

PFC	Dist. To 3' gene	Length	Sequence
LmeB _{CF23}	78,400	19	TATTTACACTTTATAAAAA TAAAGGAGGCATTAAAAACAATTTGAGACGGGAAAAA
LmeB _{CF24}	69,457	69	GAAGAATTGGTTGTATTGTAAATGAAGTA
LmeB _{CF25}	65,545	39	TTGATTATTAATTGGATACAGATACAATGTTATGCCTGA
LmeB _{CF26}	64,023	18	GAGCTCAATGTCAATAAG
LmeB _{CF29}	36,877	22	GAAAATATAGAAAATGGCTGCT
LmeB _{CF31}	34,567	17	CACTGTGTAGTGGCCTG
LmeB _{CF32}	10,740	24	GTCAGTTGGATTCTTCCTCTTCT
LmeB _{FG33}	14,696	26	AAAACCTATGCAAGTTCATTTTCAA TTAAATATGTTTTATAATAAATATGCAATTATGCATAAACAT
LmeB _{CF34}	5,467	67	GGTGAATTGTCTCAAGTCATTTGAT CTCGTAAAAATTCTAACAGCCTTTTTTGTAGTATGATATAAAC AACAACAGGCCTGGCGTTTATTGCACTTTATAGTTTGTAAAA TACTTTACTGCCTTTTTGGTTATTACAACCTGCACTTCCCCT CATGTAATAGTTAAACCTTTATCAATAATAAGGAAATGAT CATTAAAAATGTTGGGTATGAACACCTCGTTTGTAAAAATA TGCTTTAACGGGAAGTTGCATGATTCCATAAAACGTATTA AAATACCAATTACATTTATAGGACCTTCAGGAATCGGCAC CAATTAAGTCGTGACTTTTACAGTTTGCTGAGGCGACCCTG
LmeB _{GH50_{abc}}	916	338	ACATT
LmeB _{GH51_{abcd}}	461	74	TGATTTGTTGTAAAGCACCAGATATCTCATTAAATGATGGTGG TCGAATATATTATGTATTATATTCTCCCCCTCC GTCCGTGTGGAGTAAGAGAAGCCAATAGGATTTGGTTTTGG TAATAGATGCAAATGATCATGAAAAGACTGCAAAATATG AAACAACCTATTTGCGGTGAAGTAAATCACAGAAAACCTGTT TATGAACTGGCACCTCTCTTGAAAATGTAATGCGGAGAACT
LmeB _{GH52_{abcde}}	309	173	CTTTAAGTG
LmeB _{HI60_{ab}}	1,643	24	CAACATGAAACTGCCTATTTATGC AGCATGCGCACATTGCAAAGATCAGTTGTAAGTGATCCTA TAAGTTTACTGTGCAAAAAGATGTATACTGTATACGTGAATT ACTTTATGAGGGACCTGATGATATATTTTATTGTTCTTACC ACTTTGTCTATTGTCTAAACCTGGAAACGGCGGAAGAAAG GGGTACAATAAAAGTTTACAAGCGAGAATCCGTGACATCAT
LmeB _{HI62_{abc}}	1,278	227	TGCTTTGCTCTGCTTCATT ATTATTTATCTTGATTCTATAAGTCCGACCGTATTACAATTT TTCCACATTACAGAGCAACGGGACGCCAGCTTTCATTGGA TCTCTTAGAATCACGTGTCGAAAAATCACGTGGTCCCGGAG GAAAAAGGGGGTCTTTTTTGGTGTAATCTGGACTCTAATT CCGTAATATATCACGGTACCTCGTAAAACCGACACTAAAAC
LmeB _{HI63_{ab}}	236	236	GTCCCCGGCTACAAATCACCCAGCCAAATT
LmeB _{IJ65_{abcd}}	6,670	208	AGATGGCGGCTGAAAAGAAGACTGCTGTTAAAGCAGTCATGA AGAAATGCAATAAAATTCCTTGTTGTTTTATGAAAATTTACAA CTTTGTGATAGAATTTATGAGTGGCTGGGTACTGGGATTGG CCAGGGCCGTCATGTGGACGGGTAACCGTGAACATGAACT TTTTATGATTTCCCATGTGGTTATATTGCAGCATTCTTTTGG

