgctcagtga
actggaaanctttaatagaaanntgtctgcngttttgtgattgtnaatttggttaanccg
ntatttnatattattnnggtnaggtaacattttntattnctttcatatgnntacnggtna
tccatgcattgtagngtctataancngtngagtttttnggntgatatanncttggntt
cngggcactagtgcttngtnggtattnctaccctcctgngggnnatcggg
::::::::::::::
hmd1c01.seq
::::::::::::::
attttgnngcagcttggngngtncaantcccagnttgcnctattngtncgtnacaccagg
aaagtnccccaggtntcanctccaactntngtngnggtctcagganacctnggnaangtg
ggcagcaantntngtaaacntcctgaggnaanangantgccctgtncagaggactatctn
tcnggnggncctanccnantnnattactntgttac

::::::::::::::
hmd1c02.seq
::::::::::::::
anacaaactaacaaacaaaantngttttnctttgctacaaggtggggaagnctgangang
tgttaactgaaancaggtgacacagagtcaccagttttccgaganccaanggggggggtg
tntgatgccatctnacaggcaggggaaatgtntttnccagcttcctcctggtggccaaga
cagcctgtttcanagggttgttttgtttgggntgtgggtgttatcangtnaattngtcac
ttgaaaganggcgtcaancttgcatacgaagcanancttttgntgntccctgaatgcca
gtncagagattctccacagantgnat
::::::::::::::
hmd1c03.seq
::::::::::::::
accagngtggtggnggtggcagcggtggctatggncagcaggnccgtggaggccgcggca
ggggtggcagtggtggcggcggcggcgacgncggtggtggttacaaccgcagcaagtnnt
ggctatnaacccagagntcgtgnaggntgancgtgnnggcanagntgacattangcnnaa
ttanccntaggtanacttnaataaaatttnngaggcccctcggaanccaagnntcanccn
naagatatttttngnantcngactttaaaanntnnanacttntnccnccttngannccnnn
ataaaaagaaacccatnttaaa
::::::::::::::
hmd1c04.seq
::::::::::::::
ccgcngcgccacttcgcctgcntccgtcccccgcccgcngcgccatgcctgtgnccggct
cggagctgccgcgccggnncttgcccccccgccgcacagnagcggnacgccgagccgcgtc
cgcngcacgggnagntgcagtacctggggnagatcatnatgtagagtgtggttataaact
ttaaagttatagttgtttaatatgttnctataataaanaagtattctncaaa
::::::::::::::
hmd1c05.seq
::::::::::::::
gtgaagtggtgtgcgctgagccaccacgngaggctcaagtntgatgagtggngtnttaac
agtgtagggaaaatagngtgtgtatcancagagaccaccgaagactgcatcgccaagnnc
catgnntttcccctggtttcactggcccaagtggtttgtcctaaccacgtctgtnttcan
agctctgtgttgccatgtntnctgancaaaaaatataanntnatnattgattnnaaa
::::::::::::::
hmd1c06.seq
::::::::::::::
acctccttnaagtaaggctcccaggtccccacctgtggggagtggtcctgcctctggcgt
ggagcccacaagtttcccagtcgagtctnaggctcgantgatggaggntgtnctgagacc
tttggaacaggcattggaagantgccgtggccacacaaggaagcaggtatgtaatgacat
cagccgacgcctggnactgctgcaggaacagtgggntgnaggnaagttgtcaatacctnt
aaagnagagantggctctcctggtncaaganctttnanggccaccgnntggnncgnagcn
gatgacatccanccgnttncctaanngtattnacnatntnaactnagg
::::::::::::::
hmd1c07.seq
::::::::::::::
ctttgtaatgctctggaaatgtactgatttctnacttggnaggaaacttgtgtaagggga
tgtgcaaaccaccctgaaagccatgtncatcctcacctctnccattaccccctccatgag
ctcgangcgacattaagtagagggaaatgcttttaacaaatgctgctcatgtggntctca
cagnngncatcaaaattggtgcatgcnccgtgaatgtnctcacagagacacgtgcacang
nttctnccccnttggccttantatnagtatgnnttcnaggtgcaggnccnttttnaaca
gtttnttaagnntannaananagccnannttgnnncggncaaa
::::::::::::::
hmd1c08.seq
::::::::::::::
ggagtctggagacgacgtgcagaaatggcacctcgaaaggggaagnaaaagaaggaagaa
caggtcatcagcctcggacctcaggtggctgaaggagagaatgtatttggtgtctgccat
atctttncatccttcaatgacacttttgtccatgtcactgatcggncggattgaggatgt
cacccccatcccctctgacagcactcgcaggaagggggggtcgccgtggtcgccgtctgtn
aacaagattcctcaaattatttcctgttaataaattnccttcatgtaaa
::::::::::::::
hmd1c09.seq
::::::::::::::
ctcttttgctcataagaggggcttcgctggcagtctgaacggcaagcttgagcaacgcgn
taaaaatattgcttcggtgggtgacgcggtacagctgcccaagggcgttcgtaacgggaa
tgccgaagcgtgggaaaaagggagcggtggcggaagacgggggntgagctcaggacagagc
cagaggccaagaagagtaagacggccgnaangaaanntgacaangnggcagcagnngngg
ncccagccctgtntgaggacccnccagntcactgtcctatcaccctatacctngcactgt
gacacccacccntaanntcnactttgangcctgggnaaataagcccctntnaacttccca
ttnnnttcttttaaanccatnntttaaggngnanttcttncatttatantntctcantgt

::::::::::::::
hmd1c10.seq
::::::::::::::
cagactgtcgacattccagaaaatgtcgacattactctgaagggacgcacagttatcgtg
aagggccccagaggaaccctncggagggacttcaatcacatcaatgtagaactcagcctt
cttggaaagaaaaaaaagaggctccgggttgacaaatggtggggtaacagaaaggaactg
gctaccgttcggactatttgtagtcatgtacagaacatgatctaagagttacctggctac
agaaagnaggtgccagctgncacttaanccctctttgtggatatttnaaatnnntgcaa
ttaaaaggccctntttnattttngnccctntatnncttaaa
::::::::::::::
hmd1c11.seq
::::::::::::::
ctccgtgcggccgagtgcgggcggagtcttcctcgntcggcgtgaccacccccttgccgga
ggtggcccatgtcaagcacctgtntgccagccagaaggcactgaaggagaagnagaaggc
ctcctggagcagcctctccatggatgagaaagtcgagttgtatcgcattaaagttcaagn
agagctttgcttgagatgaacagggtttnaacgagtggaagacggttntnggncggtncc
atgttcttaatnggttttcaccgngctcgttatcatgtggcanaaagcacttatntnnac
ggcccccnttccnaaaaangttttt

::::::::::::::
hmd1c12.seq
::::::::::::::
cttcccttccagcgtctggtgcgagaaattgctcaggnctttaaaacagatctgcgcttc
cagagcgcagtantcggtgctttgcaggaggcaagtgaggcctatctggttggccttttt
gaagacaccaacctgtgtgctatccatgccaaacgtgtaacanttatgccaaangacatc
cagctagcacgccgcatacgtggngancgtgcttangnntccnctatgatgggaaacatt
tcattctcaaaaaaaaaaaaaanaatttntncnnnttcctntttnttggnnngttctngcc
gttagantttttttcccangggancaagggcccctnngtnttntnanttncacntgga
caanannggnggacnnannncntcncggntttcggnanantttnnccccntacngx
::::::::::::::
hmd1d01.seq
::::::::::::::
anctgcttctttnccctgcaggccttnanagattcctgtncaggccctggctccctggcc
acanagcctnacgtgcgcatggtcacactctatgacaacgaagaggtggggtctaanagt
gcacagggngcacagtnactgctgaaagagctggtgctgcggcgnntctnatggtccgna
atnacacccaactntggaaccaccnttggncctnttttggcttctnggctggngctncgg
gtcctacntttaggcagccaanannntgncnatgaactctattccnnaagatx
::::::::::::::
hmd1d02.seq
::::::::::::::
gaaggtcaggcgggtctaagcccacagagcaggagagctgccaggnctgcccatcgacca
ggttgcttggnccccgnagcccacggntctggtgatgccatagcagccaccaccgcggcg
cctagggctgcggcaggnactcggcctctggaaggtttacctngcccccacttgtnccc
aagctcagcccncctgcacgcagcccgantagcagtctagaggcctgagncttctggntn
ctggtnacgggnctgnnatnaccctgggggtngtccatgcnagtccgttnattcnagagg
ntncnttcggnaagcgcnctatangttgnnccattaggnaannttnggncanaatgccn
nannngnnaatatttttanatttntgcnagcx
::::::::::::::
hmd1d03.seq
::::::::::::::
ataaaaaagccaggngtggtggcgcatgctgtaatcccagctactcaggaggctgaggca
ggagagtcgcttgancccgggaggcagaggttgcagtgagccaagatcctatcattcctt
aancataataccctttgttttggagtagaatactaagttagagttagtggatttctagtt
taggngaggagctcaaaactataatctttaacaanttgaaaantgnaatagggtgttttc
ccttttngtgcacacctntnttnccttaagaaatttccttccatagacagtttccctcaa
ngggnnntccnnttnanncgtacgttgggcgcagtggttnatncctnntnngngntctn
ggggx
::::::::::::::
hmd1d04.seq
::::::::::::::
aagtggacccccctggaaactnaacttggtgttaaaaccctggattgtcgaaaaccactta
tccctttaaagagtttattaatgaaccactgantgaggttctagaaatggataaagatt
atnctttttncaaagtagaaacagagancaanttctcttttatgacatgtccctttatat
tgantgctgtcacaaagantttgggcttntnttatgncaatagantcgcatgtncagtg
nncgnngagtcactgttctctacagcttngttcanggncagcngttgnntccntatttnn
gactcaangttngccgngnccatntcttaggx
::::::::::::::
hmd1d05.seq
::::::::::::::
cagttttntnataaagnntcatcttccagctgggcatggtgactgttgcctgtaatccca
gcacttcgggaggcttaagtgggtggattgcttgagtccaggagttcgagaccagcctgg
gcaacatggtgaancccatctntataaacaatacaaaanttagctgggcatggtggcaca
tgtntgtattcccagctacttgggaaactgaggtnggagnntctangccaatatacaanc
actcaantaggggcncttnccagctagcagnctccngcttatnaccccagnccntggatt
a
::::::::::::::
hmd1d06.seq
::::::::::::::
cnagtagctggnattataggcacccgncaccatgtntggntttnagtagagacggggttt
caccatcttggccaggctggtcttggaactcctgacctcgtgagccaccacgcccagcct
cttttnctgtttcattgctgacagtgttcaacaatatgccccatctttatatatcctaag
aaacactaatcctnggttattgctagccaaaatattttnntcctgagtagtgtcactggg
ccaaaagatagatcctcaccctcctgaggcccngtggggaagantgaancatggcttcan
ccaggttanctgntgnctgccatttngncnagcntatncnatncgngncctngttcangt
nggcccnagggnttggtx
::::::::::::::
hmd1d08.seq
::::::::::::::
ggncggnanancngcagccatggctcgtggtcccaagaagcatctaaagcgggtggcagc
tccaaagcattggatgctggataanttnaccggtgtntttnctcctngtccatccaccgg
tccccacaagttgagagagtgtctccccctcatnattttcctgaggaacagacttaagta
tgccctganaggagatgaagtaaagangatttgcatgcagcggttcattaaaatcgntgg
canggtccgacctgatataacctaccctgctggtttcatggatgtnatcagcattgacca
ngtcggggagagaatttcccgtttnnatccgnccccnnttntgncctnccaaagtngttgg
gnttancaagncgtncncanttttnccccgnnttantttttnnntnaax
::::::::::::::
hmd1d09.seq
::::::::::::::
gaaaaacctccattttgatcttgtaagatggatttcacccccaggccaatgcagctaatt
ttnatagctgcattcatttatcaccagcatattgtgttctgagtgaatccactgtttgtn
gtgtcggatgcttgcttgatttttttggcttctnatttctaagtagatagaaagcaataaa
aatnctatgnaatgaaagaccttgttcacaggttctgcgttacaacagtaacacatcttt
aatccgnctaattcttgttgtnctgtaggttanatgcnggtntttnacctgtgtgnncgn
caanctanangtttncaggntttctanctggnctx

::::::::::::::
hmd1d10.seq
::::::::::::::
cgaccggnttggtggtcgggacgccgcacatcttgtcaaccaggacgaccctaatgtgct
ggagatcagagtagtggtatttcaccggcggcccgcangcggganccccgccccgggccc
ctcgcggggacaccgggggngcgccgggggcctcccacttattctacacctctaatgtnt
nttcaccgtgccagantagagtnaagctcaanagggtcttctttccccgctgattccgac
aagnccgttcccttggctgtggtttcgctgnatagtaggtagggaccagtnggnatttcg
tnnaatccattnatgngngtcactaanttnnaattncgaggcattttgnananccttang
gggnttnatnagttx
::::::::::::::
hmd1d11.seq
::::::::::::::
gnanggnntncaacgttctcggcaaagtgggagnnataaaantggtaacctggggctggg
ggccggcgcggcggantcggagtagtagagcggagtgaagacacggggnaggataganac
tggcattcctttggnccggggnattggcggnantcgtgctgggtgctctcgccgtnttga
ggtcccagtnaggggaaggagaagcggaagagggtctctagtcgggtcctagggcaaagg
gactacaaaaagnntgcagatgactatagnantnaggcgncgtggannatncttntgnag
gnccattagngntaagaagttgatncaaaaaaancctgtttcagtgnngncccctnttnt
ax
::::::::::::::
hmd1d12.seq
::::::::::::::
agcatgtacctacatcagatccggattggtgccaatgtctccaacttcacttttgctcct
agcacgattatatttcacctgggacatgctgctatgctgggactcatgtatgtctactgg
actcagctcaacatgttccagaccttgangtacctggccatcttgggcagtgtgacgttt
ctggctggcaatcggatgctggcccagcaggcagtcaagagaacagcacattagttccag
atgaaagatggaanttctgaaaactgantgtcaagnaaaggngtcantgnncattttcac
agtttgcgangaanatttggaaaaax
::::::::::::::
hmd1e01.seq
::::::::::::::
cagctttcgcnacgaaggntctcgaggtggcgccgggagatgaagctcgantggcccatg
ctcacgtccaccgagccctgcaacgagttgcggccgatggncaccgagcgcttctnaatn
anatactcgaactcgcggccntacaggcgcgcnacgncccagccgnccgtngggnacccg
anccccggccccgnngnncccgnccccgnngcccgcgx
::::::::::::::
hmd1e02.seq
::::::::::::::
gtggaaccgccgccaggtcgctnttggtccacgncgcccgtngcgccgcccgcccgctca
gcgtccgccgccgccatggnagtgcaggtggaaaccatctccccaggagacgggcgcacc
ttccccaagcgcggccagacctgcntggtgcactacaccggnatgcttgaagatggaaag
aaatttaattcctcccggnacagaaacaagccctttaagtttatnctaggnaagcaggac
ggtgatctcagtttcctggcttttcctccntnancccccttataaaccnctttcntgtcc
tgtntaagtaattttggtgagaaatngttnctgcaanctttttccnctnangnnccattna
ataaagtctnaaagttttnacttactttgnaantnaaa
::::::::::::::
hmd1e03.seq
::::::::::::::
gctaccgggacaggatttnactgtnctagcaagactgaaatacagttggtgcagagtctg
ggggtgcctccagagaggattatctatgcaaatccttgtaaacaagtatctcaaattaag
tatgctgctaataatggngtccagatgatgacttttgatagtnaagttnagttgatgaaa
cttaaatttgaagagatcataactctttgttganctagagtatttttccagcattccttg
tcatcagaancatggttaangtttaanactagaagcagcagaaanctagcttgtaaaatt
tatccaagtagagtncaggctagggctgtcttggggaaataaaccnttaaaccctt
::::::::::::::
hmd1e04.seq
::::::::::::::
cctattgtatccctnaccttcttagcccactagttccatcattcccatctccagactctn
agctagaacacaaacagcctcctaagtagcaacttctacagaagggaacacaatacaata
tttcacaaccatgcttctcctgtntaaagcagccctcaggcgnganttattttccngcta
ttctaggngtctaattctggcctcagataacctaagcngtttttgcaatgcaattttatt
actggnaacaacttcattataggngaatattaggcaactgctctagtgaagtcaaaaagg
ttaatatncacatataannccacattcctatcttacaanttctgcctactttagatttng
taaaaancnggnggtnggcaaantngggcttncggtaaaantttttaanagx
::::::::::::::
hmd1e05.seq
::::::::::::::
tgcctggtagcaacagaaaccagtcctgctcgcctccgtggacatttcattaccatccag
aagtgtctcccactgaaggcatccgtggttgtttttaagccacaaaaaagccacacccaa
ganctttacaccacatcacagtgaacacactggggagacgtgctttttggaaaactca
aaggtgctagctccntgattcaaagaaatatttctaatgtttgtncattctagtttatat
ttcnatttaaaatcctttaggttaagtttaagcttttnaaaagttnagttttgggaattg
gggcacantcctaatcctgtnggcttgggtgnggcctggnntttaaaacnttcnttngnc
cctgnnatttcccntatgggggntntttncctnagggggaax
::::::::::::::
hmd1e08.seq
::::::::::::::
gtcatgattctttataattncttcaatgccatgtttgtnggtccgggctttgtccctctg
gggtggaaaccggaaattnctcaggataccatgtatctccagtattgtaaagtctgccaa
gcatacaaggcaccacgttcacatcactgcagaaagtgtaacanatgtgtgatgaagatg
gnccatnactgtccttggttcaagccactgcactccagcctgggtgacaagaggaagacc
ttgtccccncaaaaagaaaaacattagtttcagtcaaacccacgttcgttccctaccatg
tgtagctgtggggcccntacacaaagtgaaattgcctctgagnccagttggccttcatgt
aannctt gngntgncccnttncttancatgggncatngnanatacncttggtgttggnt
nccctgggcngttttaacgnnaattgtttntaagggccntgnttttccccx

