

PFC	Dist. To 3' gene	Length	Sequence
			GATTAAGTTTAAACCAGAGGCGTGTTTACGGTTTTACCTTGCT
HfrA _{AC} 24	9,775	54	ATTTAAACACAT
HfrA _{AC} 25	9,493	13	CATCTAGTGGGAA
HfrA _{AC} 30 _{ab}	3,064	34	GGCTAGACTGCAACTTTCAACTTGACCTTGGCCT
			CTTTGCATATCATGTGATCATCTCGCAGCCAATGAGGAGGCAA
			GTTTCAGCGACACTGGCGCGTCAATGCTGCTAAGTCTGAGAGA
			CTCAGTATCTCTTTTTCAGTCTTAGGGGCTTTTAAAACGGCCAC
HfrA _{AC} 31 _{abcd}	150	141	TAGTCTCAATGT
			TTAAACCTTGACCTTGACGAAAAGTATAGTCTTTGACCTTGA
HfrA _{CE} 43 _a	10,846	44	C
HfrA _{CE} 52	8,880	24	GATTAACCTGGTTTATTGTAATAA
			TGTCAATTTCTCCAGGCATCTGGTCACATGACTGGCTTGTCCC
			TGCGATGTATGGAGATACATTTCCACGTCAGCTTACGTTTCCA
HfrA _{CE} 60 _{ad}	191	117	AATTTTTACTCCGCGGATCAGCTCAAAGAG
HfrA _{EF} 62	9,010	40	TTGAACTTCTGTTGCGCCATGGACGTCACCTCTAACCTTG
HfrA _{EF} 73	1,534	20	GGGAGGGTGTGGGGGGAGGG
			ATTGGCTCGTCCCCTCTGTCGTGCTGCGGAGGTATCTCTAATC
			ATACTCAGCGTGTTTGCACAAGAAATGTCAGCCTGAACTGGAT
HfrA _{EF} 75 _{bce}	337	105	ATCTTCTGCTTTCGCCAAA
			ATCTATTTAAATATTACCTAGACGGTCTGTAATTTGTCTGGGCT
			ATATAGCAATGGTGTCTGTAACGTTTGTGCGCTTTTGTGAGTTT
			TATGACTTGTAGTATATCTGGGTGTGTGCTCTTGGACGAGT
HfrA _{FG} 78 _{abc}	6,925	170	GGTTTCAGTTGAGCGAACAGCCACGAAGACAGAGGAAGC
			AGGTAGTTTCATGTTGTTGGGGCTCAAGTCTATCTCTACAACA
HfrA _{FG} 79 _{bc}	5,761	54	CGAAACTGCCT
			TTTTATGTGAAGGTTAACGGTTTTAAGGTGTTTCGTTAAAAAAA
HfrA _{FG} 91	416	79	ACGAGCATCTGATGGGAAGATTGATTATGATATAAAA
			CATAAAAACATACGGAGTTGCTATATAAAAATTATGTCTATAAA
			AGATTGACTCTGTTACAAGCTGCGGATTGATTTATATTTTATTG
			TTGTTTTTTGAATCACGTGAGTAACTTAGCCAATGGCATGGAA
			GTGCTTCTGCACCATATTAGTAGACTGTACTTGTGCGGCGGCT
HfrA _{FG} 92 _{acdef}	237	203	AAGTTGTTACATTGAAATCTGCTCTTTCAT
HfrA _{GI} 97	6,493	23	TACCTCGCTCATATTGACCAAA
HfrA _{GI} 98 _b	5,339	37	ATAAAAGAAAAATGACTGCTGTAAGCGTTTATGGGGTG
			ACGCCCTCTGTTGTTGCAGATGGAACTTCAAAGACTAAAAGTGG
			GAGACTTGCAATAAAAATGAAGGGTCTGGCAAGCCGTCTGGTA
HfrA _{GI} 103 _{ac}	5,105	99	TTCAGGTTTTAATG
			CACCTGTGATGTGGAATGCTATTGGGGGACGGGATCACATGGT
			CGGGTCACGTGAATAGAAATAAGTCGGACTGAAGGAAAAATGG
			GTGTTTGGTGTAAATCGGGGGTGAATGCTGCCATATACACG
			CTATCTCGTAAAACCGACACTGAAGAGCCTTGGCCAACAAAT
HfrA _{GI} 111 _{ab}	184	171	C
			ATGGCGTCTAGGACCTGCCTCCTAATAGTCATGGGGAAATGTC
			ATAAATCCGTTGTTGTTTTATGAAAATTTACAACCTTTGCAATAG
			AACCTTACGAGTTGTTTCGGTTTTTCCATTGGCCGCTGAAAGTC
			ATGTGGAGTGAACCGTGAACATGAACTTTTTATAATTTCCCT
HfrA _{IJ} 119 _{abcd}	5,493	187	TGCGACTATAGAGC

