

PFC	Dist. To 3' gene	Length	Sequence
LmeC _{CD9}	5,426	23	TTCTTTCCCTTTCAAGCTCCATG
LmeC _{CD10}	3,444	22	ACTAGACAGTGACCTTGAAGT CACGTGATTCATATGGACCAATGGTGCAGACCCTTAGGTTTA ACTATGTTAATGTCAGATAGCAATAAAGTAGAAGCTCTTGGT
LmeC _{CD8_{cde}}	99	99	CAGGCCCGCGGAA
LmeC _{DE11}	6,857	14	GTAATTACTTAAAT
LmeC _{DE12}	4,280	43	AAACGTTACAAGGAACATATTTTCTTGTACTTTCACAGTCTGA
LmeC _{DE24}	2,544	12	AAATCTGAATCT AAATCTGCAATTGATTTTCATAATGTTCTGCGGTGTTTTGAA ACCAATCATTGAACTCAGAGATCTTACCTAAGTGAACCACT CCTACGTATCTAAGTGTCCAAATTGATATATGGCAATATCTA CTTTGGATCACGTGTTCTTAGGGAGACTTAGACGGGTAGCGCG
LmeC _{E26_{abc}}	in 11	194	TCATCTCGCCTTCCCAAATTTT CTTTGTTCAACTTGCAGCTCCTTGTTTTTTTTTTTTACCCGAAA AATGTGGTAGATGTCGCTGTTGCACCACGTCATCTCCACAT CTGAACAACCTGACCCCTGTGACGTCAATTGGTGTCTGAATCAT CAAGTCCATTTTCAGTTGTGATTGGTTTAAAGTCACGTGGGA AGGCCAATGCGTTGATAATTATGTTGCTGATTTTTTCTCTAAA
LmeC _{EF35_{abc}}	269	230	AAAAAGATGTCAGC
LmeC _{FG36}	8,999	29	TTTGCATGTATCCTATTTGTAAAGAAAAA ATAACGTTGATTTAAATATTATCCAGGTGACCACAATAAGTCA AGGTCATAAAACAGTAATGTCAGGACAGTCCTGGTAAGCGCT GGAGGTGGATTTTATGATCTGCAAATATAATGTGCTGCAGCAG
LmeC _{FG38_{ab}}	8,839	163	TAAAAGATGCATTTAAAGGTGACTGTGGAGGAGGG CAGCTGATCTGTGGTTTAGGTAGTTTCATGTTGTTGGGATTGG
LmeC _{FG40_{abc}}	7,965	71	CTTTTAACTCGGCAACAAGAACTGCCT
LmeC _{FG50_{ab}}	750	18	TTTATGAACAATCAAATG GCGCATTGATCCGCACTGTATTTTTGAGTAAATATAGTCACGT GAGTAGATGGAACCAATGGCAGGAAGAGAAGCCTTAAAAATA ATTACCTGCCCTGATTGTTCTATGAGCAGATAAAAAAGTACACA
LmeC _{FG52_{abc}}	172	160	TACAGTCCATAACAATAATCTTATGAATGTAAA GTTTGTCTCAATGCTGTTTGTCTGAATGAACTGAACAAAAAC AAACCTCAGTTCTGGCTAGACGTCTGGCTTTAATTGTTTTATG GTTTAAATAAGGTGGATGCTTTCCTCTTTGAAACGGGATTACT
LmeC _{GH55}	3,457	138	GGAATGTTT GCCTGTCTTTGGCTGCTGAATTGATTAATAGAAATCGCGTGTG AAAGCCTTACCACGGGATTTTGGAGAATTTGCCTGTGGTGT AAAGGAAGAAGCAGTGAGGAAAAGTGAATAGAGCTCTACCT
LmeC _{GH57}	286	129	A TGAAGTCCGTTTTATGGATGATGTTAAATGAAATGTTTACG ACCTTCACTACTTTTCTAGTGAACACAATGGAGAGACTCACA
LmeC _{HJ58}	16,211	86	ACCTTCACTACTTTTCTAGTGAACACAATGGAGAGACTCACA
LmeC _{HJ67_b}	10,485	27	AATTTACAGCTGAGTAATAAAAGTTTA
LmeC _{HJ75}	5,922	17	AGATATTGTATGCATT

LmeC _{HJ} 77	1,578	87	AATAAACTGGTCACTTTCTTCTTTTATGCCTTTTATAGCTTTAT TGTCACCATTAACCTCGCTTACATTCTTTCACAGGAAAAAGATC
LmeC _{HJ} 78	193	170	GGGAATCAACACAAGCAAAACCATTTTTTCCTTTCTTGTGCATC TAGCTTGCTATTGGTCCAAATCAAGTCATCTGACTTTGTCAATT TGCTGTCTGGAGTGGAGCCGTCCTATAACAATCTAGTTCA GAGTACAAACCGGAGCTCAGAAATAAATATAAAGAAATC
LmeC _{HJ} 79	2,483	52	TGGCACAATTTTATTTTCTCTTAAAGTACATTTAATTAGCCAG AAGTGGAC
LmeC _{HJ} 80	2,026	168	TGTGTGAATCATTGTAGTTGTAATTGTGACATCTGTATATTATT ATTTATGTTTGGTATTGTACTGATAAACAGCTAAAAGTGACTG ATTCATGAAGTAGAAAATTGTGTTTTGCTTTAAAATGCAC AGCAACCATATTGTTAAGTATTTAATAAAAAGTATGATATT
LmeC _{HJ} 81	238	229	ACATATCAGGCACGTTTTGCAGACCTCCATCAATAACCTCCTG GGGTCATCAAGCCAAATTTATGACTGGCCAACAAAATCACGT GATTCTATTTAAACATCCCATATTTGGGCAGCGCACGTAGAAT AAAGAAAAGAAGAATCTCCACCTATAAATTGTGCACTTTTGA GACAAAACCCCTTAACTTCAAAGGGTCACAAATCAAGCTTAAT CAAAAGGTGTAAATTTT
LmeC _{KL} 87 _{abcd}	21,028	205	AGGTAAATTATGAGGATGGCCCTTAGCAAAGGCCCTGAATGG CTCAAAAGGAACACGTGATGTCATTAAGTTAGTTTTATGGTT TGGGGGAGCTGACAAACCCACAATATTTACATCATATATAA CCTTAACGTGCCACCATCGCAGCTGCTAGGGCTTTTTAATGCT GGGACTGTGGGACAAGACATTTAGTGCGGATTAC
LmeC _{KL} 88	17,002	36	CAAAAGCATTGGAGCTGCCTTCTAAGTAGTGATTGG
LmeC _{KL} 89	16,659	31	GGATTTGCATGTCTATTGGGCTTGTGGATT
LmeC _{KL} 90	13,346	20	TTCTGGGAAGATATTCAAAC
LmeC _{KL} 91	10,496	18	TAGGGAGGAGTAATATTT
LmeC _{KL} 102	157	151	GGTTCCTTATCCGGGGACTAGCTCCTTTTGTCTCATTGGATAA CTAAGTCACATGGCTAAACTAACTTTACAGGGTCGCCAGCTAG TAGGAGGGCTTTATGGAGCAGAAAAACGACAAAGCGAGAAAA ATTATTTTCCACTCCAGAAATTA