

PFC	Dist. To 3' gene	Length	Sequence
XtrA _{AC} 3	55,355	20	CATTATTGCCATGACAACCTG
XtrA _{AC} 4	54,155	25	TTCAAAAATAAGCACCTGTTTTGAG
XtrA _{AC} 15	37,794	31	AAATGTTAAACGCATCAAGAATTGTTCTGAG
			TCTCTGTAATAATAAAACAGTACCTTGTAAATTGATCCCAACTA AGATATAATTAATCCTTATTGGAGGGAAAACAATCCTACTGGG TTTAATTAATGTTTTATTGATTTTTAGTAGACTTAAGGTATGGT
XtrA _{AC} 23	23,047	147	GATCCAAATTATGGAAA
XtrA _{AC} 26	15,294	20	CAGGTACATGTATGGACTCC
XtrA _{AC} 27	13,284	24	TGTA AACACTTCTGAGCTTTTAAT
XtrA _{AC} 28	12,711	44	TAGTTTTTGCCACTGATGTTTAAAAATTCATTTTCACTTTCTA
XtrA _{AC} 30 _{ab}	1,773	35	TGGCTAGACTGCAGCTTCAACTGAACTTGGCCT CTGCTCAGGTAAATTATACATATAACTATCTACATTCTACATA
XtrA _{CE} 35	10,652	49	CATTTT
			TATTA AAAATTTGCAGTAATCTTGTTTCATTTTTATTTCGGTTGAAT TCGAAAAACAGCCAGTGGTGTCTAGCATTTTTAATCAAAATAG ATATTTGAACAAATCATTATTTTCCTGGCTTATTTCACTCAAAAA TGGTATCTTGTAATAATAAATTAGAGCACCGTGAACGTGTTT
XtrA _{CE} 39	10,217	205	TTGTGCACAATTAATTCCTATTTTTACTAAA TTAAACCTTGACCTTGACGAAAAGACACAATTTTTGACCTTGA CACTGTCAACTCAAGTATAGGGCATCATTTCTATTAATGGAGC
XtrA _{CE} 43 _{ab}	9,669	99	AATATCGCCACCT AGAATTTGTTTTCTTACCAGAGGGCGGGGCGAGTCCGGCCAAT
XtrA _{CE} 57 _{cd}	2,671	57	ACTGGCGCCTTTGT
			TGTC AATTTCCCGTGTGATCACATGACCAGCACCTCCCTGCT AAGGATGGGGATAGATTCCACGTCAGCTTACGTCTTCCAATT TCTACTTCACGGATCTGCTTCAAAGAGGCAGCTGCATTAGGGA ATGATGTTAAGCTCAGCTAATGCGGACAGCCCGAGGTAGC
XtrA _{CE} 60 _{acde}	175	169	GGGAGGGGTTGCTGGGAGCTAGCGAGCTTCCATTGGCTGCGT GCATTTGCCGTGGTGCAGGGGTATCTCTAATCATATTGAGCAT GTTTTGCACAAGAAATGTCAGCCAGAAAGGAATATCTGCTCTC
XtrA _{EF} 75 _{abcde}	150	137	TTCGCCAAA GACAAGCACACCGCAAGCTCCACTCTTTCCTTGCTCTTTAAA
XtrA _{FG} 77	5,446	67	TGTAATCTTTTGCCTAATGTTTT
			ATCTATTTAAATATTACCTAGACAGTCGTAATTTGTCTGGGCCT TATAGCAATGGAGCTGGAAGGGTATCGGCTTTTGTGTAGTTT TATGACTTGCTCGCATATCTGCTTTGCTGCAACCCTAGACGAG
XtrA _{FG} 78 _{ac}	4,865	170	TGGTTTCAGTTGTACAAGGAAGTGGTTAGACAGAGGAAGC AGGTAGTTTTATGTTGTTGGGCATTACCTTTCTCTTACAACA
XtrA _{FG} 79 _{bc}	4,255	55	AGAAACTGCCT
			CATAAAAACATATGGCTCTGCTATAAAAAATGATGACTGCAA AACAGTGACCCATTAATAGCCTGCGGACTGATTATACCTTAT TGTCTGCTGCACAGTCACATGGCCCCGGCAGCCAATAGGAAT GAAGGCTGCCTTCAACTTATTAGGTGACTGTACTTCTTTGTAG
XtrA _{FG} 92 _{abcdef}	230	204	GACCAAGTTGTTACATGAAATCTGCAGTTTCAT
XtrA _{GI} 97	4,224	23	TACCTCATGGCCTAATGACCAAAA