::::::::::::::
hmd1e09.seq
::::::::::::::
gaaactttttggagtaaacaaagatctaaatgtgaacagtttactaatgcactactgaag
tttaaatctgtggcacaatcaatgtaagcatggggtttgtttctctaaattgatttgtaa
tctgaaattactgaacaactcctattcccatttttnnctaaactcaatttctggttttggt
atatatccattccagcttaatgcctctaattttaatgccaacaaaattggttgtaatcaa
attttaanataataatnnttnggcccnngcttttaaaataaa
::::::::::::::
hmd1e10.seq
::::::::::::::
cagggatgaaattctttttcaaagttttgaagttccttgcaacttagccatgatgtgagt
ggttatccctagataaaattaaaaggnttttaaaaagtaattactgcacataaaatgat
aaataggtaatttgaataattttattttaagctccttggttaattattttgtctattgtc
tcagctataantncaaatttatacatactattgagtattaatatnctctgatttcngggn
ganttctgtcagtcacatgatgnttatgttttngtttaaccattctttccatgcacttgt
natttnatnantttggcctgactgntgngcccagtccngtgtctacaggnttttccnttg
tcnngaaancnctntaaggcctggccctttnncnnntggtggntttx
::::::::::::::
hmd1e11.seq
::::::::::::::
gagagaaaggaaggaaagagaaagcaggaaggacggaaagaagacgnaagaacgnaagaa
aacgnaagaaaaaaggaaagaagagagaaggagagaacagaaggggcaggtgcccctggg
aaggggagaagatccatctacacagtcgttgtccgacttcacttgatactatatgatatg
anccttttttgggtggggngtgcgggncagttcactctgtctcccaggctggagtncaat
ggtgcaatcttggctcactatagcctttnnncctctnaggctcaagcgntttctcccaccn
tcagacatcccaattagctgx
::::::::::::::
hmd1f02.seq
::::::::::::::
gtcgtccgcaaagcctgagtcctgtcctttntctctccccggacagcatgagcttcacca
ctcgntccaccttctncaccaactaccggtccctgggctctntccaggggnccagctacg
gcgcccggccggtnagnagcgcggccagcgtctatgcaggcgctgggggntctggttccc
ggntcggnacctaccgccgnctnctngaagatggcgaggnctttaancttggtgatgcct
tggacagcagcaactccatgcaaaccattcaaaagaccaccacccgncggatagtggatg
gcaaagtggtgtctgangaccantgncaccaaagttntgagggcatttaagccagncaga
agnaggnntacccttttggggtgcnggnggnccaatnaanaagttcanatgtncaaa
::::::::::::::
hmd1f03.seq
::::::::::::::
aagagggcagactgtgaacttgactgggtgagacccaaagcggtccctgtccctctagtg
ccttctttagaccctcgggccccatcctcatccctgactggccaaacccttgctttcctg
ggcctttgcaagatgcttggttgtgttgaggtttttaaatatatatttngtactttgtgg
ngagaatgtgtgtntgtggcagggggccccgncaggcntggggacagagggtgtcaaaca
ttcgtnagctggggactcagggaccggtgctncaggagtgtcctgcccatcccccaantn
ggncccatctctnatccttttggataaggtntcnattctgtcagtggttaaagatttttn
gttttgcttggacattttttncgnatnngaaatttnannattatttttaanattnnatn
ntaagaaaaatgtttatttctnnccctggnannaaggnttcangttgnt
::::::::::::::
hmd1f04.seq
::::::::::::::
gcgcggggagggagcgangagncgcgggcagcgagcnagtaagcgcgcggcggcccctgg
tccgccggccgcggccgaatctaggggctgggggctngaggcgggggtnggggntctaanc
tgcgtcctgggctcnaggcgtccccccggggagtcgnctctnagcggtgcgtccgggctan
cggcnagnggcccccccaanttttnccaccgacgccanctttagcagcccgatttngggcc
tngaaantggagcacgnngaggtnggagggcccttcangnggnccccnatngnnaannng
angggnccacgnatttaaanctnngngctntcccctnaaagatnncaaaacctanggntt
ttcttacttnntnaaacatccttngnccataanttgx
::::::::::::::
hmd1f05.seq
::::::::::::::
ctcaaatacagccaacttaaagttttagtttggtgtttattgaaaattaaccaaacttaa
tactaggagaagactgaatcattaatgatgtctcacaaattactgtgtacctnagtggng
tgntgtaaanactggggacaaaaacagcngttgcattnnttttnnaaacaaanccccttn
ttatctnnacatgttttcttnagggncnnnccgnggnttcncaaacnctggttctntnct
actngctcggnctttgctacttx
::::::::::::::
hmd1f06.seq
::::::::::::::
gcccaagcatgaacaggacttgaccatctttccaacccctggggaagacatttgcaactg
acttngggaggacacagcttcagcacagcctctcctgcgggccagcccgctgcgaaccct
ncaccagctaccggagngaggagggaggatgcgctgtggggttgtttttnccataagcga
actttgtgcctgtcctagaagtgaaaattgttcagtccaagaaactgaatgttatttgat
ntatttaaanggctaaaatttgtntntttnattctttgncannaattgnntnnaanngtt
tngccanctttaangnnctttnntcaattgnacatacgnccagtngncatttntngaccanaa
tttgtnacggntgtaancctnatcnacntnnngatggatttttaanaaaagnnccttnna
ccannggtggnggtnanangnaacccacttacantttttnnctttncx
::::::::::::::
hmd1f07.seq
::::::::::::::
gatcctactgcacccctggtttgagtccgtcttggaacccgggtacatcgactcagaaat
aggnacttnagaccagattgttccagagtaccaggaggacagtgacattagttccntntt
ctgntaatnccccaaaacctcagaaacctcataattnttaacacctggaatttccattttt
aaagatggacaggccctttggcgtggtaccaaccagntaatgnccctncatnaagggtgna
agcntgctganctcgggaatggncgcctnctnttactcntgttggggatgagtnnctttt
atttntttngagcngcannatncngngax

::::::::::::::
hmd1f09.seq
::::::::::::::
ggaaaccatatgagccagagtttacatctgatgatttactagcacaaggagacatgaaac
agctggctgaagatgtgaagctgcagctgtataagttactagaaattcctgatcacagct
gctttctgttgtcattgctgttgtccctctgctacgntcctattgtcattaaaggtatca
cggtcggcacctggcattccttctgaccacagcatcattttgcattcaaattaagggtta
agaaangggatattttaaaatgagagtcactntgatggtgccatttttaaaaaaaaaagg
catattgcttttanctaanagnggntatttcccctnnatttgcaaa
::::::::::::::
hmd1f11.seq
::::::::::::::
ggtctntggtcctctctcggctcctcgcggctcgggcggccgacggttcctgggacanct
gcttgcttggcccgtccggcggctcagggcttctntgctgcgntcccggttcgctggacg
ggaagaagggctnggccgtcccgtcccgtcccccattggaaccccaantngcgncgctgan
ccntngnanggcgagattagcgcggacggagngnccggnggcgnccccttnccccgggttct
tctnccctgggagaagtntccgaacggctanggnttncaactncanggnagaagtngaaa
ntttngnccaantanaatncngnttntgagagncctnttttcnccggcctx
::::::::::::::
hmd1g05.seq
::::::::::::::
gttccctgtntcacgncatcactctggaatttnatcaggatggaaatgggcgtgagaatg
tggggatttataacctctccaaaggagtcaaccgattctncctgtccaagcctggtgtgt
acaaagtgacccctcgntcctgccaccggtttgagcaagcnttctacacctatgacacgt
cttcacctagtatcttgacattgacagccattcgncaccatgtccttggaactatcanca
ncgacaaaatgatgggtgtcactntgactatcaagtcttccatcgtcagtgnacccgnct
tngnctttagggccctctnnaggtctgntgcaggancttccgnngtntagnagcancttgt
gntnagggncnctntntggnnaanccacgggaaanctntnttntncanttanttaggggn
gttanaaannnaatnaaaantgctcnagtt
::::::::::::::
hmd1g06.seq
::::::::::::::
gtctcatggcctctagcagctccctggtgcccgaccggctgcggctgccgctctgcttcc
tgggtgtctttgtctgctattttnactatgggatcctgccttgattttacttcagaaacc
aaatnagtcttctataatctggggtcggagggagtccctgtgcccaaggnctctntgcac
cncancatccacatgnattttnccttntatcccataatttattaaancantgttctnccc
aaa
::::::::::::::
hmd1g09.seq
::::::::::::::
accgcatctnaatttttgtctctggggcatagatggcagaccaagattaaaagtggtaac
tcagctatacgagcatgggctaccttcctgggctctcctgcagtcctgtagacctgctgt
tccgcagaccatgggacacaaggtcagtgtgttcccagtnagggtcccaagtcagtcatc
ttaagtgtttgttctctgccccattcagtggactgttgacttcagtccctgcaagtgctt
tagcccgagtggggtnttctcagagcactgccacgagttaagtgtgtatttagccaaata
ntttcnncgtaagggaaaaattgcagtcacccaaaattttaccaatcaatgacangnnat
ntgagtaggaaaagattnagggcaacatcttgaggttttntaaacttnanaangtgccca
x
::::::::::::::
hmd1g10.seq
::::::::::::::
ccagatcaagaccatcctggntaacacggtgaaacccgtctctactaaaagtacaaaaaa
ttagctgggtgtggtggtgggcgcctgtagtcccagctactcgggaggctgaggcaggag
aatcgcttgaacctgagaggcggaggttncagtnagccaaaattncaccactncacantn
nactccatcctgggngncagtctaagactnttgtctcaaa
::::::::::::::
hmd1g11.seq
::::::::::::::
ctaggtctaggtattgatgaagatgaagtggcagcagaggaacccaatgctgcagttcct
gatgagatcccccctctcgagggcgatgaggatgcgtctcgcatggaagaagtcgattag
gttaggagttcatagttggaaaacttgtgcccttgtatagtgtccccatgggctcccact
gcagcctccagtgcccctntcccacctggctccccctgctggtgtctagtgtttttttcc
ctctcctgtccttgtgttgaaggcagtaaactaagggtgtcaagccccnaattccctctct
actnttgacaagcaggatttggatgttggngtattntggtttatttnaattatcctnnat
ttttnnncnaaaattaaaagtantncaaaatnaaaggattatgaccganttttnattacaa
a
::::::::::::::
hmd1g12.seq
::::::::::::::
aaccggtcagaccagcccgagagggacctggtgcctgtacccaggcttctntcgctctgt
cgcctgcgctatgccctgctgtagtcacaggagctgtagagaggaccccggtacatctna
aagccgggaaatngacccagtggcctttaaggatgtggctgtnaacttnacccaggaaga
gtggacattnctggatatttcccagaagaatctnttnagggaagtnatgctggaaaactt
tnaggaacctnacctctntagggaaaaaantggagtgaccagaanattnaatatnagtac
caaaaccccnagaatgaagcttcaggngtctnattagaangngaaangtcaatganaatta
naagaaggnagnncntntttngcgaaactttttx
::::::::::::::
hmd2a01.seq
::::::::::::::
actagagtacattgctcganccattcttagtgccaaangtnccactgccatttcatcaat
agctgccgatggtgaatttntncatganttagaagaaaaantggnggttgctaggntctc
aaaagtattcctcagggtagtctccattcctgtcattttncctcctattcatgagacgga
aaaattatgaccatggtacagagttgtatcaaggnaatgangnactagaacattgnnttg
nnaggttttgaaagggntcacanttnctttnccattnnctatnaatgtcttctttnanann
ctcttaangnctaaaactttttntcctattaax

::::::::::::::
hmd2a02.seq
::::::::::::::
gtgggtgcataccttcattaactgggtagaggcattcccatgcccaacagaaaaggcctc
taaggtggtgagaatactaattagttaaataattcctcactttgggctccctaagtactt
ccaaaacaacantggtccctcatttaaagaagcctctacccagtagggccgagtctgcta
ggnctttnattgggtttggtaatacgtcacacccttagcctctnctgtgtcagccatg
tcccatttatacaagacaaattgctgggtctgtcctgagcggtttggtcagttcagtaac
actaaggaacctctttnttgncttgagtatttactgncttaggattccctttncttangt
tttanccttttangccattaaangnctantcaaggctanantggnccatgntatgggganc
acttacnnccctgngaactatntncttccaggganagattx
::::::::::::::
hmd2a04.seq
::::::::::::::
tttgaattagaccagtaatgagtggcccaggactctatgaccctacaaccatcatgaatg
cagatattctagcatattgtcagaaggaaggatggtgcaaatnagcttttaatcttctag
catttttttactacctatatggcatgatcagttactttaaaaaatgactccttattttta
aaatgtttccacatttttnccttgtggnaagactgttttcatatgtnatactcangataan
gatttnanatggtattacgtatax
::::::::::::::
hmd2a05.seq
::::::::::::::
ggagggttatcaacctcaatgccttttnaccccacactcccgaagacgatgacgcagttc
ctagagcagggagaggccaccctctcagtggcaagaagagccctggctgcccagttgcca
gtcctaccacggtcggaggtaaccttcctggctccagtcacacgaccagataaggtggtg
tgtgtgggcatganttatgtggnccactgcaaagaacagaacgtgcccgtgcccaaggag
cccatcatcttcagcangtttgccagctccatcgtggggccctatgatgnggtggtcctc
ccaccacagagccngntggtagattgggangtgnagcttggccgtngtcanttngnaana
aaggcaannacatcatgggccacnagntgntatngcccx
::::::::::::::
hmd2a06.seq
::::::::::::::
gggctccagagcctcaagacagtcacggtctaaccagaaagtgggcaggtctcagggggc
ctgggagctagggggcctgcccctcggaccctggggcaagaagagcaccctgccgagtgag
gtcctacctgcaggcagtcactgccccggccatgggcctctcaaggctggcacgaagcca
ttcagggagagggctccacaacaagctgagggtgcccgantcaanctgtagaaccggnag
tggacacccacagacgcccaggctggatgcntncgcagncacacttggatctggtaagtt
tgtaactcttcatantttanaaagtgnctttnatataagctttngaatttctaactatct
naatnataatnaaanaatnctgnagttaantgtatttngtggcttntnagtngganacaa
ttccctactax
::::::::::::::
hmd2a07.seq
::::::::::::::
tatacaagtgaattagtcactttaaagatggncgtcagtcttgcatacgcagcagatctt
tctnncttctgggntccatttttttaatgtttaaaaatatgttgacatggtagtncagtn
cttaaccactgacttggggntgatgcaaacanttcctgtcgttgggntttagngtgtatt
agtcacgcntgtatggggnngtagtctcgggtatgctnntgtganattgganccctntgaa
agtangatcgttgnnagtcctggcntgttgcnctgtatgntaagnnctaatttcttgtcn
cgncatggtacatnacnnctaatcnccttttcnccccgctx
::::::::::::::
hmd2a08.seq
::::::::::::::
cgnacggngcnttttttttnaacaagcaacagtttctnattctncgcctggaagatccca
gcaagataatgtcctgtnttctaagatgtgcatcaagcctggtacatactgaaaacccta
taaggtcctggataattttggtttgattatncattgaagaaacatttatttcccaattgt
ntgaagtttttgactgttaataaangaatctctcaaccatcaaa
::::::::::::::
hmd2a09.seq
::::::::::::::
ttgggnctgtnaagnacttttccnacttcctggaggagcaggctgagaagaggggaatct
ccgaccccgacaccctacacatctggaagaccaacagccttcctctccggttctgggtga
acatcctgaagaacccccagtttgtttttnacatcgacaagacagaccacatcgacgctg
cnttaagtcatcgcgcaggcttcatcgacggctgctccatctctgacctgcaagctggg
caaggnttcgcaaccaacaagntcctntncgcaacggggattcctgngtaccggaaggtc
ttgnttgaaagtttttctaaaggttagnaccactttttttttaaaaaggntttantatn
ttaaaagx
::::::::::::::
hmd2a10.seq
::::::::::::::
cagaggtagcaaggccagctacacacccaggctatatggtatagccaaggctcctaggct
gcaaaattgtagagcatgttactgtattgaatgctgtagactcttggnacacaatggtat
ttgtgtagctaaacattgaaacgtagaaaaggtacagtaaaantatgntattgnngntaa
aaatggcacacctgtacaggncatccaccatgnntggngcttgcaggctagnagttgctc
tgggtgtcagggcctagtggtgcgtgaatatgnaggctgggncattactgtacaccnctg
taggctttncaaacactgtacacttnggttacattanntttagttx
::::::::::::::
hmd2a11.seq
::::::::::::::
gaacgcttgggcaaagcaacanatttagcaatnacagtcagctacatgaccgatggactt
tntgaagctaaagaccacacctgantcagggctgtggtaatcatcttaccatagctgtaa
attgtatcaaaacaaaaattagtagatggntttaggaatatgtaagaanctcaacacata
ntataantncantgattgttttcntcctntaaantttanaggttagtatctacagntggc
attgtatctncanccaaantgnctcttancccngnnttcaggagtngtantttattx

::::::::::::::
hmd2a12.seq
::::::::::::::
ctcaaataaacccaatgctgcgtgtgaggcctttttattttnctttcactctctttct
aatgcttcccaccttacctttagattcttttgctaggtgggagattgttataaggtctt
taaaccatttccatttgtttctttaacattaccaaaagcagggaacaaagctcttattca
actgcgaattccatagtgggctctggctttncttgaatagatatcacaaggttgcttatt
atcaaaagantaattaaaatcatgtaaccatttaaatgtcactgttaacacttttcactc
tttctgttgattcacctanctcnttatntngctttattaaagngtcttccttcaacaccc
gagatatggctaatttx
::::::::::::::
hmd2b02.seq
::::::::::::::
aaaatgtttgtaattgcaattttgtgtttaatgtttactttgtctttccttttctttagca
tttaggtgactgttcggcagtttgatatatggccattgtcggccttaaactgcactagta
acaagcatggtatttatcttgtattgaaaataaaacaaacttttgataaa
::::::::::::::
hmd2b04.seq
::::::::::::::
aaaaantacaaatctgtatcatcattttaaaagnntgactagnatttnaatatatgnnta
tcctataattncctgatcttaggcaaaataccagctgatgnnggcatctnatgccttcat
ctgtncagtcatctccaaaancagtaaaantanccactttttgtngggcaatatgcnntt
tttnnnggngtagnntaccanatggtaganacagactgcctgx
::::::::::::::
hmd2b05.seq
::::::::::::::
ctctgaccagcaccatggcggttggcaagaacaagcgccttacgaaaggcggcaaaaagg
gagccaagaagaaagtggttgatcagccattaaaataaaacangccttaaa
::::::::::::::
hmd2b07.seq
::::::::::::::
cacaaagaattacacaacgttttcctcaagnaaatggtacaaaacacaaccgnggngcgt
atacagttgnaaacatttttnttttgcttggnnggcagattattttatattngtnttaan
nntcaaaccctatgtttctttcx
::::::::::::::
hmd2b09.seq
::::::::::::::
ataatctcgtgtgtgtagctttgggaaatttggaaatcagagagatcttggntgtacatt
tatgtatactttgagaaaaagggttttnggttgattttngtanttccccacatttgtaca
tgtnctttaaaggtgtacataaagcttcanatggcaataax
::::::::::::::
hmd2c02.seq
::::::::::::::
caatcgaccagatatcctggaccccgcgctgcttaggccggggcgtttcgacaggcagat
cacttgttgctgtcttaatggaatggttttctacaggagctgtaacatacttaaaaatat
gaatgtattatgtaaatatggcttctttacataaaaaatataaatgtcaacactgtaaa
::::::::::::::
hmd2c03.seq
::::::::::::::
gaacaaacccactttttaagatattgataaagtcttcttttcttcacgtgatattttata
caagtacacttcagatgtattggatgtggctgattttaacaaatcctattagatttgtat
caattagttacatgttctattcatagtcttttgtgaatcattgcctttttgtttaaaaag
atggcctattttgagcctttgtataagtacattcctgtttttgtgacaaangaaaanctt
taantttgtcccaaagngaaaaataatggctntcagcncgtatgctttgttttaagtgcg
gcgtnnccccgctanctgax
::::::::::::::
hmd2c04.seq
::::::::::::::
gtggtggaagaacggtctcagaactgtttgtttcaattggccatttaagtttagtagtaa
aagactggttaatgataacaatgcatcgtaaaaccttcagaaggaaaggagaatgttttg
tggaccactttggttttctttttgcgtgtggcagttttaagttattagtttttaaaaat
cagtactttttaatggaaacaacttgaccaaaatttgtcacagantttgaggcccgtta
aaaaangttaaatgngaaa
::::::::::::::
hmd2c07.seq
::::::::::::::
tcctattccagatgttcctgcagtatactttgtaatgccaactgaagnaaatattgacag
antgtnccaggntcccaaaatgctgcggggcaatgacagctcagttcccagaaataaaaa
tccattccaagaggccattgtttttntggtgggaggnggcaactacattgaatatcagan
tcttgttgactacataaaggggnaacaaggcaaacacatttnatatggctgcagtgagct
tttnaatgctacacagttcataanacagttgtcacaacttggcaaaagtaacacagntga
nccttaactatgataatctncttggntgtggataactgtanaancgncggaannttagga
ggtgcactattgtttccttntctgtcacngtntccntaacaggtgaaacccx
::::::::::::::
hmd2c09.seq
::::::::::::::
gagcgagctgagtggttgtntggtcgcgtctcggaaaccggtagcgcttgcagcatggct
gaccaactgactgaagagcagattgcagaattcaaagaagcttttccactatttgacaaa
gatggtgatggaactataacaacaaaggaattgggaactgtaatgagatcaagtaacatg
ttgcatgtggcttactctggntatatctaagcccttctgcacatctaancttagatggag
ttggtcaaatgagggacatctgggttatgccttttaaaagtagtttnctttagggganct
gtcagcatgttgtngttnaggngtggngttggtaactctccgtggcctntnggccagnca
accantntgtccttaaaaggtgnccctattnaaaaaccggx