LmeB _{IJ} 66	5,523	16	ATTTTTAAATATTTAA CCAATCTCCGATAAACTACTAATAGCTAAACCACTTGGACT
LmeB _{IJ} 70 _{ab}	91	61	ATAAAACACAACAAATCATA ACTACCTAGAAGGACGCAGAAGGTTATAGTTCAATAATTTT
LmeB _{IJ} 71	2,270	68	GTATGTGACTGTGTTTGTAGTTTGTCT CCTAACGATTCTCAGCTCGTCATTATTTGTAACCATAGAGCA TGAATTACCTCTTGAGGTCATCAGTGAGAATTTACGACTGGT CAACAAAAGCACGTGATTCCCAAACGCACCCCCACCCCAT ATTTGGCCGCATACATAGCAAAAACGAAGTACAGTGCATTG CTATAATTCATTAATACATCATAAATCGTGAAGCACGGGGT
LmeB _{JK} 79 _{abc}	252	231	TATAACGACCAAGATCCACAAATC
LmeB _{JK} 80	15,285	36	GCATGTTTTATGTGAGATGTTATAACTTATTTATAA AAAAGTAGGTATGGCATTTAGATGTCAAATGGATTGGGTTT TATCTAGAAGTTAGATCGTAAAAATCGCACGGACCTCAGAC AGATATCCCTCACTGGCTCTCAAAGTCACGTGGGATCCAT AAAGTTAGTTTTATGGTTTTGGGGAGTTGACAATGTACAATA
LmeB _{KL} 87 _{acdef}	13,956	203	TATTTACATTCTCTAGAATGTTAAGTGACACTTTAAC ATAATGTGGTTTGCATATTGAAAAGGATAATCTATGCTCATA TCTCATCAATAATTCATAGGAAACCGGGATCATTCTGAGGT
LmeB _{KL} 90 _{abcd}	9,749	85	CA CTGTAACACCACAAACCACCAGCAGAGCCCGCTTCAGACC
LmeB _{KL} 100	8,594	50	AAGTTCACAG ATGGAATTTCTTAACCCGTGACCACGATTGATTGATGAATAT
LmeB _{KL} 101	5,255	52	TTGGACTTTT AAGTAATGACCTGGGCAAAATTCAATATGACCGAGCATGCT TTGCGACTGCATTATGGAAGCTGTGAGTGGGAGAGCCCGGG AGAGGGGTGAAACGCAGGTCAGCGCGTCTAACAAATATTA AAATGTTTCAGAGGACGCATGACACGCCTAGCTGTTTAAACA
LmeB _{KL} 102 _{ab}	4,488	196	AGACTGCCAAAGTATGAGATTAATTCGAAAAC AAACGAGTAAGGTTAGGAATAAATTTTAGTATATTTTTGTG
LmeB _{KL} 108	60	59	TGCAATTCAAAGAAATT CAGATTTGGCGAAGATGGATCCTTGTTCATCTTTAATCACA
LmeB _{LM} 110 _{abc}	22,843	71	CCAAACTTGCCCCATTGTCATGTTAC
LmeB _{LM} 111	22,001	26	TGTACATAGTGGAATAGAAATAAAT TTGTGTTTAGCAAAGCTGATTTATACATAGGCATGGGTCTTT
LmeB _{LM} 112	21,871	64	AATAACAAAGGACATGTGTGGT ACAGATGTTCTTGGTGTTCAGGTTTTGTGTGATTTTTTA TACCACAAAGGAGCCACTGCAATAGCTCAAACCTGACAAG CAAATAGATAATCAAGAAGACAAATGGCTTCTTTGTGAGA
LmeB _{LM} 113 _{ab}	21,521	153	CGCAGCTTTTGTATTAATTTTCATTTTC
LmeB _{LM} 114 _{ab}	20,567	71	AAAGTTCACAGCCATTATTTGTAGACAGAGCCAAGAAAAAT GCGAGAATTATACAGAAAATCATTAAATCAC