			ACGCCCTCTGTTGTTCCAGACAGAAAGAGACTTCAAAGAATG GGCACTAAAAGTGTGTAATAAATGGCTGGTCTGCAAAGTGTCT GGAATTCGCTCCTTAATGATTTTATGGCTGTCCTGCAGCAATT
XtrA _{GI} 103 _{acd}	3,038	129	A
XtrA _{GI} 105	2,004	12	TTGAAATTTTAT
XtrA _{GI} 110	1,237	33	GTTTATGGTGTGCAATATACTGGGGTTGTAAAA CACCTGTACGGTGAATCAGATTGGACGGGGCGGTGAGATGG TGGCAGATCACGTGGCCAGGCAGGCAGCTCAGTGCAAAGGA AAAGATGGGGTTTTGTGTAATGTGGGGGTTAGTGCTGCCAT ATATACTGCCGCTCGTAAAACCGACACCGGAGCCTACCGG
XtrA _{GI} 111 _{ab}	193	179	ACTACAAATC
XtrA _{IJ} 118	5,451	28	CATAATATATTTTTTTGTTAAACATAAT ATGGCGGCTAGGAAGGACCTGCCTCCTGTAAGTGATGAGGCA ATGGCTATAAATCCGTTGTTGTTTATGAAAATTTACAACTTTGC AATACAAGTTTATGAGTTGCTGGGATATTCCATTGGCCGCTGC TGGTCATGTGAATGGGAACCGAGAACATGAAGTTTTTTATCAT
XtrA _{IJ} 119 _{abcd}	5,009	192	TCCCCCTGCGAGGATAGAGC
XtrA _{IJ} 122	4,612	77	CCTGGCTCATTTCCTGCTCTTCCTGGCACCAAACCGGGCTCTA TACTTCTCTATGCAACCAGCCACACAGCTGTCAG GATCAGCTGCTCAGATTTGCCTCTGTCGCTTTTGGCTCTCGGC CATCCAGAAACAAACCAGTTGGATGAGTGCTAATAGTTATAG
XtrA _{IJ} 130 _{ab}	134	110	GCAGATGTACTAATACACAACAAAT
			TGGCGCAAGAGGCTGCTCAAAGCTTCCAGCTCTACACGGGG CCGCGCACAAACGCTCGCTCCCTTAGCAGCCTCCCTGCTCCCC CACTAGTACACCAGTTTACCTCTAGAGGTCATCAGGCAGGATT TACGACTGGACAACAAAAGCACGTGATTCCAAGTCGTACCCC ATATTTGGGTGCCTACGTAGGAGGGAACCAAGTACATGTCCCA GTCATTTCCATAATTATCATAAATTGTGCAAGGGTGCTATAG
XtrA _{JK} 132 _{ac}	307	287	ACGCGCAAAAACGACCAAGAGCCACAAATCAA
			AAACTTTATAAGCTCTAGTTCGGCTATGTGACATTTGCTTGC CAAATGAATAGGGTTTTGTCTATGAATTACATCGTAAAATCCT CCATAGCACAGACAGATAGGCTCACTGGCTATAAAAAGTCAC GTGGGGCTATTAAAGTAAGTTTTATGGTTTTAGGGAGTAGACG
XtrA _{KL} 136 _{abc}	8,170	209	ACCAACATTATATAGTACATATCATATAATCTCACTGA CTGTTTACTGCAACATTTCTTTAAGTCAATAGTGAGTTACACT GCAGTGTGATTAGTCAGCAATGAACTTTATGGCCAGAATTAAC
XtrA _{KL} 138 _{abc}	7,296	88	T
XtrA _{KL} 140 _{bcd}	5,144	56	AAGATAAATCTGCAAACCCAGGAATCACCAGCAGAGCTCGC TTTATAACCAAGTTC
			AGGTCAAAAAGTTAGAGGTCAAAGTTTACTTCTCCAAGTCAT CTATCCAGGCAAAGTTGATGTCAATGTTATAGTAGAAATTTT GCCTATCAGCACAAAAGATAAAACGTGTTGAGTTAGGCAAG
XtrA _{KL} 143 _{abc}	4,712	154	CACCATAGACTGGACTCCTGGTGAAC
			CTTTTAGAAAAGCTTAAGTCCAAGGGCGAGGTGAACTTCAGGT CACCGAGTCTAACAAATATGAAAATGTCGCTGGTGAAGTGC GAGGCTACTTATTTAACAAAGACTGTCAATGGGGAAGATTAAT
XtrA _{KL} 149 _{abc}	3,549	153	ATGAAACAAAATGTGCCAGTGTC
			GGAGGGTTCTGTGCAGAACAGAAAAACGACAACCGAGAAAA ATTAGTATTTTTTTGTTGCACTTGCACAAATTA