::::::::::::::
hmd2c10.seq
::::::::::::::
atggcccacatactactgtttagtgggaacatacaggaggctgaaatagtacttcttcag
gctggccttgtttatcaagcaatccagatccagatgaaatctgattgagcagtgtactta
caagttgtactgtgtatgtntttcctatattgtaatatttcaataagaagcttaaaatgt
ttaaaaataaatggttaaaaggttttatgttatgtatatttnaccacaataaatgcaaaa
aataaa
::::::::::::::
hmd2c11.seq
::::::::::::::
tcaagcagcgtggttccactggcattgccatccttacgggtgactttccatcccttgaac
caaggcatgtnagcacttggctccagcatgttgtcaccattccaaccagaaattggcaca
aatgctactgtgtcggggttgtagccaatttnnttaatgtaagtnctgacttccttaaca
atttcctcatatctctnctggctgtagggtggctcagtggaatccatttngttaacaccg
acaattagttgtttcacacccagtgtgtaagccagaagggcatgctctcgggtctgccca
ttcttggagataccagcttcaaattcaccaacaccagcagcaacaatcagggccagcaca
gtcagctgagatgtccctgtaaatcatgtttttgataaaagctctgtggtcctggggnat
caatgntaaggcancatagtncttgctgggctcaaatttccacaagggggtntncattgg
gtgtaccacggttaaggtcaggtttaggtttx
::::::::::::::
hmd2c12.seq
::::::::::::::
gtaaagatggtggtctccagagaagaggtggagctggcctatcaggaagccatgttcaat
atggctaccctcaacagaactgctgcaggtttaatgcacacatttaatgcccatgcggcc
acagatatcacaggctttggcattctaggacactcccagaaccttgcaaaacaacaaaga
aatgaagtgtcctttgtnattcataatctgccaataattgccaagatggctgccgtcagc
aaggccagtggacggtttgggcttcttcaaggaacctcagctgaaacctctgggggntta
ctgatttgtctgccaagagaacaggcggtcgcttttgtnctgaatnaaatcctccaagta
cggagagggcancaagcgtggatcaataaaagggtaatttccttgctaaataataaaagg
aaccttgttgaaaanctaaa
::::::::::::::
hmd2d01.seq
::::::::::::::
cttttaaccatgactgttgaagtgaagggtccctatgaatacctcacacttgaagactat
cccttgatgatttttnnatggtgatgtgtattgtatatgtcctgtttggtgttctgtgg
ctggcatggtctgcctgctactggagagatctaaatcagacaggagttggtctacatagt
agtaatccattgttggaatggaacccttgctatagtagtgacaaagtgaaaggaaattta
ggaggcataggccatttcaggcagcataagtaatctcctgtcctttggcagaagctcctt
tagattgggatagattccaaataaagaatctagaaataggagaagtttaattatgagggc
cttgacacggttatccccaaacccttgtcatttcccccccagttgagctctgatttccagg
ctgcttttgnaaaatcctgnattcaatttncctaaacttnagnatttngggacccx
::::::::::::::
hmd2d02.seq
::::::::::::::
cgctcggaggcgttcagctgcttcaagatgaagctgaacatctccttcccagccactggc
tgccagaaactcattgaagtggacgatgaacgcaaacttcgtactttctatgagaagcgt
atggccacagaagttgctgctgacgctctgggtgaagaatggaagggttatgtggtccga
atcagtggtgggaacgacaaacaaggtttccccatgaagcagggtgtcttgacccatggc
cgtgtccgcctgctactgagtaaggggcattcctgttacagccaaggagacctggagaaa
gaagngaaaatcagttcgtggttgcattgtgggtnaaatcttgagcgttctcaacttggg
ttattgtaaaaaacggnggagaaggntattcctgggcttnctttnntnctancagtngctn
gccgnctggcccnaaaagnggtngnaggatccgaaacttttcaatx
::::::::::::::
hmd2d03.seq
::::::::::::::
ctggtctcgaactcctgactctgtgatcaggggagaccccaactgccagatatattttaa
tgtacaaaactgaaaccagatgaaataatgttctgtcacgtgaaatatttaagtatatag
tatatttatactctagaacatgcacatttatatatatatgtntatgtatatatatatagn
acctnctttnatactccatacataacttgatatagaaagctgtttatttattcactgta
agtttatttttcctacacagtaaaaacttgtnctatgttaataacttgtcctatgtcaat
ttgtatatcatggaaacacttctcatcatattgtatgtaagtaattgcatttctgctctt
ccaaagctcctgcgnctgttttnaaggngcatgggnaaaatactgccnaggaaantgcaa
antgncannaggggagagtaggttttccagctaggtttgx
::::::::::::::
hmd2d06.seq
::::::::::::::
attgggatgtattgaaggcatgtaaagttgaagatctgacccccagcatgattgtatttc
tttcccctccagtcaaaccgtaatacagtttccagaaaattcgacagtctgcaatgccaa
aagggtaaaaatctgtatttcacagttgtatagaataaaggctttagttaaaatatttca
aa
::::::::::::::
hmd2d11.seq
::::::::::::::
gtttgagcggtgctgaactgtcagcaccatctgtccggtcccagcatgccttctgagacc
ccccaggcagaagtggggcccacaggctgcccccaccgctcagggccacactcggcgaag
gggagcctggagaaggggtccccagaggataaggaagccaaggagcccctgtggatcgac
tttgtgtctctgttgtctaaaataggttttccctgttctggacatttcatataaatggaa
tcacacaaa
::::::::::::::
hmd2d12.seq
::::::::::::::
atagctttaccacccatgtattcattcctaaaaantacacagttttgtctgattttnaat
ttnatgtgantggaattgtacatatctgtgtttgtgtcttccttgttttactcaatactg
tttctnagatcantcacattatttgtnaatattnggtntaggattttnncatctntattt
cagtgtgtgttnggnatgtaaatntccatactcaggctatctnnnggcctganttggtt
acatgngtatatgtcctaaananatnccttacactttcantacatntnaagggncntana
tnttgtnnatgtatcaaanacnnnagnatgcaagcntacaanattntnnnccatccgax

::::::::::::::
hmd2e03.seq
::::::::::::::
tgccaataacaaaataactagcaaccatgaagtgggtggaatcaatttttaaatttncc
tactaaattttactgaatccagaacactgcatagaaatgaatatggaatagcttccatat
tggattcttaccaatgtactgcagagataagtttagctgacctggctaccatatttttgn
cccagtttgttcaagnggccacttacaaggaagtaagcaaaatggtgaaagatgcattga
ctgcaattgagaaacccactggagatgaacagtcttcagggtgtttagaaaccagctacc
tgcctttctggaggactttgccatgagaaaggaattttggcgaagtacggccattcaggc
tgctgcagccaaagtgaagagggaggccntanctgttttcttgcacacaaaaagcccant
ccagcatngntctgtgncaagx
::::::::::::::
hmd2e06.seq
::::::::::::::
gtcatcgggccctggatcctccctgcccgcnaagtgacagtttacaaaattattttctgc
aaa
::::::::::::::
hmd2e07.seq
::::::::::::::
ctgatttcaaatgcttctaatgctttagataagataaggctaatatcactgactgatgaa
aatcctcttcctggaaatnaggaactaacagtcaaaattaagtgtgataaggagaagaac
ctgctgcatgtcacagacaccggtgtaggaatgaccagagaagagttggttaaaaacctt
ggtaccatagccaaatctgggcaagcgagtttttaaacaaaatgctgaagcacaggaaga
tggccagtcaacttctganttgattggccagtttggtgtcggtttctattccgccttcct
tgtagcagataaggttattgtcacttcaaaacacaccaacggtacccagcaccatctgg
gagtctgcctcaatgaatttctgtaattgnctgcccaagggggaaacacctttngggncg
gngnacgnccaanttacccccttgtcttaaaaggaggx
::::::::::::::
hmd2e10.seq
::::::::::::::
gtccggggagtcagccaggagcttggggaagggaagcncgcccccggggccggtcccgga
ggctcgatcccacagtctcagccctgcttactagtgagaaagactggcaaggtttcctag
agctctacttacagaacagccctgaggcctgtaactatgggctctaaagggggcagaagt
cagcaataaagctatgtctganattttccttcactaaa
::::::::::::::
hmd2e11.seq
::::::::::::::
acaagctgcagtctgtagcactgaacaaacaaaaaacaaaacgctcaagccttacgacca
gagaaggatttcagcaaaccaccacctcccactcagtgtcccctccaaacttcacacttc
cctgcctgcagaggatgactctgttcacacccaatccagcgcggttctaccccacgaact
gtgacttttccaaatgagcctttccctagggctagacctaagaccaggaagtttgagaga
gcagccgcagctcaactcttccagctncgcagggttgggaagtccttaggtgcagtgcgg
ctcccactgggtcttgcggaccctcctattagagtacgaatttcctggaacntggtanag
nacccaacctagaggnttx
::::::::::::::
hmd2e12.seq
::::::::::::::
ggcttttccaagaaaagctagagcagagcagcccttctcccacaagccctcccacccccg
tgcagccacatacctgtacagaatggtaactaagggtgctgtgcccaaccctgcgactag
caaggctcgcagcaagagcacagccctcaactacttgtgccagagtttctcttggaccac
tccaactcccactgagccctttgctgctgggctggcaggaaactttccccactccctaa
ggggcatgtctgggttaggtgctaagtgctgaagagaacttggtcagttctctcaacttt
gctttgggcaagaatctggtcactgatggggtcaaacccaaagggaaaagtgttgctaga
gaaaattggggaaaggtgaaaaaggaaaaatggtagtaattgagcagaaaaaaattaatt
tatataatgtaattgattggcaaccagatttatctaaggtggcctgaattggntagggaa
aaggaaaacctgx
::::::::::::::
hmd2f01.seq
::::::::::::::
ggaaaatggcggtgtctacagtgttctcgacttcgtcgctgatgcttgctctgtcaaggc
acagcctattgtctcctttgctcagtgtgacatcattcagacgcttctacagaggtgaca
gcccaacagattcccaaaaggacatgattgaaatccctttgcctccatggcaggagagaa
ctgatgaatccatagaaaccaaaagagcccgcctgctctatgagagcagaaagaggggaa
tgttggaaactgcattcttcttagtctttttgctaaagaacatctgcagcacatgacaga
aaagcagctgaacctctatgaccgctgattaacggcctagtaatgcctgggntatttact
antgggnccacaggaggtaaaccagccccngaaatctttgaaaatggaggcatgggccta
ctgngaggctttgx
::::::::::::::
hmd2f02.seq
::::::::::::::
gcgtgggcgcccacaatttgcgcgctctctttctgctgctccccagctctcggatacagc
cgacaccatgggtttcggagacctgaaaagccctgccggcctccaggtgctcaacgatta
cctggcggacaagagctacatcgaggggtatgtgccatcacaagcagatgtggcagtatt
tnaagccgtgttccagcccaccgctgccgactttgtgtcatgccctacgttggtataatc
acatcaagtcttacgaaaaggaaaaggccagcctgccaggagtgaagaaagctttgggca
aatatggtccctgccgatgtgggaggcactanaggaagtggagtacagttagtaaagatg
atgtgacattgacctnttagntcatgggcatttaaataaaagantgaaaggttaaa
::::::::::::::
hmd2f04.seq
::::::::::::::
ggcttccacctgggctacctggatggtgaggtggagctggtcagtggtgtggtggcccgc
ctcctggctctgtacaaccagggccacatcaagccccacattgactcagttggcccttcg
agaaggtggctgatgccatgaaacagatgcaggagaagaagaatgtgggcaaggtcctcc
tggttccagggccagagaaggagaactagggcaagtggctgtagaccctagagaccagcg
aagggagaagttgggaagctacgttctgttggccaccagacttgcatttcagcctctgtc
ataatgctctgccctccctcccccgnaggtctctgtggtgatgaccgttttccctgnccc
ctnccccgattnctnaacctctgaagaggttngnaagtnaccatttggatgtcttgggcct
tccaaaggcgcaagggaggggtcanaggnaagccggctncnttcctngccnnaacctttt
cccngagcctattx

::::::::::::::
hmd2f05.seq
::::::::::::::
tggaggaggaggcggctcgggagacgagcagcgagctggctggatcaaaagcttattcat
ctgtttttctttttcgttggtgtaaagccaacaccctgtctaaaaaacataaatttcttt
aatcattttgcctctttctctgtgcttcaattaataaaaaatggaaagaatctaaa
::::::::::::::
hmd2f07.seq
::::::::::::::
ggaacatttactttgtaagctaggtcacaaacaaatctcaataaatttncaatgagttggn
atcagagtatgtttnctgactgcaataaaatcaagctagacatttataagcnanatgtaa
taganatcctacatatttganaagttataaaactcagttgtcaaaangnnattataannt
tnagnctannttttnatactgcctgntantngnnntacaagncattnanncttgtggctgc
aagtgcagcagtx
::::::::::::::
hmd2f09.seq
::::::::::::::
ggacgtgtnatggccaacacctgcacccccaacccatgcaagaacgacggcnnanaactg
acattgggggcgacttccgctgccggtgcccagccggcttcatcgacaagacctgcagcc
gcccggtgaccaactgcgncanagcccgtgccagaacgggggcacctgcntgcagcacac
ccaggtnagctacgagtgtntgtgcaagcccganttcacaggtctcacctgtttcaagaa
gcgcgcgtgagcccccagcaggtnacccgtttgcccagcggctatgggctggcctancgc
ctnacccctggggtgcacganctnccggtgcagcagncggagcaccnnatcctnaaggtt
tccattan
::::::::::::::
hmd2f10.seq
::::::::::::::
atttatttcaacctgaaggacttaacacttcctgaatgtcaaattcagggataaatggat
tttttncagttttaaaaaaaatccggaaatgtcttaattnctccttcatttttgaaggat
aagttttccagctatatattnctcaattgacaggtttctncattattttaaatatataan
ccactgcctactggccttcaaggtttctgccgngaaatcagctgctaatgttatctggat
ctgaatctctgacttattgattatggaacctgtcaagtagttttcaactctcccagtgag
gataattaaacatgctcagcctgagccaccnctaagtgtcaaa
::::::::::::::
hmd2f12.seq
::::::::::::::
ggcggaggtgcaggtcctggtgcttnatggtcgaggccatctcctggnccgcctggcggc
attcgtggctaaacaggtactgctgggccggaaggtggtggtcgtacgctgtgaaggcat
caacatttctggcaatttctacagaaacaagttgaagtacctggctttcctccgcaagcg
gatgaacaccaacccttcccgaggcccctaccacttccgggcccccagccgcatcttctg
gcggaccgtncgaggtatgctgccncanaaaaccaagcgaggccaggccatttggaccg
tntnaaaggtgtttnacgggnatcccaccgncctangacaagaaa
::::::::::::::
hmd2g01.seq
::::::::::::::
aggtcgcacgnntgaaacttctccgncgcctccgccgcagacgccgccgcgatgcgctac
gtcgactcctacctgctggctgccctagggggcaactcctcccccagcgccaagnacatc
aagaagatcttggacagcgtgggtatcgaggcggacgacgaccggctcaacaaggttatc
agtgagctgaatggaaaaaacattgaagacgtcattgcccagggtattggcaagcttncc
agtgtacctgctggtggggctntagccgtctctgctgccncaggntctgcanccccctgnt
gctggttcttnnccctx
::::::::::::::
hmd2g02.seq
::::::::::::::
aaaggaagtaatgggaaggggttcatgttctctttataatgcagtggcaaaaggttctga
aagccttttaaactcgaaccagtgggggaaagatggatccatttctgtgtcctttagcct
agtatgtctgaacttccattcttgttatatatttaacctttccctctatattataggttt
tgtggcatccacggtcaggtgtagaggaagctgccccttgcagactgtactgtaatattt
tccttttataaatattttcacaggctgattgtacacagggcttgtaataaaattttaaca
ctgtgccggtgaaacaactatggggaatccccattgaagggctacttcatggggcaccx
::::::::::::::
hmd2g03.seq
::::::::::::::
cctttttgagataaccgtgcctgaatctcagttaactgtgtcccagttcacgcttccaa
aaagtgtttcagatggcattgctgctttggatctgagttattttgctaaacttgggggag
gaggaacaaataaatggagtctttattgtgtatcataaa
::::::::::::::
hmd2g04.seq
::::::::::::::
ctacttactacacatgaaccataatgctgcttcttgtgcatgtctgctctgatatacgtc
gaacaatgtagcagccactgtcatttctcagtggttttgcctaaccaaacttcttcctaa
ggagatttatattctggcctacacagcagtccttgatggctgacagccacagaattccaa
accaagtagtgtctgtcagcnctcttaactctgtgcacgccctatttcagtcttttacat
ttgtncttctagggaatgtatgcatctctatatatatntcccctctcaaaccagaacatc
aacagtgctgnttctgacanttcaggcatcccacggaaaggcacattgx
::::::::::::::
hmd2g05.seq
::::::::::::::
ccgaaacaggagggaaggaagtggtaacccaactccattaataaaccccttggctggaag
agctccttatgttggaatggtaacaaaaccagcaaatgaacaatcccaggacttctcaat
acacaatgaagattttccagcattaccaggctccagctataaagatccaggtgttacctg
atggtcgggttactaacattcctcaagggatggtgacggaccaatttggaatgattggcc
tgttaacatttatcagggcagcagagacagcccaggaatggtacatcttgcattaggaag
tgacttaacaaccattaggcctcaatctgaactctcctgaaatctctacccnaatttgx

::::::::::::::
hmd2g07.seq
::::::::::::::
caaatnatgtaatctagagagagatcctcctgccttggcctcctgtgtagctaggattac
agacccacactactgggcctggccagcagtgtgttttnacttgagcagccttggcttctt
tctctttccctcagcagcggggagtcagcttggccagtgcttgtaatgggcaagcctggg
gcatccccttctcatgggttgggtgaagcctctagtgctgaaggacaaagctcacacaac
tccccgcttttggctgtcagcaccagccagacaggagcaagnaccaggaacaactcccag
catctcagantcaantctccantcctggatgctntacgtctttcncnatttacaggcccn
caatggx
::::::::::::::
hmd2g09.seq
::::::::::::::
ctcgaccnccagagaccacttctnanagtctctatctgtncgtctctggtgttagccacg
ttcctttactttccctcatttctgtggccactcctgtggcttcctctctttcaacctgca
ggctgctgctgccctgcctcanacccttgtaggcttctgtagagatgctactcanatggg
ggtggagctagatgcagagctgaaacccacctaggagatcagatatttaaagtctgctga
tattttcctctggatgtcagacctgtatactttgtcctgcattattggagtataattggc
aaataaaagttttatgtatttanggcaaa
::::::::::::::
hmd2g11.seq
::::::::::::::
ggacntggnccatggcaaccaaaggaggtactgtnaaanctgcttcaggatnnnntgcca
tggaagatgcccagaccctgaggaaggccatgaaaggnctcggcaccgatgaagacgcca
ttattagcgtccttgcctaccgcaacaccgcccagcgccaggagatccggcgcataagcc
aaacctaccagcagcaatatggncggagccttgaagatgacattcgctctgacacatcgt
tcatgttccagcgagtgctggtgtctctntnagctggtgggagggntgaaggnaattatc
tggacgatgcttttcgtgagacagattgcccagnacctntatgaggctgnagagaagaaa
ttggtx
::::::::::::::
hmd2g12.seq
::::::::::::::
cacacctacagacggagagggggntgaagaaatctnccaggngggtgcctccngccagta
tctgatgaaggtaagagctctcctttggagtaatatgttgtctgtnccaaggntngnatg
aaaacagagtatgatggctcatcttnactttttccttacttacaaatggagagccccaaa
gtccaaatccttgggccagctatcctccaacttcctcctnaggggcagnagtgaancaaa
gngtcctctncgtggaaaagaaanantacgntccntttnaaacggtggattx
::::::::::::::
hmd2h01.seq
::::::::::::::
aacagcagctggtaccgaagcgggaggtggagcccganagggaaccagcggggaaactna
ggctcggggtggagcgcaggattgtgggacgcgccaaggctgctgtctttcccagcagca
gcggaagatgtcggacagcgaggacagcaacttttccnaggaggaggacagcnagcgcan
agtnacggcnaggaggccgaggtagacgaagagcggcggagtgcagcggcagtnagaaag
angangagcctgaggtcgx
::::::::::::::
hmd2h02.seq
::::::::::::::
ggaaaaccccatgtggcaacacgccttctgtgtacattcccaatatttgctataaatagg
gccatcccaggctgctgtcagaatataacagcactcccaaagaactgggtactcaacact
gagcagatctgttctttgagctaaaaaccatgtgctgtaccaagagtttgctcctggctg
ctttgatgtcagtgctgctactccacctctgcggcgaatcagaagcagcaagcaactttg
actgctgtcttggatacacagaccgtattcttcatcctaaatttattgtgggcttcacac
ggcagctggccaatgaaggctgtgacatcaatgctatcatctttcacacaaa
::::::::::::::
hmd2h03.seq
::::::::::::::
gtgaaaactacccctaaaagccaaaatgggaaaggaaaagactcatatcaacattgtcgt
cattggacacgtagattcgggcaagtccaccactactggccatctgatcgccgttctggt
aaaaagctggaagatggccctaaattcttgaagtctggtgatgctgccattgttgatatg
gttcctggcaagcccatgtgtgttgagagcttctcagactatccacctttgggtcgcttt
gctgttcgtgatatgagacagacagttgcggtgggtgtcatcaaagcagtngacaagaag
gctgctggagctggcaaggtcaccaagnctgcccnagaaagntcaganggctaaatgx
::::::::::::::
hmd2h04.seq
::::::::::::::
aaaagatgctaagattctctgctccaatccaaacacaggagaggtgttatatgaacttcc
caccaacacacagtggtgcttcgatattcagtggtgtccccgaaatcctgctgtcttatc
agctgcttcgtttgatgggcgtatcagtgtttattctatcatgggaggaagcacagatgg
tttaagacagaaacaagttgacaagctttcatcatcttttgggaatcttgatcacgtcac
tgtactccagcctgggcaagagtgagacaccgtctcaaa
::::::::::::::
hmd2h05.seq
::::::::::::::
gaaatacaaaatgtcctgtattttgcagttttgttaagtcttccattcgttttaggntta
gtctgcaagtcaaagnaagtcttgttaccttaaattatatgaaaactgtcattttaaatc
ttttaatatttacagttttcaaaaaccttacttggaaattgctttgaaacaaacaagcta
accttgaaacttnggnaaaantcttgaaagttaggnaaaatatttgngnnntatgacga
gcacaatctgtgtgttacacacatttggtttttatactgcatatgtggtaantgtgtcac
attttccagtaanatgtctcaggnatcaatgccttctganttcax