HfrA _{IJ} 124	3,635	46	AG TTCCCCACAATTAGTTATTGGATCCTGATTGATCGTTAGTAAAT
HfrA _{IJ} 130 _{ab}	136	111	GATCAGCTGGTTATATTTGCTGCTGTCGCTTTGGCGCTCGGCC ATCCTGAAACAAACCACCTCGATGACTACTAATAGCTAAACC ACATTGTGTAATAACATAACAAAT
HfrA _{JK} 132 _{ac}	324	297	TGGCGCGCAAGGACAACCCAAAGCTACTACAGGGAGCCGTCG GCGCGCCCCGTGCGCGTGCCCCACGTTCTTCCTCCACGCAA CTTTCCAATTTGTATCACAGTGCACGGATTTACCTCTAGAGGT CATCAGCGAGAATTTACGACTGGACAACAAAAGCACGTGATT CCAAGTCGTACCCCATATTTGGGCGCCTACGTAGGAGGGAAC GAAGTACATGTCCAGTCATTTCCATAATTCATCATAAATTGT GCAGGGTGCTAGACGCACAAGCGACCAAGAGCCACAAATCAA
HfrA _{KL} 136 _{abc}	10,279	210	AAACTTTTATACACCTCAGTTCCGGCTTTATGACATTTGGGTG CCAAATGAATAGGGTTTTGTCTATGAATTAGATCGTAAAAATCA TCCATAGCACAGACTGATAGCCTCACTGGCTATAAAAAATCA CGTGGTGTCAATAAAGTAAGTTTTATGGTTTTGGGGAGTTGAC
HfrA _{KL} 138 _b	9,028	12	AACTTTATGGCC
HfrA _{KL} 140 _{cde}	5,906	49	ATCTGCACACTCTGCGACTCACCAGCAGAGCTCGCTTTAGACC AAGTTC
HfrA _{KL} 143 _{abc}	5,397	162	AGGTCAAAAAGTTGAGGGTCAAAAAGTTTACGTTTTGCACGACT TGTAATCATCTGCTCAGACAGAGTTTGATGTCAATGTTATAGC GCGATCTTGACTATCAGCACAAAAGATAAAAATAGCTTTGAGTT ACTCGTGATCATACTATGGACTCCAGGTGAAC
HfrA _{KL} 147	4,073	21	GGATCAATAAATAAAAAAACA
HfrA _{KL} 148	3,281	14	AATTAATTTCAAAT
HfrA _{KL} 149 _{abc}	2,989	153	CTTTTAGAAATGGCTAAGTCCAAGGCCGAGGTGAAATTCAGGT CACCGCGTCTAACAAATATGAAAATGTGCGCTCACGAATGGC ACGCCTTGTTACTTAACAAAGACTGTCAATGTATAAGATTAAT AAGAAACAAAACGCACACGGTGTC
HfrA _{KL} 152	2,336	163	TTTGATATCAGCTCTTAAAACATACACGTTTTGGAAATGTCGT AAAAAGCGCTATCTTTGCCCTTCGCTTTAAAATGGCTGTAAT CTACCCTTGCAGTAAAAATGTCAAATGTAAAAGCAGGCGAGG TATCACTTGGGGTCTGGCTCCATCTCTGTTTAT
HfrA _{KL} 155	1,459	50	AGAAGGCATATTGCATATGACTACTTTGAAGAAATAACGTGCA GTGCACC
HfrA _{KL} 157 _{bc}	66	66	GGAGGGTTTTATGGAACAGAAAAACGACAACGCGAGAAAAAT TAGTATTTTGCACCTCAGAAATTA
HfrA _{LM} 161	15,251	79	GAATCATTAAATCACCTCATTCAATAAAATACTTCTTTGTATACTT CAACAGCAAGTCTGAAGGGCGTCTTTTGGAAAAGT
HfrA _{LM} 166	13,538	124	GATAAAGGGTCACGCGTCTCCTCTGTGTATGTATTGAAATTTT AATCTCCCTAGTCACGTGACTCATTAAATAATTAATGCAGCCG GTCCGGAATAGATATGTAGTCGTACAGTATTCGCACTAG

			ATGTTCTAGTTCACAGTATGTATGCCTGGATACCACGGTGTAG CTGTGCTGCTTTGTTC AATTTTCCTGTCTTAATAAAATCACCAT CTCTTACATGCGCAGGGCTGAGAGGCAACTGTAGGCAGCAGC GTTTGAAAATAAAGAGGCATAAGCTAAATTCCTCTATGATTCA
HfrA _{LM} 167	13,097	189	TTAATTTGAGCGATTTA
HfrA _{LM} 168	12,281	18	CAAGAGCAACACAAATAC