XtrA _{KL} 157 _{bc}	74	74	

XtrA _{LM} 163	13,031	106	TGCCCTTTGCTAAGGCAACCAGGGTTCACAGAGAGGACACGT TTTCTGTCCCATTTGATTGTTTTTCTGGAAAGATGCAAGCTGAC CCTCAAACCCCTTGACCTTTA
XtrA _{LM} 174	7,764	17	CAGTGTAATCTGGTGA AAATAAAAGGATTTAAGTTGACGTAGGACCACGTGAGCCCAT
XtrA _{LM} 179 _{ac}	6,224	70	AACACAACGCATTATTGTTGTATTGGA ATGGATTATATTTTAAGGTATATCCGTTGATTGTTCTAAAAG GGGTGAGTTATTGCTGTGCACGTCAGAGGTCAG
XtrA _{LM} 181 _{bcd}	6,016	76	GCAATAAGCAGTAAGTAGCAAATGTGTCCTGTTTTAATGCAAC GTTTACAGCATTCGTACATAGGGCTATAAATCTTTCCTAGCCA TAAATGACAAAACCCATTGGTATGCAT
XtrA _{LM} 188	4,053	113	AATATTTGTAAGAAACATACCCATGTTGTGTGTTGGACTACAC TTGAAAAGCCCTGTGAGTTGATAGCTCTTATCT TCGTCAGAAACTAAGGTAAGCAGGCCAGAAATCTTCTATCACT TCTCAATGGTGGAGTTTATGTCCAATGATTTATGGCCATAGT CTTAAATCTCGGTTCAAGCAGAGTTCACAAGCTCAAGCTTCTCT TTCAAGAAGTACTGATAC
XtrA _{LM} 193 _{cd}	3,035	76	ATCCATCATGTTTTAACAGGTAGAATT AATATGCTGAAGACTTTTTCTTTCTGGCTTTCATGTCACTTA GCCATGTAAAGTAAGATGGATTGTCTACTTCTCACTGTACT GTGCTTCTCATCCACCACAGGCTGACCAGCGAGGCCATTGGA GGAGGAACGCCACGTGACAGAGGGGTGCCAATGTTATTCTTT ACGGGTGTCAAGACCCTGTCAGTTTGTGAAATAAATATTGGGA AAC
XtrA _{LM} 194 _{bcd}	2,715	148	TGACCCCATACATCAAACGACAGAGCAGTTGCAAAGACAGA ACCTATTATCGTTGGGACTGCACAGAAAGTTCATGCCGTGGTC ATGGAGATGAACCGGGTTTTCTGGTTCCTGGTGTATTTCAG AACAGGGTATAGCAACAATTTTTATATGGGGAACAAATCTTC TTACATGTGAATTTGTTTGACATTTTCTTAACCCACAGGGAA CCCATTTAAATTTATTATGCACTTCTATTCAATTGCTAGCCAAA TATTAACAAAAAACGCTTGAACAGGGACATCCCGATCCATAA TTATACGTGTAATCATTAAATGTGTGTATTCTGCTGCATATAC TCCGGTTAATTTATTATATTTTCATGGAAAAAAAAGAATCAAC AAAACATATCGAACTGTTTACATCTTATTATCCCATCCTTCATA TTTAT AGAAGCTTTAAATGTGATCTTTAGGGCCAGTAGCTGTCAAGCC ATTTGGCAAGCAAGATTGATCACACGCAGACTTCTCCAGCT TTGTTT
XtrA _{LM} 198 _{ac}	1,474	155	AAC
XtrA _{LM} 199 _{acd}	225	219	AAC
XtrA _{MN} 201	4,619	308	TTTAT AGAAGCTTTAAATGTGATCTTTAGGGCCAGTAGCTGTCAAGCC ATTTGGCAAGCAAGATTGATCACACGCAGACTTCTCCAGCT TTGTTT
XtrA _{MN} 204 _{abcd}	1,800	92	TTGTTT
XtrA _{MN} 210 _{bc}	564	114	GTGTCAAACCTTTGAAGATTAATGGATTACTTTGTTAATGACT TAAGCGTCAGATTTGGTCCTTAAATGATTTGTGAGGTGTAA AACGCCTTCTGACAGACAGAAACAATG GAGGCGTTCCTTCTTGACTTTTTTTGGATCAATCACACAGACA GTGGCTTCTTTTGATTAACCCCAAATTGTCATTGGGCAGGAG CAATCATGTGACAACCAATTCGGTCCAATTTCAACCTTGCTCTC CATGAATCAATAGTTAATAGTAGCACAGTCCCACATACGGCT GTAATCAG
XtrA _{MN} 211 _{bcd}	303	180	GTAATCAG