::::::::::::::
hmd2h09.seq
::::::::::::::
caggcaggagtttctctcggtgactactatcgctgtcatgtctggtcgtggcaagcaagg
aggcaaggcccgccccaaggccaagtngcgctcgtcccgcgctggccttcagttcccggt
aggcgagtgcatcgcttgctgcgcaaaggcaactacgcggagagtgggggccggcgcgcc
cgtntacatggctgcggtcctcgagtatctnaccgccgagatcctggagctggcgggcaa
cggggctcggaacaacaagaagacgcgcatcatccctcgtaacctccagctggccatccg
caacgncggaggaactgaacaaagctgctggnaaagtnaccatcgccnagggcggcggtt
tttgncctaaanaatccanggccntacttnctccttaaggatngncgnnagacttaanc
caaaaaggcaanaggncaaatttaaggtx
::::::::::::::
hmd2h10.seq
::::::::::::::
cttttaagaacggggcttgttaaaggacgcgtatgtagggcccgtacctactggcagttg
ggttcagggaaatgggattnacttggccttcaggctcctttggtcataattttaaaatat
gggagtagaaaacaacaaagaatggaatggnctcttaaaacaatgaaagagcatttatcg
tttgtcccttgaatgtagaatttgtttttnatttcataattctnctggtaaatgtgacag
ttaaaatggtgcattatgtatatatatnatanttngganataccatttnataattnacct
attccagggtgccataatgcatttaaatttgggatttggggtggngtattatgtttanct
ggagttgncaagtatgagtcccncagggaaa
::::::::::::::
hmd2h11.seq
::::::::::::::
gttgtcttaaaattgttaatggaagtattgaccctctatnatatgtnctgcagatatcga
ggtcagccattcggaagctggcagcattttatcgcaactttgagcatctcagatggggaa
ggcaccttcttcctcgcctctccagattgtcctggaacctccaggatcagtctgttggca
ttgcaatgaagtgctttgtatcaggaaagtgtacactattgacctttttccctgttcaca
agctgagccatatgtacataatctagatttngttttcatagttttgcactttnatagcct
atttttgaagattaacacatttgcaagatgattgactcaatctttgcctaatccaatgag
tgttacagagagcttgctgtgnctaggaccataaatctaaagggggtatgtgataatag
gagggctggnantttaaaccngnatttaaa
::::::::::::::
hmd2h12.seq
::::::::::::::
gtcaaaacaaaactttacaaagccaagcgtattatcttttgcattaacctatttttncc
atcatacatgctactagtatgtgcattagcatgatattctcatatacattgcattaaaaa
ttaaaaggtggcagctcagggtgagctcttctgttgctcatttgtncctaaaattttaag
ggcttttcctcagtcaatagtttgtacaaactggttagtttaactncattacccatttca
ttaaagttgatgggtcgtgtgatgagatgcatttaaggccgntagtgatagatgtttttn
taatttctngaacacaggctttgtctgnatgatgtnctttttatctctgacacaagctttg
aatgataactaccagggttttagtgctgtnaccataatacccataatggx
::::::::::::::
hmd3a01.seq
::::::::::::::
attgacttagatcaggttacagagaaaggcaatgtctganatttttggtctctgttagaa
gtagactctgttgaaaagaaagaagctaagctaggtgtgaagaatggaattggaagccca
ctgccttcccataagaaggtttaccataattnnctcacttttcctgtgttagacatttt
gattatctgcagtttattactacaagcagtggcagagtgaatgtccttgtacatttngag
ttacatgcttaattatgtccttgagaaagtttctaaaagtggaatgattggtttgactgg
ttcatagggctttaattatacaatttnacccctctaattaggtactatatgtatgnacttc
cctccccntgccaggaatacctcctttgggcaanttgtagggtatcx
::::::::::::::
hmd3a02.seq
::::::::::::::
agttttcctgcttccgtnatgatggggagcaggagacttccctggagtttnagctcggaa
acaactcgagtttttcctgattccacgatgggggagagcagtctaaagcctgggccccat
tcctagtcttttncccgttggatttnacgaattctgttagacttggtcaaatctnaagca
aacttccaagttgtgggaaacaagcctctgaattagctgaattcccacagctgggaaaaa
ggaaaaaaagccagaaaaagggaaaaaagatttaaccacgtgatgggctttatttgcat
aacgnggccacgtttttccagccaaggcacactcgaggtaagtgcccgtcacctcacggt
gcagttcgggccataggggccncttacatttttttacccanggctttgacctggaatggg
atx
::::::::::::::
hmd3a03.seq
::::::::::::::
cggacacacgctactctgggaggtgatttgcgacttagccaggcccccaaagctgggctc
ctgtagggagaaagtctgcccaggtccacatccaagccttcatcgtttgtcctccgggtt
ctgggatcccgaactcagtcatagaattttaaggattgaaacaaagtttgaggtcagagg
ggaacataaaaccttggtaataccccgcccccggccaccatctttgtacatgtgtctttg
cagcttagtgcatctctttgacaaagatttgtgcaatgatgtatttnattcaacacatca
ttctgaaagaccgtgtgggaaaactaatgcctgagcacaaacctgttgaagatgcagttc
ttcttgggtagcctaaataggnttatcttgggcctaagntagtgaccttggtttttcct
aaattttccattgaatncatgggcnttaagggaatatgcaaa
::::::::::::::
hmd3a05.seq
::::::::::::::
ctgcgagccaggattcccgatcccagaggctctcctcacctcagctgagctcctttgaaa
gtaattcaagggactatgtcactcagcctcatttgctggaccaaatctggagggagaacc
cctaaaacccctaagtnaggttgcccagggggttgtccccaggtgggggggaagcagggga
gagaaaatggtagccattttnacattgttttgtatagtatttattgattcaggaaacaaa
cacaaaattctgaataaatgacttggaaactgccaaa
::::::::::::::
hmd3a06.seq
::::::::::::::
cttgcacaggtgtgccctctcgcatgcccttcttcccttgtttaccttttaaactcttat
tcatctttcattcttcattctctgtaaaatcttctctgattcctcaaattagaattaaag
gctctatctatgctctgtgaaa

::::::::::::::
hmd3a07.seq
::::::::::::::
gctgcagccgcagagatggttganctcatgtncccgctgttgctcctccttctgcccttc
cttctgtatatggctgcgcccaaatcaggaaaatnctgtccagtggggtgtgtacatcaa
ctgttcagcttcctgggaaagtagttgtggtcacaggagctaatacaggtatcgggaagg
agacagccaaagagctggctcagagaggagctcgagtatatttagcttgccgggatgtgg
aaaagggggaattggtggccaaagagatcaccggaggtcagtagttcaagaccagcctgg
ccaacatggtgaaaccccaacctctactaaaaattggtgtatatcctttgtggtgtcttc
ctgtttatgtgtcccaaggggagtattttccacaaaggtcaaaacaggccacaattattc
aggnggntgggngcaaacccagtnccattccagtntttantngcaatgnaattccttgca
aagggx
::::::::::::::
hmd3a09.seq
::::::::::::::
cacccacctctgcctcccaaagtnctgggattacaggcatgagctaccacacctggtttg
gagagtcttaattaaggaaattnccctaatgtncatttatttcctaaatccagaccgtgt
ttcagaataatccttacttgagagtagccatttcnttgcctgtncttgtcagaactagag
gaaatagccaagnctaatgaaaaagattactctaacccttaaaagacttttaaattcact
actagagtggtcattttaaaaatacatccatgtttanctttatttgagccttctttatga
gtaaatgattcctccttgtcctgtctttcaaaaccagctaaaatatttngtnacaaaagg
tgctttttcctcactgttgcctatttcaatatatcgggtttaaatanggtttaag
::::::::::::::
hmd3a10.seq
::::::::::::::
agaaaacagaaagaaaagaatctacatcaggagacaaacccgtatcacattcttgcacaa
ctccttccacgtcttctgcctctggactgaaccccacatctgcacctccaacatctgctt
cagcggtccctgtttctcctgttccacagtcgccaatacctcccttacttcaggacccaa
atcttcttagacaattgcttcctgctttgcaagccacgctgcagcttaataattctaatg
tggacatatctaaaataaatgaagcagctgtgacacaagcctcactgcagtctataattc
ataaggttcttactgctggnccatctgctttcaacataacggcntctggtttctnaaggt
ggttcagctttctacaaaaaggccagccaatctaatcaggtcttccgnncgncntttagc
aanctggatggggncaaccccngaggttcctggggcax
::::::::::::::
hmd3b03.seq
::::::::::::::
gcccccccgcaaacagctggccacgaaagccgccaggaaaagcgctccctctaccggcggg
gtgaagaagcctcatcgctacaggcccggnaccgtggcgcttcgagagattcgtcgttat
cagaagtcgaccgagctgctcatccggaagctgcccttccagaggttggtgagggagatc
caagtntttaacaattggggctgttaagtctgaccatacatcactgtgatagaatgtggg
cttttncaagggtgaagatacaagtnttaaccacagtgtaacttacagtttcctttaaa
::::::::::::::
hmd3b06.seq
::::::::::::::
gccaggcctctncttacataccccacctacggnatactcactgccaccccaaggatgcagg
gccccaggggcccanacagcaacagagctcagagaccacccgctccccacgctgttccca
gatgagcccctgattcgccagccagtgactcaaacaagcccctccctccacccttagggt
accccttgggtcagcctctcaaagaccccccttgcagactagctctgaaaggtcaagtcctt
tgcccaagctcacaggtaggtcacagaccaggcctgtttctgcaagtcctttcttaagtc
cggtagattgcccaacctttgtgggtccctggaatccttcctttgggacagtggagggaa
gtgggctgaaatcccanagacttccaaagggttagccttggggx
::::::::::::::
hmd3b07.seq
::::::::::::::
agcaaatacagcaatctagagtttagcctttttaaaaatgtgactttaacccgcccacct
gtgtcctcccattggcgtggcatttctttggtgtctgctcagaaagaaacagcatgggac
cgtgtgattgggtccaggctgggctgtcagggaagcgccctggtgtctccgactcatcaa
ttctcgggtctttttaaaagccaggctccccaaagcactctttgtctcgcaattttaag
gaggttgttccgacctggaagcgttaaactgctgcatgtcatctggcgtcaacttgtgag
gctgcgctctgcgtgttgtgcgtttgcaaaatgtattggcgtgacctgtaaacacatcgg
ttgaaggtaaaggcgattancatattggggtatggcaagctttctnaccctcttnctga
tgctggg
::::::::::::::
hmd3b08.seq
::::::::::::::
gcggcggcggcggcgggctggcctggggtcagtactggggcagataggctggcctgcctg
cctgcctgcccgcccagggctgtggggatgagtgtccccaccccagggccacttagctga
caccagcccctcaaaggaccagtgcgccccatcccaggnagggttccttggggacaaggg
tggttggcagctccaagcctttaaacctggcttctaaaacgatggcatcagagccctgga
gagccagctggagacacaggcgtctggccttaaggggcttgctagggaacctgcatgcct
agtaagcgccacaggtgactctaaatgcaggcgccacagccacaattgaagaaacacagn
tcttgggttttnaagtcctgctx
::::::::::::::
hmd3b09.seq
::::::::::::::
gcgcctcggaggcgttcagctgcttcaagatgaagctgaacatctccttcccagccactg
gctgccagaaactcattgaagtggacgatgaacgcaaacttcgtactttctatgagaagc
gtatggccacagaagttgctgctgacgctctgggtgaagaatggaagggttatgtggtcc
gaatcagtggtgggaacgacaaacaaggtttccccatgaagcagggtgtcttgacccatg
gccgtgtccgcctgctactgagtaaggggcattcctgttacagaccaaggagacctggag
aagaaagagaaaatcagttcgtggttgcattgtggatgcaaatctgaagcgttctcaact
tggttattgtaaaaaaagggngagaagggttattcctggncttgcctgatacctancaag
tgnccttggccgnctngggccccaaaagx

::::::::::::::
hmd3b11.seq
::::::::::::::
ctcagtgcccccttgggctccggtggctttactctcctgcatgcagcagctgcagctgga
agaggctcagtggttcgtctgctgctggaagaggtgctgaccccactgtgcagtgccagg
accattgacaccagaaatggaggcacggcaggctacacggaaaagggagcagaaggcagc
ccggcggcaacgggaggaacagcagcagaggcagcaggagcaggaggagcgtgaacgaga
agagcagcggcgatttgccgcctcagtgaccgagagaagagagctctggctgcagagcgc
cgactcgctgcccagttgggagcccctaactcttcaatccctgactctggaatcgtcaat
actcgncgttgcttggagttgtgggggcatccttccaaggcctgantccttttaatacct
ngacttctttttctgnttcaaacgttgccttcaggatcctttccgggaatnttttacag
gtnaaaatx
::::::::::::::
hmd3b12.seq
::::::::::::::
ccggagacagcgtaggctacatggcttaccagagcaatttttatatggtactgcaacaaa
gcatttgacttataatgatttcatcaacaaggaattgattctcttctcaaactcagacaa
tgaaagatctgctagtgctgtaatattgtaaatactggactcaggaacttttgttaggaa
aaaattgaaagaacttaagtctcgaatgtaattggaatcttcacctcagagtggagttga
aactgctatagcctaagcggctgtttactgctttccattagcagttgctcacatgtcttt
gggtgggntntcgaagaaggaattggccatcttaaaaagcgggtaaaaaaccctgggtta
ggggtgtgtgttcaccttcaaaattgttctatttaaccacctggggccatgtgcatctgg
ggngtngggnggtttttcctnccataaggngccaccx
::::::::::::::
hmd3c02.seq
::::::::::::::
tcaatacaaggaatatttatttaaaatagatttatttagaggnggcacagtgttgttgat
ccctctccctttactcaaatacagtttcaaaaggaagactcatgagaaatttcataaaat
acaagtttttagatgtttatnctttgccttnctttttaaaggtgttttcctgctttgtng
tctctaactctgaantttagaatntgtaanctaaagtggttttnttttgtncttanccca
ntttaaactcaatgtaaaatggttatatatgcatcagtacagattttcagcntnttggca
acatctgctggax
::::::::::::::
hmd3c03.seq
::::::::::::::
caaccaaccagtcttcacttcaagagggccacactgcaacctcagcttaacatgaataac
aaagactggctcaggagcagggcttgcccaggcatggtggatcaccggaggtcagtagtt
caagaccagcctggccaacatggtgaaccccacctctnctaaaaattgtgtatatctttg
tntgtcttcctgtttatgtgtgccaagggagtattttcacaacgttcaaaacagccncat
tantcagcgctggngcaaaccagtgccattccngtcttttatgcaagx
::::::::::::::
hmd3c04.seq
::::::::::::::
atttttggtcaagttgtttccattaaaaagtactgattttaaaanctaataacttaaaac
tgccacacgcaaaaaagaaaaccaaagtggtccacaaaacattctcctttccttctgngg
gttttacgatgcattgttatcattaaccngtcttttgctactnnccttaaatggccaatt
gnaacaancagttctgagaccgttcttccaccnctggttangngtggggtggcnggtntt
ngggntagtnttcntttngccttctgngctttctgggx
::::::::::::::
hmd3c05.seq
::::::::::::::
ggccggcggcgttggcggcttgtgcagcaatggccaagatccgagtcgtccggaaatcca
ttgcccgtgttctcacagttattaaccagactcagaaagaaaacctcaggaaattctaca
agggcaagnngtacaagcccctggncctgcggactx
::::::::::::::
hmd3c06.seq
::::::::::::::
gggaagctgctgaaaaggctaaatgtgaactctcctcatctgtgcagactgacatcaatt
tgccctatcttacaatggattctcctggacccaagcatttgaatatgaagttgacccgtg
ctcaatttgaagggattgtcactgatccttctagttagcctagtactgctgtactggcct
gtatgtacatggggtccttcaactgaggccttgcaagtcaagctggctgtgccatgtttg
tagatggggcagaggaatctagaacantgggaacttagctattx
::::::::::::::
hmd3c07.seq
::::::::::::::
ggccttggtggaacatgtcaaggaggagtgtgaccgcctggcccctggcatggccgacat
atgcaagacctatatcagccagtattctgaaattcctatccagatgatgatgcacatgca
acccaaggngatcagggaccctccccgctttcctgggcctctnagttgaacaaagcagca
aaacaaaggcagttttatatgaaagattagaagcctggantaatcaggctttttaaatga
tgtaattcccnctgtaatagcatagggnttttggaagcagctnctggtngcttgggacat
cagtgggnccaagggttntctatccctgggx
::::::::::::::
hmd3c08.seq
::::::::::::::
gatcataaagttctatcaaggagttctatcaaggcatccatgtcagtggtgctatgctgg
ttacaacttgagatttttgaaataaaaaaatttgtcatattcatgcctctaaa
::::::::::::::
hmd3c10.seq
::::::::::::::
ccaaagctcgatgaacttcgggatgaagggaaggcttcgtctgccaaacagagactcaag
tgtgccagtctccaaaaatttggagannggagctttcaaagcatgggcagtagctcgcctg
agccagagatttcccaaagctgagtttgcagaagtttccaagttagtgacagatcagggg
agaccctaactgccagntatatttnaatgtacaaanctgaaaccagntgnaatagtgttc
tgtcacgtgnantntttaangtntatagtatatttatactctx