LmeB _{LM} 116	19,673	78	CACGTTTTCAAACCGATTACCTCAGTTCTATAGTAAACAGACT GACCTCTGAAACCCCTTGACCTTTTTTAGACTGGACA

LmeB _{LM} 118 _{abcde}	16,226	356	GGTCATAGTGGTCCTTTGAGTATGGAACAGAGAGACCCCT TCCCCCTCTGATCACGTGATTCATTAATAATTAATGCAGA GGTTGCAGAATAGATATGTATTTCGTCAGGAAAATCGCAGAC ATGGTCTCCTTGTGCTGACGTGAAATTCAACTGCCTTTTA AAAACAAGCCTATAGCAGAGAAAAAGAGAGGGGAGAAAG AGAGGCTGCAATAAAACAATTTTGAAGCAGAGCCACACC GTGGGCTGGATTATTGTAAGTAGCAGGGCTTTCCAATACCT GGTGTGTATCTATATGTCCATGTAAATTTATTGTCTATTTAT GTTATTGTGCGTAAAAATGTGACAAAATAG
LmeB _{LM} 130	7,572	111	TTTTATGTATTTGGAGGCAATTCAAAACACTCTCCGTTGATT GATCATTAAATCTGGTGAGTTATTACTCTTCTAAGCAAAGGTC ATTTGGAGAAAAGAGCTCTAATCTGTCA
LmeB _{LM} 133	3,335	51	CAGAGGCCATTGTTATCAGTGAGCAGGGCGTACCAGTCTAT AGGGCAACCA
LmeB _{LM} 134 _{acd}	3,041	132	CTCGTCAGAGGCTAAGGTAAGCTGGACTCAAATAGGCTATC ACTTTGTGAATGGCGGAGTATATGTCCCAGTGATTTATGACC ATATGACTTCAATCTCGGTTCAAGAAGAGTTCACAAGCTTT AAGCTTCC
LmeB _{LM} 135	202	41	CCTATTCATGTCATGTGCTTTTCACTATATAAGATGGAT
LmeB _{MN} 139 _{bcd}	3,907	38	TCTTGACTTAACGTGAAAACAGGGTATCTTTGAACAAA
LmeB _{MN} 140 _{bc}	3,794	217	TTGCACTTAGAGTTTACATTTGATGGGTGAAACAACCTTGA AAGGCGTTTAGCCAGTTCAATCGTGACGTCTTTTCGATACGT GTGTGTTCTGGTGAACATTCATATATATTTATTGGTTATAGC CAGTTTAAATATTTCTTTTGTATTATTTATCCCCAAACATTA TGTATTTATATTAAGAAAAGAGACAAAACGTACTTTTTTAGTA TTTACCTG
LmeB _{MN} 141	3,325	17	AACAATTCCTGAATAAA
LmeB _{MN} 150	2,960	53	TCACGTGTGTCCAGAGTGAACCTTTATTGGACCTAAAAGG AAAACAAAGAAA
LmeB _{MN} 151	2,500	36	AATTGTATACAATGTTTGGCCTTTGGCGTTTAATTA TATAATTTAAAAGCCATAAGAGCGTGGAATGTTTGACTGGG ATCAATTACCAATACTCAAGGGTTTTTCTGAATACAATTTTC
LmeB _{MN} 152	2,253	85	TG
LmeB _{MN} 153	250	183	CTCTGGAGTTGTAGATCGATTGAAGAAAATAATGCTTCTTT TTTTCCCCACCAGGCCCTAATTTGCCATTGGCCAAAAGATA GTCAATGTGACCAGAAAATTGGATGCAATTTTCGTCTAGTCTCC AGTTTAAATAGAGCAAGGTCCCCAAACGCTTGAATATCACC AATATAACAATTATAAAG
LmeB _{NO} 154 _b	19,653	21	TATTTATTGTATATTATTTTC
LmeB _{NO} 161 _a	264	64	TCAGATTGATGGGCAGGGTTTGATTGAAATCCCTTTGTCATG CAAATGTCAAGCACTTGATGGA