			AATTCATGCATCACTCAATTGGCAGAAAACGTGTAAGCACA CATTTTCGCATGAGGGTCCCTATAGACACGATTTACGATTCCAC TGGAAAAAAAATCACAATCATTACATCGCTGTCAAGTACACTC CTCACCTGTGCTATACTCACTAAAATCACCTAAGCTTTCTAT GACACTGCTTTGCCTTTGTCAGGTAATTATAAACCTTTTCTGGG TTCAATAACTAGCATGGTGTAACTGTGGGTGTTAAGCAAGCC CAGTACAAT
HfrA _{LM} 177	8,118	267	AAATAAAAGGATTTAAGTTGACGTATGACCAGTGAGCACAT
HfrA _{LM} 179 _{abc}	7,472	70	AATACAGCGCATTATTGTGGCATTGGA
			ATGGATTTTATTTTGAGGTATTTCAAATACTTCCGTTGATTGTT CATTAAATATGGTGAGTTATTGCTGTTCAAGGCAAAGGTCAG ATATAAAATTGCACCCACCAGTGAGTCCTGCTCAGCAAAGGT CAGGGTGTGCGATTGATTTATGTT
HfrA _{LM} 181 _{bode}	7,253	85	TTTAATTGTAGTTCGGTTACACGTCACTGTTCTTTCTGATTTA TTGTCCAGACTGGTGCAAATTTGACAAGGCTAAAACAGACAT
HfrA _{LM} 180	6,306	68	AAATAATA
HfrA _{LM} 185	5,757	95	GCAATAAGCGATAGGAGCAAGTGTCTTTCTTTAGTGCTCTGT TTACAGCCTTAGTGCATGAAGTCATAAATCTTACGTAGCCATA
HfrA _{LM} 188	4,340	110	AACGACAGAAGCATTGGTATGCAT
			AATATTCATAAGAAACATACCCCATTTCTTTGGTATTAGATAA GAGCAGCCAGGAAAGCTGATAGCAGTCTTATCT
HfrA _{LM} 193 _{cd}	3,664	76	GAGTTTATGTCCCAGTGATTTATGACCATATGACTTAAATGTC GGTTCAAGAAGAGTTCACATGCTATAGCTTCTTTCACATCGT
HfrA _{LM} 194 _{bde}	3,295	95	GACTGATAC
			TGACCCCATACATCAAATTAAGAGCAGCTTCAGAGACAGAG CCTATTATCGTTCCGGTTGGAAGAAAAGTTCACACCGTGGTCAT AAAGAAGAACGCCAGTTTTTCAGGTTCTGGTGCTTCCGATC CATCATGCTTTTAGCAGGTAGAATT
HfrA _{LM} 198 _{abc}	1,285	153	
			AATATTGCTGCACACTTTTTATGGCTTTTCATGTCAGTTGCTAT TGAGAGTAAGATGGATTTGTACCATTTCGCCATTATGGTTTTGT TTCTTGTAACCCAGGTTACCCGAAGAGGCCATTGGAAGAA AAGAGTCACGTGACACAGGGCGCCAATGTTATTCTATAAGGG TGTC AAGACCCTGTCAGTTTGCGAAAATAAATATTGGGAAAC
HfrA _{LM} 199 _{abcd}	219	213	
			AACAGGGTATATGAACAAATTTTCTAAAAATTACTTAAACGTG AATTTGTTCGTGCTTATTTTTCCTTGCGAGGAACAGTAAAATG GTTTATATTGCACTTCTTTACATTGAATGGTTAAACAAGATCA AAGCGCTTTTACAGGGTCTCCCTGGGCAAATAAGAGTCTTGT CCATCTTTCAGTATGTGTGTATGCTGGTGAACATTCAAATTTAT TTATTGCTCTTGCAAAGGAGAATATTCTAAGTGTAAAAATA
HfrA _{MN} 201	4,347	288	TTATTATCCCCATTGACACATATTTAT
			TGCTGCATTTATTGAGGCCGAAAAAAGGACCCAGTTCTGCCCC ACGCAAGAAA
HfrA _{MN} 202	3,536	53	

HfrA _{MN} 210 _b	559	78	GTGTCAAACCTTTGAAGATTAATGGATTACTTTGTTAATGACT CTAGGCGTCAGATTTAGGTGCAAGATGATTTGTGA GAGGCGTTTCTCTCCGACTTTTTGGATCAATCACATAGACAGT GCCTTCTTTTGATTAAACCCCAAATTGTCATTGGGCAGACGCA ATCATGTGACAGCGAATTCGGTCCAATTTCAACCTTGTCTCCA TGAATCAATAGTTTAATAGTAGCACGGTCCCACATACGGCTGT
HfrA _{MN} 211 _{bcdef}	279	178	AATCAG
HfrA _{NO} 215	4,296	12	TGCCTTCTTTTA AATAAAATTGAGCAGTCTGGTCAGTCTCGTTCTTTACTTTTTTC
HfrA _{NO} 218	3,924	59	ATATCAGCATTTATT
HfrA _{NO} 219	2,804	31	CTCATAAATCAAATCCCTTTTATGAATGAGA