::::::::::::::
hmd3c11.seq
::::::::::::::
ggctttcattgccaagtccttctatgacctcagtgccatcagcctggatggggagaaggt
agatttcaatacgttccggggcagggccgtgctgattgagaatgtggcttcgctctgagg
cacaaccacccgggacttcacccagctcaacgagctgcaatgccgtttcccaggngcctg
gtggtccttggnttcccttgcaaccantttggacatx
::::::::::::::
hmd3c12.seq
::::::::::::::
cgaccgttgactattctctacaaaccacaaagacattggaacactatacctattattcgg
cgcatgagctggagtcctaggcacagctctaagcctccttattcgagccgagctgggcca
gccaggcaaccttctaggtaacgaccacatctacacgttatcgtcacagcccatgcattt
gtaataatcttcttcatagtaatacccatcataatcggaggctttggcaactgactagtt
cccctaataatcggtgcccccgtatggcgtttcccgnataaacaacataaggx
::::::::::::::
hmd3d01.seq
::::::::::::::
gatcctgattctgtgtgttgaaaatcagattcttcaagtttagttctttctcctgccatg
gaaagaaccattgaatgttacacattaaacaagtctaatatcattagaattactttccta
attagatgacaggtgattgattccttgttttgtgtgtgtgtgtttaaattcgtgtattag
aanacaaa
::::::::::::::
hmd3d02.seq
::::::::::::::
gcagagcagccatctttttaagtggggctgtatcaggctgggtttatttaaaagcaacaa
aatgttttggttaagaaaatnatttnccttcagtgtaaatctncgcagtgttctaaaca
aagttcagtcttctgctcgcccatttccctcactgatgtctncncttggx
::::::::::::::
hmd3d03.seq
::::::::::::::
gctgagttggctcagactctgcactggcactgagcctttaacaactggcctccccttgag
gttcctccactctagggtttgaggggctggaatcagggccagggcctaacagtgtttctc
ccctnggccccacggcccatactnaccccttnacctgaggcttctcccctgtaaacttgc
tgttgatttcttttgagggntaaaagaaagaccgngttcattgaagcagagatgggnagn
tggtgaggcgtnctcacctgccacaacncacaagctatggx
::::::::::::::
hmd3d04.seq
::::::::::::::
ggcgatggcgtacttggcttggagactggcgcggcgttcgtgtccgaggtcactagtttc
ccggtagttcagctgcacatgaatagaacagcaatgagagccagtcagaaggactttnaa
aattcaatgaatcaagtgaaactcttgaaaaaggatctgactaacttcactgatattccc
cctggtggngtagaggngaaagctaaaaataatgccntttnactgngggaatttntgggc
tgttttax
::::::::::::::
hmd3d06.seq
::::::::::::::
gtttgagcggtgctgaactgtcagcaccatctgtccggtcccagcatgccttctaagacc
ccccaggcagaagtggggcccacaggctgcccccaccgntcagggccacactcggcgaag
ggaagcctngagaaggggtccccagagtntaaggaagccaaggagcccntntggatcgnc
tttangtctctgttx
::::::::::::::
hmd3d07.seq
::::::::::::::
atagcactggaggaacatatttagcacctaatattaatattnngtagtccattgataaat
ttcccagcatatgtcctagcctctgggggaaaccaggaccactttgtctgtggcttaa
acagttcagttgctatatctgttgggtatgccgggggtggatgagtgtggcattccgtga
agaggnagttggtaagtaaggtttccctnctactgccttcttaagttgcaggx
::::::::::::::
hmd3d08.seq
::::::::::::::
cttcggttttcctcttccttcgctaacgcctcccggctctcgtcagcctcccgccggccg
tctccttaacaccgaacaccacataaatgagcatattctgatgtactctttggatcccaa
accttacggccaagtttcttctagtatgatggaaagtttctttttcctttgctctgaata
aaactgaactgtgggttctctataagtggcaaaaaaaaaccaaa
::::::::::::::
hmd3d10.seq
::::::::::::::
ctctgctgtggcccanggcatctntacctgttggncaagattatgataattcagatgtga
agtaaaatgcctccctctgatggcaaaaagccaacctgtttgcaaaatcaccccttattga
agggtggcatggctgtggtccctgcctccaggttacttncatcaccaaccaaactanacc
aagaccatacctgggactgttcagctggtcttnaaatcagtttcctx
::::::::::::::
hmd3d12.seq
::::::::::::::
atgacctggacttcaagtctcccgatgaccccagcaggtacatctcgcctgaccagctgg
ctgacctgtacaagtccttcatcaaggactacccagtggtgtctatcgaagatcaganta
tgtatgcagttctttctttaaccctttttctcctatgtactgtgaacatttaaaaagta
cttttaaatattctttggaaacttagcttttagtaactacttggttgtatcataatttat
taactantgttttattggtaaacattggcttgcctcccatggcttgnccnttatx
::::::::::::::
hmd3e02.seq
::::::::::::::
cccagacccataggagacccgcgtccccgctcggcctggccaggccccgcgctatggagt
tcctctgggcccctctcttgggtctgtgctgcagtctggccgctgctgatcagatacatg
aacatgtcttacatgggttgctgtatttagaattataaacatttttcattattggaaagt
gtaacgggaccttctgcatacctgtttagaaccaaaaccaccatgacacagtttttatag
tgtctgtatatttgtgatgcaatggtcttgtaaagggttttaaatgaaaactaccattag
ccagtctttcttactgcaataaattattaataaaattaaa

::::::::::::::
hmd3e05.seq
::::::::::::::
ggcaccaccactgacctgggacagtnaatcgacaatgccgtcttctgtntcgtggggcat
cctcctgctggcaggcctgtcctgcctggtccctgtntccctggctgaggatctgaagag
cgtcctgggtcaactgggcatcactaaggtcttcagcaatggggctgacctctccggggt
cacagaggaggcacccctnaagctctccaaggccgtgcataaggctgtgctgaccatcga
cgagaaagggactgaagctgctggggccatgtttttagaggccatacccatgtctatccc
ccccgaggtcaagttcaacaaaccctttgtcttcttaatgatttgaacaaaataccaagt
cttccctcttcatgggaaaagtggtgaattccacccaaaaaataaactgcntntggtcnt
aaacccttacattcnatcccttgggccccntacctx
::::::::::::::
hmd3e06.seq
::::::::::::::
gaaaaaactaaacaaaaaatccctctaggtagtttaggtgaaaaatgtccctttaatttt
ggctttggttgtnatttcagagcataatgctatgtttttgtctttttactatgttttc
cggattttaaagtccgtaagtgcatacagttttctctaattttaaaacccttttcctcctc
ccattttgacatttgcacttggagaacacttgagttgtgaaggttttgggcatccacccc
agaaagtgggaatttgattttatccttccgaactggaagaacatttttatgaagaatttt
tgtctaggagaatataacagtgttacccaaggttgtgtctttaaggggtggttcattttc
tctganccttttgttactcaaagtaaaggtactagggggtcctaagaatggtcctgtcct
tggacattatacctggttaaggcaggattatttgatttcaaaggctgngancagtggtaa
acctcggttncagnaatgcattttgggagggaaaatnctgnaaacgggncggggatgttc
ccaggtcctngtccgnccntgggnagggattcccttcttttaccnttacncttctatanc
gggggccnttgggncaaa
::::::::::::::
hmd3e07.seq
::::::::::::::
gctggaggctcctgtaccctgttcattccttaagggccctgcttcccttaataagtaagt
aagttggtctacggccctaaatatgcaaataagagctgaaggtttttaaaaggtagaaag
gaaaagggcaagggcttccacccctgctttaaaatgatttatttattctctgcttgtatt
tcttgtggagagagtaaggatagaaccaacaaggggctgagtagctgagaaaggggccac
ccaagagtgaaacatactttataccagaggagcagtggagcctcatgcagcacattatca
tttgttatttgggtttaataataaattttgacatcttttcactcatacacaaaaaaagtc
agnactggtgttatttactgttgatttcatcctcctgtgtatgaaataaccaaggcctag
ggggattganctagtgctactganctgtttaaattantttggggttaataggtccnct
ttgggnatctttttccncattaaanccttcctganttattaaanggtttcccnncattn
tttaccntngnccnctgtaaaaataaanntnaanttcnacctttaaa
::::::::::::::
hmd3e08.seq
::::::::::::::
gtttaaattagggtatgtttcaagtttgtattaatttgtaatagctctgtttagaaaaaa
tcaaagaccatgatttatgaaactaatgtgacataattcccagtgacttgttgatgtgaa
atcagacacggcaccttcagttttgtactattggctttgaatcaagcaggctcaaatcta
gtggaacagtcagtttaactttttaacagatcttattttttaattttgagtgccactatt
aatgtaaaanggggggggctctacagcagtcgtgatgaaacttaaatatatatcctttgt
cctcgagatttaggaagggtgtagggtgagtagggccatttttaatttcctgangtgct
aagtgtttttntacagcaacaaaaagtcaatttnccctttccaccagtgcgagagagg
gatgtntacttttcagggtgttgcctattttcccgtttgcagggcccgtagntgngccat
gggggcctggtccagggggctaaatttgggttgattatggccctgttaccggtttggcnca
ggttccctngtaaax
::::::::::::::
hmd3e11.seq
::::::::::::::
gccaagatggcggcggtggtcgcactctccttgaggcgccggttgccggccacaaccctt
ggcggactggcctgcaggcctcccgaggagcccagacagctgcagccacagctccccgta
tcaagaaatttnccatctatcgatgggacccagacaaggctggagacaaacctcatatgc
agacttatgaagttgaccttaataaatgtggccccatggtattggatgctttaatcaaga
ttaagaatgaagttgactctactttgaccttccgaaggatcttggttttccatgaataca
gcatgtataataaaatttttaagaaataaatgttattctacttttattaacaacaaa
::::::::::::::
hmd3e12.seq
::::::::::::::
gcttctgggtcaaaggaccagtctgcagagggatcccccccacagcccctggtcagtctgc
ccttgtaactggtctgaggtcattaaaattacattgaggttcctaaa
::::::::::::::
hmd3f01.seq
::::::::::::::
gcagatgaagaggaggaattgtctactgccacaaagaaactacacactcatggtgataaa
caagacaaagtcaagcagaaagcgtttgtggagccgtattttaaaggtgatgaaagagag
actagcttgcaaaattttcctcatattgaggtggttcggaaaaaagaggagagaagaaaa
ctgcttgggcacacgtgtaaggaatgtgaaatttattatgcagatatgccagcagaagca
agagaaaagaaattggcttcctgctcaagacaccgattccgctacattccacccaacaca
ccagagaatttttgggaagttggttttccttccactcaggcttgtatgggaagaggttat
attaagggagntccccagcttgcaaaaccctgtaaatatcagtgtttggnccgtaattgc
ccactttttcctaattccttnacttcaggcccctttccctcccttttaggggcattggnc
ctctgttggcccttttntcaccagntggtttcccx
::::::::::::::
hmd3f02.seq
::::::::::::::
gaagctgacagcattcgggccgagatgtctcgctccgtggccttagctgtgctcgcgcta
ctctctctttctggcctggaggctatccagcgtactccaaagattcaggtttactcacgt
catccagcagagaatggaaagtcaaatttcctgaattgctatgtgtctgggtttcatcca
tccgacattgaagttgacttactgaagaatggagagagaattgaaaaagtggagcattca
gacttgtctttcagcaaggactggtctttctatctcttgtactacactgaattcaccccc
actgaaaaagatgagtatgcctgccgtgtgaaccatgtgactttgtcaaagcccaaggat
aggttaaagtggggatcttctttataattctactttggagtgctggtctccatggtttga
tggtatctgaggcagggttgctccacagggtaggctctaggaggggctggnaaacttaga
ggttggggagcagngaattctcntnatcccacatnaanaacttgggcaagtttgnccttt
caaaccnnttgcactaaaggtttntaaggtggtaaggggnnatangtacttcccatttx

::::::::::::::
hmd3f05.seq
::::::::::::::
ggggaaagtnctgcctggtcggcctcgggcgaagacagtcggggccagcccgagggtccc
ttgccttccagctcccccccgctcgcccagtggcctccggcccgaggttacaccatctccg
actcggccccatcacgcaggggcaagagagtagagagggacgccttaaagagcagagcca
cagcctccaatgcagagaaagtgccaggcatcaaccccagtttcgtgttcctgcagctct
accattcccccttctttggcgacgagtcaaacaagccaatcctgctgcccaattgagtca
cagtcctttgagcggtcggttgaagctcctcgaccagatcttgcgaggaaggcggcttac
tccaaacccaggcttacctttttggtgnaaccntccgtcccataagaaaggcccttgaana
gattncagcgagcccacaactggtatnagntnggcaagnggaagggcttaattttcttgg
gtgggggggctttaaccx
::::::::::::::
hmd3f06.seq
::::::::::::::
gcggccgactcgcaagatggcgccgcagaaagacaggaagcccaagaggtcaacctggag
gtttaatttggaccttactcatccagtagaagatggaatttttgattctggaaattttga
gcaatttctacgggagaaggttaaagtcaatggcaaaactggaaatctcgggaatgttgt
tcacattgaacgcttcaagaataaaatcacagttgtttctgagaaacagttctctaaaag
gtatttgaaataccttaccaagaaataccttaagaaggaccaatcttcgtgattggcttc
gagtggttgcatctgacaaggagacctacggacttcgttacttccagattagtcaggttg
gaggtgnatcagagtcgggagggctanggcaaaggcttcccttaccagggcttttgcttt
attaattaaattaantggnggtntccatggggaattccanggaattggcttttnggtttt
ccngtgnttnaacnatnttatcctcttgaaa
::::::::::::::
hmd3f07.seq
::::::::::::::
aggacttcctctttaaatttggtaccagtaacttagtgacacataatgacaaccaaaata
tttgaaagcacttaagcactcctccttgtggaaagaatataccaccatttcatctggcta
gttcaccatcacaactgcattaccaaaaggggatttttncaaacgcggagttgaccaaaa
taatatctgaggatgattgcttttccctgctgccagctgatccactagacagttttcagt
ttgcttggaggtagctgggtaatcaaaaaatgtttagtccattgatttcaatgtgaaccg
gttacggx
::::::::::::::
hmd3f08.seq
::::::::::::::
tggagacagtgaaaagcacaatatgattgccctgtgcttcagcatgtnccgggagattgg
cgagaaccacgaggcagctgcccgcatccaactgaaattaattgagtctcagccctggga
ggacagcctcaaggatgggcaccagctgaaacaactgctgctgaaggccctgactctnat
gttggatgcagcagagagttatgccaaggactcctgtgtgcgacaggcccagcactgtca
gcggctcaccaagttgataactctgcagattcactttctgaacactggccagaacacaat
gctcatcaacttgggccgccacaagctgatggnctgtattctgggccctacctcggttct
accaggcttctatttgtggcttgagggcctacggatttttttccagattgggctgaaat
ttttataccagcaagtgattcttaaaaggggctttaantactttggaaggattttaagn
aggaaaggttattaaaaggccaggtatttttagaggggtttccaaaaaatttaanccaca
ttaggccttattx
::::::::::::::
hmd3f10.seq
::::::::::::::
ccacaaggttgcagccggagccgcccagctcaccgagagcctagttccggccagggtcgc
cccggcaaccacgagcccagccaatcagcgnccccggactgcaccagagccatggtcggca
gaagagcactgatcaaagctagaaaatgagattccttagcctggatttccttctaacatg
ttatcaaatctgggtatctttccaggcttccctgacttgctttagtttttaagatttgtg
tttttctttttccacaaggaataaatgagagggaatcgaaa
::::::::::::::
hmd3f11.seq
::::::::::::::
gcgcctgaaacaccagtctttggggccagtgcctcagtttcaatccaggtaacctttaaa
tgaaacttgcctaaaatcttaggtcatacacagaagagactccaatcgacaagaagctgg
aaaagaatgatgttgtccttaaacaacctacagaatatcatctataacccggtaatcccg
tttgttggcaccattcctgatctaattttatttgaaccctcactttccaacttcaccatg
acccagtactagagattagggcacttcaaaagcattgaaaaaaatctactgatacttact
ttcttagncaagtagttcttagttaaccaccaatgggacctgggttcattctgaatcctg
gnaggagcttcctcgtggccaccccagtgtttctgggccctctgtgtgagcaggccaggt
gtgagcttgttttagaagcagcgtgttgccttcaatctctcccgntttcccaaagnccaa
aggtaaaggtgccagtcaanttctggggttaaaaaaggattcccggnccnttttttnttt
ttgggacnacaaggaccggx
::::::::::::::
hmd3f12.seq
::::::::::::::
caggcgtgagcacttgggccctgcctgtatttttaatcagccacaaatccagcaacaagc
tgaggattcacctcataaaacaggcttggtgtcttggtgatccacctgcctcagcctctg
cattcagtttattcacatatttttggtaactcccatggcagctcctaggatttcagcggt
ctgtgggccagaaagcaggcaccagggctgacctcaaggccgtatcagagggccaagcag
agttcttttggatacctgcttttcatcccacagggccttaggagtcagaggtaaggtagc
aacagagctagaatgggggcaatgcactcttaccctccttctcaacttttatttaagctg
tgctaaatgttttcttcaaggggaccaggttttggttcttttacagaattttccaggtga
aataaaccatgttgtaataaa
::::::::::::::
hmd3g01.seq
::::::::::::::
gtaaacgtccacgtccgtcccacggctgggctgccgttccgtttcctccacgaacgggta
cgcgcttccatgagaaaggatatttggcaatttaatattccacagtcaggtgggtctgcn
atagtcatttaatgttaaacgccatcaggggcctctcctcccgtttctgccaggggcttt
tcttgtcttctccttggtcatcatcatcatcgtcttcctcttcctcgtgggcagatccca
gcccctccccacccaccctctaatggacctcctcatagaagccccatttnacttttgttt
tatctacctcttagcaaaacaatagataaattaggtagtggcagctccacttgcttaggg
ttagggggggaaaagatttctttttccaaaggaaaaaaatatttacccttgagnaatac
ttttccaaaaaaatataaattaaa

::::::::::::::
hmd3g02.seq
::::::::::::::
cttcagcgcttgctttactgcctctaaagctgagagcttgattccagggcctgccctgct
cctggtggcacccagtggcctgtactactggtacctggtcaccgagggccagatccgggc
ccctgccctcctctgcacctgaccacactccctactcagggctagtctgttcttcccgga
catcttctggtagccgtgcaggagagggctgggtggggcagaggccaggaggggacctgg
tgtgtcacctgcccaccacctggctcatccctnaggcccaccctgaccctacattacata
ggttacgtaagcctactgtggctgttgagcaaagcatttctcctttctgggcctaatttg
cactagatggggcctgtggtcccaaaagtagggtnagtaggttggggtttgctgaaaacc
cttgggtcaagttttgggaaagatgagtggtttgtcctgtaactgcctttccctngcctg
ggggtattgtgaactcaagaccnttgccagggtaaggccatgaggtttggggaaacctgg
cccaaggngttgnggacngcanttx
::::::::::::::
hmd3g03.seq
::::::::::::::
ccccgtcagagctacgtggacacctcgccagctgcccctgtaagctatgctgacatgcga
acaggcattgctgcagaggaggtgagcctgcccagggccaccatggctgctgcctcctca
tcctcagcagcctctgcttccccgactgggcctcaaggggcagcagagctggctgcccac
tcgtccctgctgggggcccacaaggacctgggggcatgagcgccttcacccgggtgaac
ctcagtcctaaccgcaaccagagtgccaaagtgatcaatatgtaaatatgtgatttgaac
catggttgacttacaagtgtcactacagctttttagaaaacatagcctaatatatgttaa
gcaaggccccggggtgagccagtgggnttgnggttttaatgtaggagctggaagaaggcc
gtccatcctgtcttttgggcgganaagtgntanttcctaanttggggaggggaagx
::::::::::::::
hmd3g04.seq
::::::::::::::
cttccagtgcaagcaccagcaccttaacagcggaaacgggaagtgaaaatgctgaaagga
agttaggccctgatagttctgttcgtactcctggggagtctagtgcaatatccatgggaa
ttgtcagtgttagttctcctgatgttagttcagtatctgaattaactaataaagaagcag
cttcacaacgacctcttagctcttcagcaagtaacagactgtcagtgagttctttgttgg
ctgctggggcccctatgagctctagtgcaagtgtacctaacctgtcctcaagngaaacat
ctagcttggagagttttgtaaggngagtggcaaacatagcaccgggctaatgccacggac
caaccatgnaatcttaagcccgagcaggcagtnataccaacactantactttggggngga
ttgtgatgagcccagaactttctccctttaatggggtcctcagaggtttcctaantttgn
cccaacttggtcctncatnanccggx
::::::::::::::
hmd3g05.seq
::::::::::::::
caaatgtgcacacccaggctgtgagaaagccttcacacaactctccaatctgcagtccca
cagacggcaacacaacaaagataaacccttcaagtgccacaactgtcatcgggcgtacac
ggatgcagcctcactagaggtgcacctgtctacgcacacagtgaagcatgccaaggtgta
cacctgcactatctgcagtcgggcatacacatcagaaacataccttatgaaacatatgcg
caaacacaacccgcctgatctgtgttagtccctgggatggctccaagggcctgctctagg
aaggcagcatgctcagtgggacacagcaagnttcagaatttaaagtagttgcttcatggc
tctgtggcactccctttttttncctcggagccttccctnaagctggcttccagtgtgnc
ccttgtngttnggtgngcantngtgattgngtcatgtncctgaaaggtgccttttctx
::::::::::::::
hmd3g07.seq
::::::::::::::
ggctgaccgtttcggtactggcgggaacaagctccactcactgggatcataccattgtac
tccagcctgggcaacagagcaaaacctcatcgcaaa
::::::::::::::
hmd3g09.seq
::::::::::::::
gcaaaactntncggtggctttttgtccccatgctttagataagctgggataggcaccttg
ctattcagttactataatatatgtnataggcattcctcatctncttcacaataataggn
catctgttgaatagcattcctcgaatataaccctaaaaacgccatactttaaattgtctg
gttcttgtaatattgtgtttcctgccaagagtttgaccattctncttgagaagtgtagag
cttactcttggagtaccaaactgtgcaatattttnccatcataagatgtattagtttaca
ggctgtgctttgaattatagtaggtattttcctgtggctccattaattaaatgagatata
tatttagtgcagcaaaaaggccatttaaaacagctattagttcacctgtgaagaggcctg
tacattttggattcctattaaggggcccatttatttacatttggtatattatntaaantc
cccnataggcaaaaantctcccaggtnggcctttaaatttgtaaggnttganctgtgcct
tngatx
::::::::::::::
hmd3g11.seq
::::::::::::::
ggtttcctggccgaggcggantgctgaacctaaggaagatcctcaccgtggaggaccatt
ataatnaaggtggcattggtgaggctgtgtccagtgcagtagtgggcgagcctggcatca
ctgtcacccacctggcagttaaccgggtaccaagaagtgggaagccggctganctgctga
agatgtttggtatcgacagggatgccattgcacaagctgtgaggggcctcatcaccaagg
cctagggcgggtatgaagtgtggggcgggggtctatacattcctnanattctgggaaagg
tgctcaaagatgtactgagaggaggggtaaatatatgttttncgaaa
::::::::::::::
hmd3g12.seq
::::::::::::::
ggacggnactgcctgccctgntgaactacccgcacatcaatgccatgtttcttaaggtac
tccacagttaatgaaggcacctggaaaggtggaaaaaagatgagtaagtagggggaaagg
ccccccaggggttcctttactgccatgaggcaggtgtactctacagaattagacagtgac
aatcgtcacttcacgatctcatgctagcagagcaaaaattgtaaaatattttaattaaaa
atctagggacctttatgtcctatttgaaa

::::::::::::::
hmd3h01.seq
::::::::::::::
tttgctcctctagaaggaaacgtctttatttaggagggcaaaaattttggtcatagcatt
cacttttcctattccaatctacaactggaagatacataaaagtcctttgcattgaatttg
ggataacttcaaaaatcccatggttgttgttagggatagtactaagcatttcagttccag
gagaataaaagaaattcctatttgaaatgaattcctcatttggaggaaaaaaagcatgca
ttctagcacaacaagatgaaattatggaatacaaaagtggctccttcccatgtgcagtcc
ctgtcccccccccgncagtcctccacacccaaacttgtttctgattggcttttagcttttn
gttgtttttttttcccctctaaccacttggtattttgggggnctctccttgngatttt
gngnaggtatacctcttggggtgtttaaaaaaggtttttttccnaaaggtaaa
::::::::::::::
hmd3h02.seq
::::::::::::::
ttattcatcacagacgacttccatgatatgatgcctaaatacctcaattttntnaagggt
gtggtggactcanatgatcccaaataaa
::::::::::::::
hmd3h04.seq
::::::::::::::
gaactctttggtgccctctaacaagggcaactacacctgcatttgtggagaatgagtacg
gcagcatcaaccacacataccagctggatgtcgtggagcggtcccctcaccggcccatcc
tgcaagcagggttgcccgccaacaaaacagtggccctgggtagcaacgtggagttcatgt
gtaaggtgtacagtgacccgcagccgcacatccagtggctaaagcacatcgaggtgaatg
ggagcaagattggcccagacaacctgccttatgtccagatctttgctgccagccacttca
tcccctcccagatgttggccaacaaccctccctgccaccaggcactgcctggaagggagg
gaagtggggagccaatgaacaaggatgcaagtaangagtttctgnagttttctcctgtcg
ggttttggcctgttttgccttcacccataagcccttggaattttggtggaaggtnccttg
tcctaagggttaaggantagggaggtcattctttgtgctcgntttaagggtnccttttcc
ccaaataggtggtccattgggtattaattcggtactagtttctttgtgncaaattcttgx

::::::::::::::
hmd3h05.seq
::::::::::::::
agggactttgcttttggtttcctttcctgtgaaaaggttggttttaaagtgagatacact
tttccgtagaacaagtgttctatctttaaaaacccaaattgcagcaccgtggattactgg
tctcagaacaactcattgcgcatcanatttgactctctgatttnctgtctattggccaaa
ttgccctttaactgcacctgaatcctttgtgtactgatgcctttaagctgggcaccttgg
gagagtgttgtgttgctgtttacggttcttccttgcccttgctaattacagtctctggtg
cccagcaagccccttttggcttccttccgtgactggtcacgttgtctgcctgggctcagcg
tggacctgccccatgctgcaagaacctggctaacctggacttttaactagaattgccagc
ttcctcaactttagcagatccagtatcttcctcggtttttagggagcaggaaaaatgcgc
tnaaagaactttttaaaaacctgccctggtggataaaacggggcttgttaccgggtgcc
cccaaggggtggacttgaataacggtaaaggggcacgntttccgggggtax
::::::::::::::
hmd3h06.seq
::::::::::::::
ggacctggtggttgcttatggaaccacagagaacagtcccgtgacattcgcgcacttccc
tgaggacactgtggagcagaaggcagaaagcgtgggcagaattatgcctcacacggaggc
ccggatccagaaattcaaacttcgagagcagatggaacgacatctaaatctgtgaataaa
gcagcaggcctgtcctggccggttggcttgactctctcctgtcagaatgcaacctggctt
tatgcacctagatgtccccagcacccagttctgagccaggcacatcaaatgtcaaggaat
tgactgaacgaactaagagctcctggatgggtccgggaactcgcctgggcacaaggtgcc
aaaaagggcagggcagcctgcccaggcccttcttctgtccatcccccaacattccctgt
ctgtccttgtgatttgggcataaaggggttcttgtttttctttgaaa
::::::::::::::
hmd3h07.seq
::::::::::::::
gtttatcgggacctcaaagaagtaactcctgaagggctccaaatggtaaagaaaaacttt
gagtgggttgcagagagagtagagttgcttttgaaatcagaaagtcagtgcagggttgta
gtgttgatgggctctacttctgatcttaactccctcagctaaaactggcattactgactc
ccagctatatttctccagacttgcattttttttttx
::::::::::::::
hmd3h08.seq
::::::::::::::
gggatggacttgcccaagtgatggcccacagaaaggccaaatttcttgtttttctcctca
tcctgtacctctttttcattaagaatcctgcctggaagtttaggtcaaagaggctgctt
ggagcaaaatacagtggtgtctcatccaaatattctccaggcgtttcttccatccttcca
ggatttgaattcgggcgtctgctggagtgtgcccaatgctatatgtcagttgaggttcta
agacttggaagccacagaaatgcagaatgccactccggaagggtcctttgtcatacatgg
cagcgtaagtgtaagcaaactctcctatgaacactcgctcaaaccaagcctttccagaat
ggcagggcttccaaaaccactggcagggggggacctggnatatcacaaaggtcttgcggct
tccagcttctttttggttcaggccaacattatctggggtcaagttggccttnctttata
aggcagacaggactcggaaggnttcctaaaggtncggaaggggccctnnagtttaccctg
tx
::::::::::::::
hmd3h09.seq
::::::::::::::
acgagaaggacagctctgttgcagccagatttcagcgcatgagggaagaatttgataaaa
ttggaatgaggaggactgtagaaggggttctgattgtacatgagcaccggctaccccatg
tgttactgctgcagctgggaacaactttcttcaaactacctggtggtgaacttaacccag
gagaagatgaagttgaaggactaaaacgcttaatgacagagatactgggtcgtcaggatg
gagttttgcaagactgggtcattgacgattgcattggtaactggtggagaccaaattttg
aacctcctcaagtatccatatattcctgcacatattacaaaagcctaagggaacataagg
aggttgtttctgggttcaagctttcaagaaaaaagccttgtttgcaggtcccctaaaaaa
tttacaaggctggtaggctgcaccattgtttx

::::::::::::::
hmd3h10.seq
::::::::::::::
gacacacctgcacagttggaaatggaggatgaagatacaattaatgtgttccaacagcag
acgggaggtgtctactgaaaagggaacctgcttctttactccagaactctgtnctttaaa
gaccaagattacattctcaattagaaaactgcaatttggttccaccacatcctgactact
accgtatagtttcctctattctttnatttccccttccccattcctttattgtacataan
gtaactggtatatgtgcacaagcatattgcatttx
::::::::::::::
hmd3h11.seq
::::::::::::::
agngtaaactnntccctnaccctggggtcatcgattcaaactgctccaagtggtgggaat
caaatcacctgacgtcagtagtttnaaaccagcctggccaacatggtgaaaccctgtatc
tactaaaattacaaaatttagccggacgtggtggtgcgcgcatgtaatcccagctactcg
ggaggctgaggcggaagantcacttgaacccgggaggcggaggttccagtgagccgagat
ggcgctattgcactccagtctgggtaacagggagacttgcatctcaaa
::::::::::::::
hmd4a01.seq
::::::::::::::
cagcagagcacctgggttggtccgaagcctccaaccacctgcacgcctgcaagggcctct
gtggggcagccatgaagtccctcgtcctgctcctttgtcttgctcagctctggggctgcc
actcagcccacatggcccagggctgatttatagacaaccgaactgcgatgatctacatta
atatcaagtcttgactccctacttcccgtcattcctcacaggacagaagcagagtgggtg
gtggttatgtttgacagaaggcattaggttgacaacttgtcatgattttaacggtaagcc
accatgattgtgttctctgcctctggttgnccttaccaaaaaccattggaacctgtgact
ttgaaaaggtgctcttgctaagnttatatgtggcctgtaatgaaagtgcctnaaagcctt
ccctaataaagacgggtctaaggctgaaa
::::::::::::::
hmd4a10.seq
::::::::::::::
tctggatttcctagcttttaaacttctcagatagaggaaccccagtaaagactgatcaca
ccactgtattccagcctgggtgactganactctaactaaa
::::::::::::::
hmd4a12.seq
::::::::::::::
ccgagctgaccctnatcagtacacaatgaaaaaccaaagaaccacagtatatctaattct
taacttttgtaaaccatgttttatgggtaactttttagttttcccaaaaggctgataaat
ttcaatattttnaatacatcattgttaattttaagttggcagaggtaaactaaccaacta
ccattatgttttagtactaagggatatacctttcaataaagttaatgaaattcaaa
::::::::::::::
hmd4b02.seq
::::::::::::::
ggtnaaatggctgactgctgtgcaaaacaagaacctgagagaaatgaatgcttcttgcaa
cacaaagatgacaacccaaacctcccccgattggtgagaccagaggttgatgtgatgtgc
actgcttttaatgacaatgaagagacatttttaaaaaaatacttatatgaaattcccaga
ngacatccttactttatgccccggaactcctttnctttgctaaaaggtataaagctgct
tttccaggatgttgccaagctgctgataaagctgcctgcctgttgccaaagctcgattga
acttccggggatgcagggaaggcttcgtctgccaaaccagagncttcaaggtgtgcccag
tttccaaaaaatttgggx
::::::::::::::
hmd4b07.seq
::::::::::::::
cnannctgtagattccttgacaaggatatcctagcggcgaaacaacaccgtactgggagt
cagaacgtctgggttctagtcttgactgccattaactagcggtatgacattggagaagct
tttttaacccttctggatttccgtttcctttctgtaaaatgaggagcttggaagatctg
tgttaaaaacctgcattgccaacattgcagctcgaacttaaacttgttattcaaataaat
atttaatttttaaa
::::::::::::::
hmd4c10.seq
::::::::::::::
ctaaaatgcgccggcaatgaagatatcattacactaagggccgaagataacgcggatacc
ttggcgctagtatttgaagcaccaaaccaggagaaagtttcagactatgaaatgaagttg
atggatttagatgttgaacaacttggaattccagaacaggagtacagctgtntagtaaag
atgccttctggtgaatttgcacgtatatgccgagatctggtctagttaacctagaagtat
ttttgtctcttagaaatacttgtgatttttataatacaaaaagggtcttgactctaaaat
gcagttttaagaattgtttttggaattttaaataaaaggtcacttgaatttcaaaccatc
caaa
::::::::::::::
hmd4c12.seq
::::::::::::::
gtgtgtaatgatgcctcctgggagactcgtttttattggcacaagggactcctgggttga
gtaatgcaacagtggaatggcatattccagacactgcccagcctggaatctacagaataa
gatattttggacacaatcggaagcaggacattctgaagcctgctgtcatactttcatttg
aaggcacttccccggcttttgaagttgtaactatttagtgaaaagttgatagatccacta
ccggaagaagaaacagctcatgaggctacggaaacaggccgagaagaacgtggngaagca
aattgacaaatacacagagggtcctcaagacccaccggactcctggtctgaagcccaatt
aaaggccttgttaatttcctcaaa
::::::::::::::
hmd4d04.seq
::::::::::::::
ggacgtgccctgtccatgaatctccatcaggaattgacacctcagagacttctcccaaag
cccctagagggggtttggctaaagacagtggaacacaggccaagggtccagagggggagc
agcagccaaaggccgcagaagctacggtgtgtgccaacaacagcaaggtcagctccactg
gggaaaaggttgtcctgtggcaagggaagctgaccgtgtgatccccgtggactgacctag
ctatcatatctgtatcatttacatgtattaatctatctctgtgtatgtaacactttatgt
aaatagagtattggcgtctgtccttttgctcaa

::::::::::::::
hmd4d06.seq
::::::::::::::
gaccatatgatttgctgtccaagctgggacaccttcaagaataaaataaatatttaataa
gtttgtccagacaatgtatgtaaaacaggcccatgtggaaaaaaacaagtatcttcatcc
ttgctcangttcacagatctatacactgaaa
::::::::::::::
hmd4e11.seq
::::::::::::::
caaaaagactggtcaactggntttccattcccagaaaccaggaaattcctgaaactaagt
tttaaacctggcaactcttttaccatccctttgtatttttccagttcctccctataccag
cttccttacagctgtcctgatttcctgtngtgtctgagctgggtgaattccagcctgggg
agaggactttaatcctccactccagagcacctgagaaggccgggcccagaggccctgtgt
gatgtgtactccgcagctgtttggggtgggacatttctgtacttctngntttgcttatgg
ctcagcattacctgtgtcagtccatgattctgttgtaacagttttaagggtaaataaata
aaggctgcctgantgtccccaaa
::::::::::::::
hmd4f02.seq
::::::::::::::
gccaggtatggtggctcacgcctgtaatcccagcagtttgggaggccaaggtgggcagat
cctctctgtggagcttgggaaacagaagaaa
::::::::::::::
hmd4f06.seq
::::::::::::::
gtttgccgccagaacacaggtgtcgtgaaaactacccctaaaagccaaaatgggaaagga
aaagactcatatcaacattgtcgtcattggccacgtagattcgggcaagtccaccactac
tggccatctgatcgactacagagtactttttcttatgatgattggtgtagaaatgtgtg
atttgggtgggcttttacatcttgcctaccattgcatgaaacattggggtttcttcaaaa
tgtgtgtgtcatacttcttttgggngggggttgttttctx
::::::::::::::
hmd4f09.seq
::::::::::::::
ccgcggcggagctggaactcctgcagctgctgccgccgccggaggaaccttaatcaagtg
gctttccctggnacctgcccagctttaaaaatctnttctaatccaccctctggcacccag
cctctaagggaaggagggatggggcatagtgggagacccagccaagagctgagggtaagg
ncaggtaggcgtnaggctgtggacattttcggaatgttttggttttgtttttttnaaacc
gggcaatattgtgttcagttcaagctgtgaagaaaaatatatatcaatgttttccaataa
aatacagtgnctacctgaaa
::::::::::::::
hmd4f10.seq
::::::::::::::
gnagcgggccaggagctgctgggctggagcggcggcgcgcaatgtccgacagcaagaagc
tcaacctggactcgatcctaatgatatttggcagctgtcctccagtcttaaaaggtttga
tgacaaatacaccttgaagctgaccttcatcagtgggagaacaaagcagcagcgggaagc
cgagttcacaaagtccattgctaagtttttnaccacagtgggacactggtcatggatgc
atatnagcctgaaatatccaggctccatgacagtnttgccatagaaaggaaaataaagta
gccanttctnaaagtaaa
::::::::::::::
hmd4f11.seq
::::::::::::::
gtttagtgaagaagagggctcttattgcaggaggtggtgctccagaaatagagttggccc
tacgattaactgaatattcacgaacactgagtggtatggaatcctactgcgttcgtgctt
ttgcagatgctatggaggtcattccatctacactagctgaaaatgccggcctgaatccca
tttctacagtaacagaactaagaaaccggcatgcccagggagaaaaaactgcaggcatta
atgtccgaaagggtggtatttccaacattttggaggaactggttgtccagcctctgttgg
tatcagtcagtgctctgactcttgcaactgaaactgttcggagcattctgaaaatagatg
atgtggtaaacactcgntaatcctgggntaactgactagcaccattatggntcaccttgg
gggttccttgcttgggagx
::::::::::::::
hmd4f12.seq
::::::::::::::
gatcctggggcaacccatctggtctcttgaataaaggtcaaagctggattctcaaa
::::::::::::::
hmd4g05.seq
::::::::::::::
gatctagcatattgttaattgaagctagatttcaattacactgagaaccttatctattta
aa
::::::::::::::
hmd4g08.seq
::::::::::::::
ggcggtgctccgagctggcctttgggggaggttttgtgcgaggcatttcccaagtgctgg
caggattgtgtcacagacacagagtaaacttttgctgggctccaagtgaccgcccatagt
ttattataaaggtgactgcaccctgcagccaccagcactgcctggctccacgtgcctcct
ggtctcagtatggcgctgtcctgggttcttacagtcctgagcctcctacctctgctggaa
gcccagatcaggacagagacttgggggccatcctgcccntccaacccgacatgtgtacct
nagctttttccctcacttgcatcaataaaggcttctgtgtttggaacaaa
::::::::::::::
hmd4g10.seq
::::::::::::::
aaaaacatatgaaaaaacctcatcagttgggcgcggtggctcacgcctgtaatcccagca
ctttgggaagctgaggcagttgtggtggtgggggcctgtaatctaatatccagaatctac
aaggaacttaagcagatttncaagaaaaataaaccatcagaaagtgggcaaaggatatga
ncagacacttcgcaaaagaggccatttatgtctgtggtctcagctactcgagaggctgag
acaggagntttgcttgccctnggacgtggatgttgcagtgagccaagnttgcgccactgc
actacagcctgggcgncagtgtnngncttngcntcaaa

::::::::::::::
hmd4h01.seq
::::::::::::::
aaaaatgatatgcaatagtctctgtgtgtgtttgaaatacattgtgttctcagagatttc
tacattctcacgttctagtgatttggggcatgggcttaatagcagatgtacagtgtattc
ctgcattattgtnattccccttaaagcccagttcttgctgtcttctaccaggggctgctg
actccagttacccatggaatgcaggacctgggaggggtagccattagggtctttnaaaac
tctttggatcttactcctttcctgtccccctgtacaaaacacttncctaacccancttgt
ggttttagggccagccaaagctcactgttgntgggaaagtcctaatcactacacgggtct
gataagtnngacttatttganctttggnacattgngcgcctntx
::::::::::::::
hmd4h04.seq
::::::::::::::
aagacttcagggattacataaacctgtgtaccatgcactgagtgactgtggggatccagt
ggcaattgtaaaactagctatttatggcatgctgccaaaaaaccttcacagaagaacaat
gatggaaaggttgcatctttttccagatgagtatattccagaagntattcttaagaattt
agtagaggagcttcctcaaccacgaaaaatacctaaacgtctagatgagtacacacatga
ngaaatagacgccttcccaagattgtggnctccacctgaggnttatcggctataggx
::::::::::::::
hmd4h05.seq
::::::::::::::
cacaggtgtcgtgaaaactacccctaaaagccaaaatgggaaaggaaaagactcagtatc
aacattgtcgtcattggacacgtagattcgggcaagtccaccactactggccatctgatc
gccgttctggtaaaaagctggaagatggccctaaattcttnaagtctggtgatgntgcca
ttntngnnatggtngctngcanngccatgtgtgttgagagcttctcagactatccacctt
tgggtcgctttnctgttcgtaatatgagacagncagttgcggtgggtgtcatcaaaagca
gtggacaagaaggcttctggagctggcaaggtccaaccaagtctnnccagaaaagctx
::::::::::::::
hmd4h07.seq
::::::::::::::
ttgaaaaacaaccaaccaatcaactttctcttctacctatggaaagaatggtaaaaatga
atcaagaacttctaggtctttttcataaaacagcttaaaangnggaaggcgaagactggg
gagggggtacaactcttgctaatggaatgctatactgcacaaggtcaaggntttantaaa
ttcctaaaagtgtctacatatctcngtggtaactgtnttattx
::::::::::::::
hmd4h08.seq
::::::::::::::
ggcgtgatgtctcacagaaagttctccgctcccagacatgggtccctcggcttcctgcct
cnnangcgcagagcaggcatcgtgggaagntgaagagcttccctaaggatgacccatcca
agccggtccacctcacagccttcctgggctacaaggctggcatgactcacatcgtgcggg
aagtcgncaggccgnnntcctaagcgaagatgatttaantncatcaaatcatcattanct
gnctttantnnattattttcacagngngcattgnaactgx
::::::::::::::
hmd4h10.seq
::::::::::::::
tgctggaggactgcttcaccttcctgggcatcttcctggccatcatcctcttccccttg
ggttcatttgctgttttgccttgaggaagcgacgatgccccaactgtggagccaccttcg
cttaaagggaacaccaggcccgggctttcctacacccagctctcttttctaatgtaaat
gttgtgtacaatagttttatttgattaagcttcaggactgttttgtaaagcgaggtggga
ccgatgtggcacacgccagctgcggtttcccggagcgtggagaggcagtnctgctgctcc
cgcccgaggctcatgacaactcaataaagcactgcttttaatttttgcagtcttcaaat
ttgaggaaaggtgagaaataatgttttccaataaaatggggattcntaccnttaaa
::::::::::::::
hmd4h12.seq
::::::::::::::
gttttaatgaattccaattataccttacatctgcaaatatattccctctttattattcag
ggactccaaaccacaaacattcagtgcaatatttatcgtttcttatttccgtagaaacac
agaaccaatgatgtcttctgacaactgtttcctgatggttgagcaacagtctccctttgc
tttattttaaagtactttnntnaacttgctgatgtaaggtataattggaattcattaaaa
ctngaggatcgcgagcggccgctctagaggatccaagcttacggacgcgtgcatgcgacg
tcatagctcttctatagangcacctaattcaattcaactggcccx
::::::::::::::
hmd5a03.seq
::::::::::::::
gaagcagagcacctggnttggtcccgaagcctccaaccacctgcacgcctgcnagggcct
ctttggggcagccatgaagtccctcgtcctgctcctttgtnttgctcagctctggggctg
ccactcagccccacatggcccagggctgatttatagacaaccgaactgcgatgatctaca
ttaatatcaagttcttgactccctacttcccgtnattcctcacaggacagaagcagagtg
ggtggtggttatgtttgacagaaggcattaggttgacaacttgtnatgattttnacggta
agccaccatgattgtnttctctgcctctgggttgaccttacaaaaaccattggaacctgt
gnctttgaaagggtgcttcttgnctaaggcttaatatgtggcctgntaaatggaaaggt
gccctnaanggnccttcccttaataaagggagggtttaagctgaaa
::::::::::::::
hmd5a09.seq
::::::::::::::
aattttctttctcttcctgagtaattgaaataaaatctggcccttgtgaaaccctggaaa
tcttaagtctgttgaaataccaggttaaacacattccaagagatcaacacaaagcacaat
gattactcgaaattcagtatttncaaatttacatatttaaagtcatgcaagctgtaactt
ccctgtcaaaattactggctgccaaatttatacctgtttcttcagctgtacctttgata
tttaaagtttttaaatttctgtaaagtagattttgtagaatgtaatgtgttcactgcctt
tgtgaagcggtatataattgtataattcctgtgtgtaaactggaatgcttgggctttcaa
tacagtnttcatataaggncattanctattaatggtatggcaaa

::::::::::::::
hmd5b03.seq
::::::::::::::
actgggttggtcccgaagcctccaaccacctgcacgcctgcnagggcctctntggggcag
ccatgaagtccctcgtcctgctcctttgtcttgctcagctgtggggctgccactcagccn
nacatggcccagggctgatttatagacaaccgaactgcgatgatctacattaatatcaag
tcttgactccctacttcctgtaattcctcacaggacagaagtagagtgggtggtggttat
gtttgacagaaggcattaggttgacaacttgtnatgatttaacggtaagccaccatgat
tgtnttctctgcctctggttgaccttacaaaaaccattgggactgtgactttgaaaggtg
ctcttgctaagcttatatgtgcctgtnaatgaaaggtgcctnaaagacctttccttaaat
aaaagagggttcttaggttgaaa
::::::::::::::
hmd5b04.seq
::::::::::::::
acgaaactggaataagccttcgaaaagaaattgtccttgaagcttgtatctnatatcagc
actggattgtagaacttnttgctgattttaaccttgtattgaagttaactgttccccttg
gtattaacgtgtcagggctgagtgttctgggatttctctagaggctggcaagaaccagtt
gttttgtcttgcgggtctgtcagggttggaaagtccaagccgtaggacccagtttccttt
ctnagctgatgtctttggccagaacaccgtgggctgttacttgctttgagttggaagcgg
ttttgcatttacgcctgtaaatgtattcatcctaatttnatgtaaggtttttttttgtac
gaaattctcggtttttgaaggggx
::::::::::::::
hmd5b05.seq
::::::::::::::
ggacntgggaccgcanttacaacanaggagactccacatttaaaagcaagggatcaaaan
tggcagatgaggccggaagtnaagccgatcatgaaggaacacatagcaccaagagaggcc
atgctaaatntngccctgtcagaggtatccacacttctcctttggggaagccttccctgt
ccccctagactaagttaaatatttntncacagtgttcccatggccccttgcatttccttc
ttaactctctgttacacgtcattgaaactacactttttggtctgtttttgtgctagact
gtaagttccttgggggcagggcctttgtnctgtctcatctctgtattcccaaatgnctan
cagtacagngccatgnctcaantaaatacangttaaatgggaaa
::::::::::::::
hmd5c03.seq
::::::::::::::
tccaagcataaaagaacggacagatctgtaatagcatattgtagatgcactttgcagcag
ttggaaaagaaagtgttgtgtgatttgattgaaataaaactaaatgtgttgtcctcctaa
a
::::::::::::::
hmd5c04.seq
::::::::::::::
agtcattccagaaggccctggaaaagggcattgaaatcttgactgacatgtctcgacctg
tggaactgagtgacagagaaacttgttaaatagtgcaaccacttcactgaactcaaagg
tggtttctcagtattcaagtctgctttctccaatgagtgtaaatgcagtgatgaaagtga
ttgacccagccacagccaccagtgtagatcaccttggtgttccttgtttggaagattatt
tcctctgaatttctgggcttggtcttccagttggcatttgcctgaagttgtattgaaaca
atttaatggaaaatattaaatatttggtttcaaaaggcagatttatcttctcccaacatt
ctgttatttctgatacttttggaaacctaataaaaacttgtnaaaggagcgtaaa
::::::::::::::
hmd5c06.seq
::::::::::::::
gccagataagatttcaggagctgatattaactccatctgtnaggagagtggaatgttggc
tgtccgtgaaaaccgctacattgtcctggccaaggacttcgagaaagcatacaagactgt
catcaagaaggacgagcaggagcatgagttttacaagtgacccttcccttccctccacca
caccactcaggggctggggcttctttcgcacccncagcacctctgtcccaaaacctcatt
cccttttcntttacccaggattggtttcttcaataaatagataagatcgaaa
::::::::::::::
hmd5c10.seq
::::::::::::::
cttggggatttntttaaaaacataaagtnctttacatcacagccatacgttaggttttag
ttttnatttgctttgccagagctgtccttataaaaataacttcttcccatgtgtgcacag
aactatgttgtgcttctggactccacactccccagatcctgctggaaaccacggcaacct
gtatccactattaggaggtaaaaatcaataaaatggcccattcatttgtgttgtagctca
aa
::::::::::::::
hmd5c12.seq
::::::::::::::
cgatggttagtttctgcaacttgtgttgggactgctgataggaagatgtcttcaggaaat
nctaaaattgggcaccctgcccccaacttcaaagccacagctgttatgccagatggtcag
tntaaagatatcagcctgtctgactacaaaggaaaatatgttgtgttcttctttnaccct
cttgacttcacctttgtgtgccccacggagatcactgtaaatgacctccctgttggccgc
tctgtggatgagactttnagactagttcaggccttccagttcactgacaaacatgggga
agtgtgcccagctggctggaaaacctgggcagtgataccatcaagnccttnntgtccaaa
aggagcaaaggaattattttctcccaagcaagaagtnagcnctgggctgtttttaagtgc
cnagactgcgnttgggcagccattgggggnccaaaacctattnctgcantttttttttcct
ttaggtaaccacagcx
::::::::::::::
hmd5d02.seq
::::::::::::::
cggagctcgtagctgcagctttggaggagtaagcggcgtggtagcgaaggtcgccgaacc
cgcctggctagccggcgagttgagtggcgactcttttgaaacagatggtcaccatgttta
gatattagcagtcccgtatgtgcatgtctgcatttgaaaatggaagagggaaacaacaat
gaagaggtaattcacttgaacaactttcactgccatcggggacaagactttgtaattttn
ttctggaaaacccagattatccaaagagagaagccagaatcattataaatcccagtagca
gtctgctggccagccaagatgagcaaaagttgcctaaaataaggctttttgnctattct
aaattgnctcctcttgaccaggactgnttcatccaagctgctgacctcctcatggccggc
tttcaaagtgctcaggtggnagggcatcatgtgggcctnnacggggttaaagggcccttt
tgcatncccngaanggctttntngtngccttaaaantggnagggggtttncccggaaccx

::::::::::::::
hmd5d03.seq
::::::::::::::
ccatggatgatattagtcaggaagagggtagctcccagggggaggactcagtgagtggtt
cacagagaatttccagtatctatgcacganaggccctcattgagattgactacggtgatc
tgaggtctaacattgttatcctatatcattttcatcccaagtagtgatatctgtnaaatc
acaggtttgatgtgtgctaattatgtattcttctaatacatattaaaaggcataactatc
aaaacaaa
::::::::::::::
hmd5d04.seq
::::::::::::::
gccagcattaacctcaagaacgccaagccaagtttttttnacaaatgtnagccaaggttt
ccgaaaaactagcagatatgactgtaacttacaaaatggaaaaagtaaacgagaaacaca
atttgatatgatttaataaaagatttgtttccaccacttctcctgggaacctcagcacat
ttcctttccactgacagttattatctctacctttattgaacaaaggcacccggaacacag
ctgctgaggatccgcaagaacaagtaccgcccgacctgcgcatggcagccatccggaggc
ccagcggcatcctgcgnagccnagaagcctgtgatggtgaagaggaagcggtccngccca
accaagagctccttgaggcccctggccccaggggnataaagntgagntgggtttttttac
cttaaa
::::::::::::::
hmd5d05.seq
::::::::::::::
aaacggtggacacaagcgaaatggtcaacggcgctacagaacaaaggacgagctctaaag
agtccagccccatcccctccccgacctctgatcaaagtagaagcctttgataatgaattt
naggccacgcaaaaactttcctcacctattgacatgacatctaaaagacatttcgaactc
gaaaagcatagtgccccaagtatggtacattcttctcttactcctttctcagtgcaagtg
actaacattcaagattggtctctcaaatcggagcactggcatcaaaaagaactgagtggc
aaaactcagantagtttcaaaactggagttgttgaaatgaaaggcagtggcttacaaagg
tttcttgnccaggggacttgtattttgaggcgggggttagcaacctttntcttccagnggg
ttgtctax
::::::::::::::
hmd5d06.seq
::::::::::::::
aaagaccaaaagtgactggtgtctcgtgtgacagnttgcttcatttatgtttctacatag
taaggtgactgccaaataatatttgaagtcatctgtctctttgtaaattattttatatga
cctataaatttaaaaatgtttttcagtgagtgcttttaacaaacttaagcttctgccctg
ccaagggaattaatgttatcttgtgaaaggtgttgctgtttgaattgatgagaaatggaa
gatgagaactccctaagagttctcataataaatcatctcatcacaaatcaatacggtata
cacagttaaagtggattgagggtaaganggtacagctacaggaaattggttgcgtgtatg
gggggcccagtccattggtaatttgggtaggttttggttaattaaatantttttaaatc
cttgcttttcagnaatttncccggattgtgttttaaccaattaagggaaaattacttx
::::::::::::::
hmd5d07.seq
::::::::::::::
gatcgccgttctggtaaaaagctggaagatggccctaaattcttgaagtctggtgatgct
gccattgttgatatggttcctggcaagcccatgtgtgttgagagcttctcagactatcca
cctttgggtcgctttgctgttcgtgatatgagacagccagttgcggtgggtntcatcaaa
gcagtggacaagaaggctgctggagctggcaaggtcaccaagtctgcccagaaagctcag
aaggctaaatgaatattatccctaatacctgccaccccacttcttaactcagtggtggaa
gaacggtctcagaacctgtttnnttcaaattggccatttacgtttaggtaggtaaaggcc
tggttaattgataacaatgcatccggaaaaacttcncganggccacggngaatgnttttn
tggggccnccttx
::::::::::::::
hmd5d08.seq
::::::::::::::
agtgaggaaatccagcagcagatcagtgtggaggacccgccccagcgcacggccggcgtc
aaggtggagaccactgaggacctggtggccaagctgaaggagattgggcggatttgagcc
cctcccagagatggcaataaaactgactctcaacaaa
::::::::::::::
hmd5e01.seq
::::::::::::::
gccaataacaaaataactagcaaccatgaagtgggtggaatcaatttttnaatttncct
actaaatttnactgaatccagaacactgcatagaaatnaatatggaatagcttccatatt
ggattcnnaccaatgtactgcagagataagtttagctgacctggctaccatattttttgc
ccagtttgttcaagaagccacttacaaggaagtaagcaaaatggtgaaagatgcattgac
tgcaattgaggaaacccactggngatgaacagtcttcagggtgtttagaaaaccagctac
ctgcctttctggaggactttgccatgagnaaggaattttggngaagtacggcattcagac
tgctgcagccaaagtgnngngggnngcataacctgttttcttgcacacaaaaaggccann
tccangattcggtcttgtgccaagctnaggggtntngcgttgnaacggttgax
::::::::::::::
hmd5e10.seq
::::::::::::::
ccctgctgctgctgccccagcgtcttgacgggagcattggcccctgagcccagagaagct
ggaagctgccgaaaacaggagcagaggggagtgttttnggcctttaaacccgnntnncga
anacx
::::::::::::::
hmd5e12.seq
::::::::::::::
cctttccaagggagtggttgtgtgatcagtgttgaagaaagtgcaaaaggaactttnata
tatttaacagtgtaggaaattgtctattcctgatataattnctgtagtactcttgcttaa
ggcaagagtttcanatttnctgttgaaataaacccaactcttcatgaaa
::::::::::::::
hmd5f04.seq
::::::::::::::
cttttggtgattttaactgctttgtttctttcagtgtttcaatgcatcaaagctactgac
atctcatggcatgggcatccaggttccgctgaatgcaacagagttcaactatctctgtcc
agccatcatcaaccaaattgatgctagatcacctgnaatttggggttttaatatcatgtc
acactgcttgggaagaggtcttgggttcatttatgctgcttagaaacctnantactgntg
cattcttnttgataagtgaagctnggntaggctctgctatagcgtagggtctcaattx

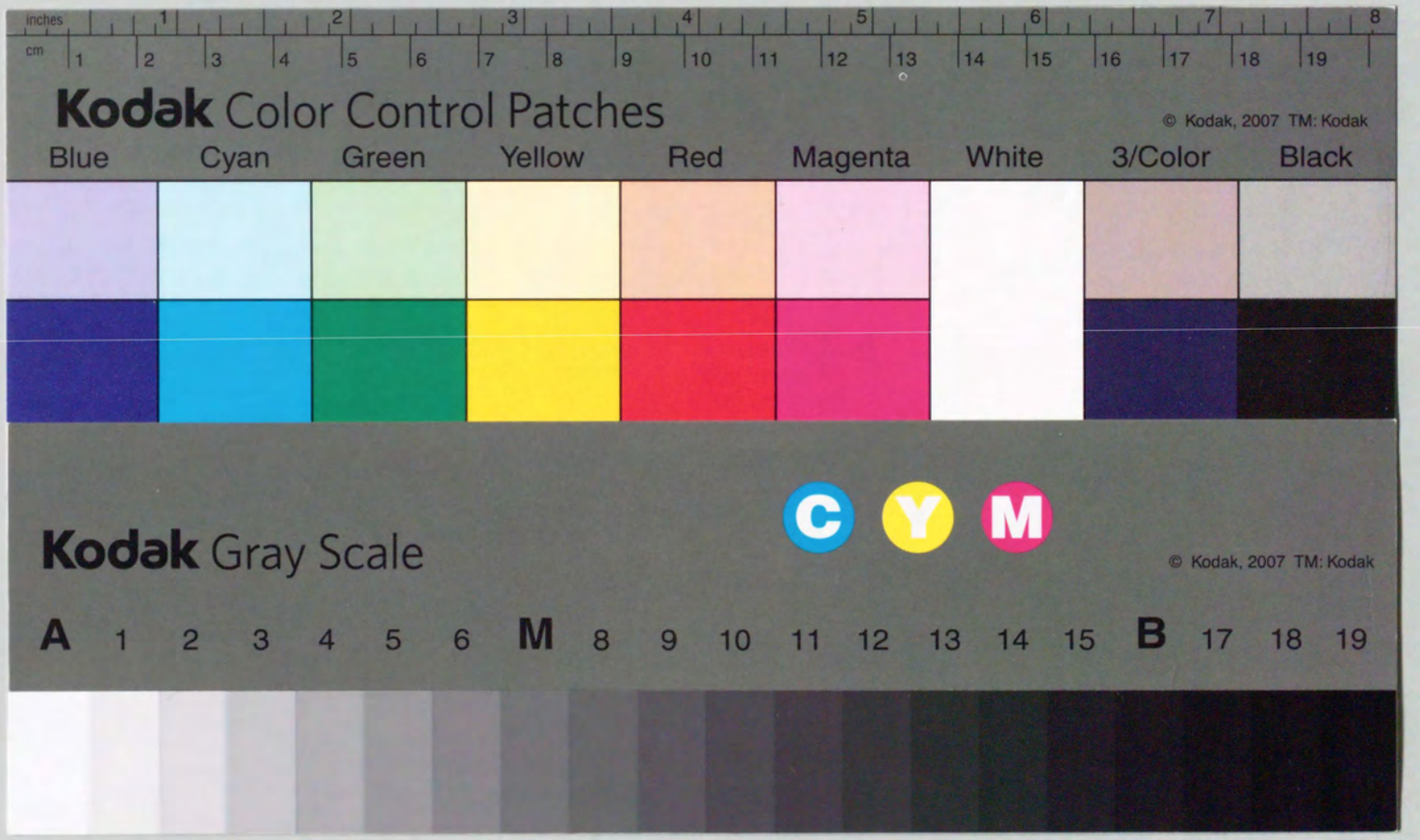
::::::::::::::
hmd5f07.seq
::::::::::::::
ataatctcgtgtgtgtagctttgggaaatttggaaatcagagagatcttggatgtacatt
tatgtatactttgagaaaaagggttttaggttgatttttgtaatttcccacatttgtaca
tgtgcttttaaaggtgtacataaagcttcaaatggcaatgaatatttatttttatacaaa

::::::::::::::
hmd5f08.seq
::::::::::::::
ggacggnactcaacgcttcnntataaaagtcataatctatcaaaagtttttttattggat
ggcattaaaacatttttaaggcagttgtctaatatgaccaataatctaaacaatatattc
cttaaattaagaggaaagncaagtntcgtatttcgatcacggggtgggngggancctngg
cgtccctgcntggggcccatggntgagacactccagtnctnagacctagcgtccax
::::::::::::::
hmd5g04.seq
::::::::::::::
caagactgtctcagataaacaagaaattggacaacaaagtattggngagaatgtgggggg
tcaataatctcacattatcgggggnntataaattgttaccancactggnaaaaccattca
gcattgnntatantngttgnccttttx
::::::::::::::
hmd5g08.seq
::::::::::::::
cnttattnttggnggngtnatttggaaaactataggctggaaactcctatctntttcatt
aactatgtatggngctttgtatctttatgaaagactganctggaccacccatgccaagna
gcgagcctttaaacagcagtttgtaaactatgcaactgaaaaactgaggatgattgtnag
ctccacgngtgcaaactgcagtcaccaagtaaancaacaaatagctaccactttngctcg
cctgtgccacaaagttgatattactcaaaancagctggnagangaantttgctagnttac
cccaaaggnantaggx
::::::::::::::
hmd5g10.seq
::::::::::::::
actagagacaactcataaacacaggttgacagtacaanctgtatactttnanctatgaga
caatttgaaggaaaggcacaattatcatgaggttatataaagctaatgtgttatatttgg
nctaaaggncaatgggctaatataaaggagaggttcatgatgaaatattatattancctg
gcagctgtctacaatatggnctaacatcaggagaagcacaatattaatactaacactaat
aatatcaaacacagaccactactaaggtgtcaaggctgantatnanccntttncntatx
::::::::::::::
hmd5g12.seq
::::::::::::::
cctccctaccatggacccccgcaaagtgaacgagcttcgggcctttgtgaaaatgtgtaa
gcaggatcaccttatggatgtcgcaataatacaaaccagtgtacctctnaccttctcatc
aagagagntggggtgctttgaagataatccctacccctctcccccaaatgcagctgaagc
attttacagtggtttgccattagggtattcattcagataatgttttcctactaggaatta
caaactttaaacactttttaaatcttcaaaatatttaaaacaaatttaaggggcctgtta
attcttatattttcctttactaatcattttggattttntcctttgaattattggcaggga
atatacttatgtatggaaggttacctgctctggagtgaattaaaagttattnggtgcggg
ggcaacntttx
::::::::::::::
hmd5h02.seq
::::::::::::::
tacacgaaggcctcctggttggacgagccgttaattttaaggaagagtttgtaatcctcc
tgcctctnctgcagctgccgctccagctggcgccggtagcagatcggcaagccccacact
gtcccttgcaaggtgacaggccgctgcggctctgtnctggtacgcctcatccctgcaccc
aggggcactggcatcgtctccgcacctgtgcctaanaagctgctcatnatggctggtatc
gatgactgctacacctcagcccggggctgcactgccaccctgggcaacttcgccaaggcc
acctttaatgccatttctaagncctacagctacctgacccccncgacctctggaaggagac
tgtaattcaccaaagttttccctattcagggagttcacttgaccaccttngtaaangncc
ncaacagagtttncggtgnagnggactnaggntnnaagctggtgggtnanancataggggg
tttttntcaaggaaantaanggtggctttangggngaa
::::::::::::::
hmd5h03.seq
::::::::::::::
gggagattgtncgggaacaagggctgaaggggacgtaccagggcctcacagccactgtcc
tgaagnagggctcgaaccaggccatccgcttctncgtnatgacctccctgcgcanntggt
accgaggggacaaccccaacaagcccatganccntctnatcatttatnaataacaatctg
aagtcttttcataaaaaaanttaataaactttagttgtacatttagccagtnttatttga
agtatgtaacttttaaaatattaggtgtcttgtatgattagaatatgtgaatgngtaact
tattttgtatcaggaatgttttggtactgtgttttcactcaaaaccnactgnccttaaca
ggatacttgctgtgtatancattgtcctaaaatattacagttatttgggx
::::::::::::::
hmd5h04.seq
::::::::::::::
caaaatcaggaaactnacattggcacaatactcatgtaggatttnatctggaagtagtta
ctatcaaaatgaactnaggtgctacttttccaaattaatttagaaattaattttggcctt
ctggcatgtttgtaaaaagctaataaaactctaaaaatatgttgtcaggctgggcatggt
ggctcacgcctgtaatcccagcactttgggaggccgaggcgggcggatcaaccgttaata
acatgcttctgagctatgtggatgtataaatgaaaacacccccaactaggtattgtagag
gctggaaaaagatgtgatgggattatacaggtgatgcatatttttgttttgagnctcaac
aatgtgctaccaaatgtgnatacttaccctgnnctgcatgtattggggttgtttttttaa
aagggx
::::::::::::::
hmd5h09.seq
::::::::::::::
gtgccactgaagatccacatctcaaagaagtggggcttcaccaagttcaatgctgatgaa
tttnaagacatggtggctgaaaagcggctcatcccagatggctgtggggtcaagtacatc
cccagtcgtggccctctggacaagtggcgggccctgcactcatgagggcttccaatgtgc
tgcccccctcttaatactcaccaataaattctacttcctgtccaaa

::::::::::::::
hmd5h11.seq
::::::::::::::
ctttaaaatactcagaggacaggatctctactaccacaaggaaaatagtttaggagaaac
cagcttttactgtttttgaaaaattacagcttcaccctgtcaagttaacaaggaatgcct
gtgccaataaaaggtttctccaaa
::::::::::::::
hmd6a02.seq
::::::::::::::
gtttatacggnagctgatcagatatacganaacgccatgattgctgctggacttgttgac
gaccctagggccatggtgggccgcttgaatganctgcttgtnaaggccctggagcgacac
tnacagccagggggccagaaggactgacaccacagatgacagccccacctccttnagctt
tatttacctaaatttaaaggtatttcttaacccgaaa
::::::::::::::
hmd6a04.seq
::::::::::::::
cagcgcaggccgggaagcttctgcnagccctagcgctgcggccccgcttcctggcggccg
ggtcccaggcagttcaattaacctccagaagatggctgaacctgcaggaataccagagca
agaaactgatgtctgacaacggagtangagttcaaagattctttgtagcagacactgcaa
atgaagctctcgaggctgctaagagactaaatgcaaaagaaattgttttaaaagcccaga
tctatgtggtgaaaatgcacaggagcttggtagactgcggggaaagagagagctcctttc
gncatgttttaccagtcgtggtgntataaccccgttaggttgtattcctttaatttccca
gccctttx
::::::::::::::
hmd6a05.seq
::::::::::::::
gttctaattcttcatctctcttgataaaccttcacagctttcgtatttggcttctgcttc
tgcaactacccttagcattattcaccaggatttcattcccttctgtncttatttnacat
ttcctttttcctttttttttaagatggagtttcactcttgtcgcccaggctggagtgcaa
tggcacgatctgtgagaaaataaattnctgttgtttaagccaaa
::::::::::::::
hmd6a06.seq
::::::::::::::
gcaagcagctgccagggctcatcgcattggccaaaacaagtctgttaaagttattcggct
gattggtcgagacactgtggaagaaatagtctataggaaagcagcctccaaactgcagct
caccaacatgatctggtgggcctcagaaattntntctttnctnagtttcagtttggttct
cctggatgttttgctctgttttggtacctgtaatatagggaaacacaactttttttggga
aagccctttgaccccagcttgctagttgcataataataaatttcntgttcctaaa
::::::::::::::
hmd6a08.seq
::::::::::::::
ggacgngnnnntncaaccatggatgaaaatncgaaaatggngtaatcagtaatacaaggn
ttatttcancaagggttgatgggtattgaagttgacccagaatatggaggcacaggagct
tcattttnatccactgtnctcgtgatagaggaattagccaaagttgatgcatctntggct
gtcttttgtgagatcagtcataattaanttacctgcattatagggtttataaaattttna
tatttnncaatgttcagttctaactagtggaaagttactctagctttttaaaaggctgtt
tacaaatnctnnggtaaaantaggggcagtatcctncncagggtttgngtaantgttnag
ggggtaax
::::::::::::::
hmd6a10.seq
::::::::::::::
ggacngnantagcnctggagtcctaggcacagctcgngggnttcntatncnanccgagct
gggccagccaggcaaccttntaggtaacgaccacatctacaacgttatcgtcacagccca
tgcatntntaataatctncttcatagtaatacccatcataatcggaggctttggcaactn
actagttcccctaataatcggtgccccccgatatggcgtttccccgcataaacaacataag
cttctnantctnacctncntctntcctactcctgntcgnatctgctatagtggaggccgg
agcaggnacaggttgaacagtntacctcncttagnagggnantactcccancctgggggc
tncgtagnccttaccatttttttncttanaactaggaggntttcctntatnttnggggcat
anatttgatnaaaanaattttaattttaaaax
::::::::::::::
hmd6a11.seq
::::::::::::::
catttatgagaggatggttccacccaggccagacagcctgacaggcttacggagttccta
tgctagtcagcatagtcagcttgggcaagaccttcgttctgccgtgtctcccgacttgca
cattactnctatatatgaggggaggacctattacagcccagtgtaccgcagcccaaacca
tggaactgtggagctccaaggatctaagatggcccggcgcggtggctcccgcctgtaatc
ccagcactttgggaggccgaggcgggcgnatgcgttgaggtcngggagttngagtcccag
tctgtactaaaaatacaaaattaggccanacaaggntggngcatgctataaattcccagg
tantnagggagx
::::::::::::::
hmd6a12.seq
::::::::::::::
cacaggtgtcgtgaaaactacccctaaaagccaaaatgggaaaggaaaagactcatatca
acattgtcgtcattggacacgtagattcgggcaagtccaccactactggccatctgatcg
ccgttctggtaaaaagctggaagatggccctaaattcttgaagtctggtgatgctgccat
tgttgatatggttcctggcaagcccatgtgtgttgagagcttctcagactatccacctt
gggtcgctttgctgttcgtgatatgagacagacagttgcggtgggtgtcatcaaagcagt
ggacaagaaaggcttcntggagctggcaagggtcaccaaggtcttgcccagaaaagctnc
agaaggcttaaatggattatnatcccctaaataccctgcx
::::::::::::::
hmd6b01.seq
::::::::::::::
agaaaatatagttagaggaagaggactgctgtccaggtctgttttgcaagcacagagtct
tctccaatcttcacccatgtttatgcagcattagtggcaattatcaactcaaaatttcca
caaattggagaattaatcctcaaaaggttaattcttaattttcgaaaaggctatcgaaga
aatgacaagcaactttgcctgactgcttcaaaatttgtggcgcatcttattaaccaaaat
gtggcacacgaagttttatgcttagagatgctcactttgctcctggaaagnccaacagat
gatagcgttgaagtagctattggttttcttaaaggaatgtggcctcaaaatttaaccacc
aaaggtgtcacccaaggaggggatcaatgctatattttgancggcttcgaaacatttctg
aattgagctngaanttgcccnaaaggggtcx

::::::::::::::
hmd6b02.seq
::::::::::::::
caagttagtgacagatcctgacactaaggaaatgctgaagcttttggacttcggcagtct
gtccaaccttcaggtcactcagcctacagttgggatgaatttcaaaacgcctcggggacc
tgtttgaatttttnctgtagtgctgtattattttcaataaatctgggacaacaaaaaata
aa
::::::::::::::
hmd6b03.seq
::::::::::::::
gtgcttagcatccgtncatgaaaccaaatnatgtgatacgataaataggatgtnatatga
taaatnataaatagtacagtggaaaagcatcctactggaagaccatatctnactctgtna
catcttccaaggcagttcttggagttggcccagggagatcacgccactgcactccagcct
gggcgacagagcgagactccatctcaaa
::::::::::::::
hmd6b05.seq
::::::::::::::
aatgaagtgggtaaccttnatttccctttcttttctctttagctcggcttattccagggg
tgtgtttcgtcgagatgcacacaagagtgaggttgctcatcggtttaaagatttgggaga
agaaaatttcaaagccttggtgttgattgcctttnctcagtatcttcagcagtgtccatt
tgaagatcagaaagaaacctttgtagcaatatcaagaatctagtttcatctgagaactt
ctgattagctctcagtcttcagctctatttatcttaggagtttaatttgcccttctctcc
ccatcttccctcaagttcccataaaaccttcattacacataaagtacacgtgggggtcag
tgaatctgcttgccttcctgaaaagttctgggcttaagattccagctctggttcattaac
ntataggcaccgtgtccaaa
::::::::::::::
hmd6b06.seq
::::::::::::::
gtcagcagcggatgtcccctccaggttaagaaagccgaaccagagccgatgcgagaggag
gagaaaataattcctcctacgaaacctgaaattcaggccaaggctccaagtagtctgagt
natgctgtcccccagcgagcagatcggcctggagccagtgcccaagtacggtttggtgtg
tacatgaaaacaaacgtctctgcagtctctggggcggaggtttcgctggcttttctttct
ctcaaagaaaaaaacatgcaccattttcaatgtgaaa
::::::::::::::
hmd6b07.seq
::::::::::::::
aagaacgccggctcttcgcctctcagcgcggcttgtcctttgtnccggacgcccgctcct
cagccctgcggctcctngggtcgctgctgcatcccgcacgcctccaccggctgcagaccc
atggccgagcgcggggaactcgacttgaccggcgccaaacagaacacaggagtgtggcta
gtcaaggttcctaaatatttgtnacagcaatgggctaaagctctggaagaggtgaagttg
ggaaactgcggattgccaagactcaaggaaggtctnaggtgtcatttactttgaattgag
gatcacgtttcgtgttcatactcaaacggttaataaaaaggcgagagttttctaagtgnc
aaa
::::::::::::::
hmd6b09.seq
::::::::::::::
tatcactattacataacatactcaggacaaagaactttgctcagggaacataccatgtaa
tatttttttgtttctttacagactagtctacagtcctgcttactcaaaacaaaccaaat
aacttatacctttatataagtattatgtactgatgatagtaactacctctnagtttgaca
cagatctcgttttgacaataaaaatccttactactttctcaaa
::::::::::::::
hmd6b10.seq
::::::::::::::
gcgcgacccggcggcgggacaggcttgctgcttcctcctcctcggcctcaccattccaga
ccaaaattgaaaaaatggttgacctcacccaggtaatggatgatgaagtattcatggctt
ttncatcctatgcaacaattatnctttcaaaaatnatgcttatgagtactgcaactgcat
tctatagattgacaagaaaggtttttgccaatccagaagactgtgtagcatttggcaaag
gagaaaatgccaagaagtatcttcgaacagatgacagagtagaacgtgtacgcagagccc
acctgaattgaccttgaaaaatatttattccaatttctttggaattggcctcctgtattc
cttnnagtggtcccggancccttanaagccatncctgaancttcaggcctatttx
::::::::::::::
hmd6b11.seq
::::::::::::::
gagaatttccattaggcaagctgtatgcagtggaattnccctttaggagacacacaatt
aagactctctggttctntccttgctttggagactttaagacatttcctaaagcacaaata
aaagcctcgtatttccccattgagagttttgtnccaaggaatatgaagtgagacatatgg
gtgagtcataataatcaaaataatttatgaagagctgggtctgcaatagctagtctaaaa
nctacttgtgtgtcagtcctctggttatagtatataagagcctgaggaggtctggcaaga
tagatggtgtattatttatggatcctgagagattttccattccttgtcaccattcacttg
cattgtaaaagntttcctttgcctgttgttgggcatagntcctctttgnaccatatttac
ntaattgngggttaaax
::::::::::::::
hmd6c01.seq
::::::::::::::
gtgaaatcagcctctcgtcagtcaaagctgcagttagcgccggtggagcaggggtcactg
agtcagcatctggatcaaggaaatatatatatttccttctaaaacttattaaattcgtgt
gacaaataatcattttcatcttggcagcaaaaagttctcagtgacctattttgtggtgtt
tctttttgaaaagaaaagctgaaatattattaaatgctagtatgtttctgcccattatga
aagatgaaataaagtattcaaaatattaacattttcataaatataaggntgtattattga
gaagtaaggtttgaaggggcttataaggaaaactgttttatacctggggtaattatatta
nggggatttgtcnatgggtncnataax

::::::::::::::
hmd6c02.seq
::::::::::::::
cgcaagatggcagccaccacgggctcggacaatttatgaaaaccgaatatacagccttaa
aatagaatgtggacctaaatacccagaagcaccccccttttgtaagatttgtaacaaaaat
taatatgagatggagtaaatagttctaatggagtggtggacccaagagccatatcagtgc
tagcaaaatggcagaattcatatagcatcaaagttgtcctgcaagagcttcggcgcctaa
tgatgtctaaagaaaatatgaaactccctcagccgccccgaggncaagtgttacagcaat
taaatcanaaggnnaanccncagggcccttcccccttcccccccnatttcggtttaatcan
gtcttcanttntccccaggtggtaaattttncttggtacggcnttntaggcctnaaaagg
ccccggx
::::::::::::::
hmd6c03.seq
::::::::::::::
ctaattattactcagaaaaaggatttcctaagagttgctgtaaacttgaagattgtactc
cacagagagatgcagacaaagtaaacaatgaaggttgttttataaaggtgatgactctcg
tttttttggtcgaactggtcgctgccatcgtaggatttgttttcagacatgagattaaga
acagcttccaactgattggaatctttctcgcctactgcctctctcgtgccataacaaata
accagtatgagatagtgtacccaatgtatctgtgggcctattcctctctacctttaaggg
catttagggtcccccctggggattagaaagttgcttggctggngganctgncaacaacta
cctanctgtaggccaaaaanctacaccagaggntggttcaatcanggtx
::::::::::::::
hmd6c04.seq
::::::::::::::
ggcgctcaacaagaatcactcggagggcggcggagtgatctgtttagtgagatttagcat
gtgtgaataaagtatatgcaggaggaaa
::::::::::::::
hmd6f08.seq
::::::::::::::
ggaaccgcggagtcggacgcaggcagaccatgtggaccctggtgagctgggtggccttaa
cagcagggctggtggctggaacgcggtgcccagatggtcagttctgccctgtggcctgct
gcctggaccccggaggagccagctacagctgctgccgtccccttctggacaaatggccca
caacactgagcaggcatctgggtggcccctgccaggttgatgcccactgctctgccggcc
actcctgcatctttaccgtctcagggacttccagttgctgccccttccagaggccgtggn
atgcggggatgggcatantgttgccaaggggtttccaattnaagttanacgggnggtttt
anatagntttggaaaatnttttccnctgntttggctttttggggaaaaaatttttggg
ccaagntttgggaaaatttggccaagntttggattttggaaanagcttatggx
::::::::::::::
hmd6h06.seq
::::::::::::::
ctggtctcgaactcctgactctgtgatcaggggagaccccaactgccagatatattttaa
tgtacaaaactgaaaccagatgaaataatgttctgtcacgtgaaatatttaagtatatag
tatatttatactctagaacatgcacatttatatatatatgtatatgtatatatatatagn
anctactttttatactccatacataacttgatatagaaagctgtttatttattcactgta
agtttatttttnctacacagtaaaaacttgtactatgttaataacttgtcctatgtcaat
ttggtatatcatgaaaccacttctcatcatattggatggaaggaaattgccntttctgnc
ccttcccaaggtcccgcggcctgtttttaangggctnggaaaatnccctgcccggnaaat
gnaaaatggattagggggggttggttx
::::::::::::::
hmd6h07.seq
::::::::::::::
gatggngtgatgtttcacagaaagttctccgatcccagacatgggtccctcggcttcctn
cctcggaagcgcanagcaggcatcgtgggaaggtgaagagcttccctaaggatgacccat
ccaagccggtccacctcacagccttcctgggatacaaggctggcatgactcacatcgtgc
gggaagtcgacaggccgggatcaagaacaatgcctccactgactatnacctatctgacaa
gagcatcaaccctctgggtggctttgtccactatggtgaagtgaccaatgactttntcat
gctgaaaggcttgtgtggtgggaacaagaagcgggtgtnacccttccggaaagtccttnc
ttgtgx


inches
cm
Kodak Color Control Patches
© Kodak, 2007 TM: Kodak
Blue
Cyan
Green
Yellow
Red
Magenta
White
3/Color
Black
Kodak Gray Scale
C
Y
M
© Kodak, 2007 TM: Kodak
A 1 2 3 4 5 6 M 8 9 10 11 12 13 14 15 B 17 18 19