

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
DreBA <sub>AC</sub> 1	2,734	42	AAACAAGTACACATTTAATCCGTTAAGAACTTATATTCCAG
DreBA <sub>FG</sub> 6	1,621	12	AGAATATTAACA
DreBA <sub>CF</sub> 8	12,954	14	ATTAATCTTATCAC
DreBA <sub>CF</sub> 9	10,950	19	TCACAGTTGAACTTGAGAC
DreBA <sub>CF</sub> 10	4,962	25	CTTACAGTCCTAATTAATATTTAA
DreBA <sub>CF</sub> 11	4,527	13	CATGAAATTCACA
DreBA <sub>CF</sub> 12	2,335	23	GTTAGTCAGAAAATGGCATTGAG
DreBA <sub>CF</sub> 17	12,628	27	AAATCAGCTTTTAACTTGACCTTGAA
DreBA <sub>CF</sub> 19	578	27	ATTGAAATAGTGTGTATAGTCACATTT TTGAAAAGCCAATTGAAAGGGACACTATTGCCTTGGCCCAAA
DreBA <sub>CF</sub> 20	268	55	ATATGCTCCAGCA
DreBA <sub>FG</sub> 27	1,863	30	TAGATATTTTTTCCAAGATACTAGCATTAT
DreBA <sub>GH</sub> 40	5,275	26	TGTAATAAATTAATGCATACAGAAAA  GCAATAAAAATAATATGACTGTAATAAAAACCTTTATAGGGTATA
DreBA <sub>GH</sub> 45	4,705	83	AATTTCTGAAGGTTAAGAATAAATGGCTGTAAAGCAAACA
DreBA <sub>GH</sub> 46	4,300	35	AGACGTCTGGGATGACCAACGTTAATTTGTTTACA
DreBA <sub>GH</sub> 47	2,445	14	CAGTCGCTCTTCAT  AACATGCAGCACGTGTTTCTATATTTAAAAAGTAAAAAAGTA AACAGGCTTTAGTTCGATGTGAGCGTTTTTGTGTTGTCATGTT ACTTAGATATATATTGGCATGATTTTAAATACGAATCTAGTT TCATTACAACAATTGGACATCTGCAATTTTACCCTCACCAGAA CGCACCACGCACAATGTTAAGCTGTTATAGAAATGTAGCAT CGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT ATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATGTTTATATGTT TATTAAT
DreBA <sub>GH</sub> 48	1,591	311	TATTAAT  TAACAGCTTTTGTGACTACGTCAACAACAACAGTAGGG GCGTTTATTGCATTTTATAGTTTGTAAACCATTTACAACCAC ATTTACCATTACACCTGACGCTCAGGTCCATTTCAACATCCCC CTCTTCTGTAAATACATTAATAGAATATTGTTGTCAAAGAAT TGAATACGACTCGGCCTACCTCGCTTATTTTGTGACGCGGGG CACAGTCAGTTCGCTTATTCCTGTAAAATTGAACGTGCTTATG AGCATTGGATGTGTTAATCTGATACCAATTAATCGTGTACT TTTTAAAATTGGCCGTCTAGACCCTGACATT TCTCATTAACCTACCCGCTTGAACATATTAATGTGCATATTCT CCCCCTCC
DreBA <sub>GH</sub> 50 <sub>bcd</sub>	1,068	331	GTCCGTGTGGGATGCGAGAAACCATAGTGAACGAGGATCA GACAGAAAGATGCAAATGATCATCAAAACACACCGCAAATA TGAAACTACTCATTTGCAGCCGAGTAAATCATAGAAAACCTGA TCGGAACTGGCAC
DreBA <sub>GH</sub> 51 <sub>bcd</sub>	550	50	AGTGTGTTGTGTGTGTCAGTCAATCAAA
DreBA <sub>GH</sub> 52 <sub>acd</sub>	368	139	TAGTTTTTAAGTTAAATGGTGCACCTTTTAAAC
DreBA <sub>HI</sub> 55	1,971	27	CAACATGAAACTGCCTATTTATGC
DreBA <sub>HI</sub> 56	1,598	31	ACAATAAAGTTTACAAGCGAGAATCCGTGACA
DreBA <sub>HI</sub> 60 <sub>ab</sub>	1,520	24	
DreBA <sub>HI</sub> 62 <sub>b</sub>	1,219	32	

DreBA <sub>H<sub>I</sub></sub> 63 <sub>b</sub>	189	189	ACATTAGACAAGGCTCTTGGAAAGCTGTATACTCATTGGAGGA TATATCATCACGTGCTGCCATCACGTGGCCCTGAGGAAAA AGGGGTGATTTTTGGTGAAATCTAGACTGTAATTCGTGAATA TATCATTGGACCTCGTAAAACCGACACTAAAACCTCTTAGCA TATAAATCACTTCTCAAATT
DreBA <sub>I<sub>J</sub></sub> 65 <sub>abcd</sub>	5,885	208	AGATGGCGACGGCAGAGCTACTGCTGTAAAAACAGTCATGAA GAAATGCAATAAAATTCCTTGTGTTTTATGAAAATTTACAAC TTGTGATAGAACTTTATGAGTGCCTGGGTCTGGGATTGGCCG AGGATGGTCATGTGGACGAGTAACCGTGAACATGAACTTTTT ATGATTTCCCAAGTGGTTATATTGCAGCATTCTTTTGG TTGAATTAACATTGTGTTAACACATTAAGGCAGGAGTTTGTG
DreBA <sub>I<sub>J</sub></sub> 67	2,278	51	ATTACCC
DreBA <sub>I<sub>J</sub></sub> 68	1,387	22	TATTTTGAGTTACGCTCAAAAA
DreBA <sub>I<sub>J</sub></sub> 69	141	26	CCCGCACTGGCACATAGCCACCCAGA CCAATCTCCGATAAACTACTAATAGCTAAACCACTTGGACTA
DreBA <sub>I<sub>J</sub></sub> 70 <sub>ab</sub>	89	61	TAAAACACAACAAATCATA TCAACAAACCATATATCTTTTTGGAACATAAATCATGATCTCA
DreBA <sub>J<sub>K</sub></sub> 77	909	50	CATTCCT TCGTCATCATTGTGAACCATAGAGCATGAATTACCTCTTGAAG TCATCAGTGAGAATTTACGACTGGTCAACAAAAGCACGTGAT TCTCAAACGCACCCCAACCCCATATTTGGCCGCATACATAG CAAAAACGAAGTACAGTGCATTGCTATAATTCATTAATACAT CATAAATCGTGAAGCACAGCGTTATAACGACCAAGATCTACA
DreBA <sub>J<sub>K</sub></sub> 79 <sub>bc</sub>	236	215	AATC AACATTACCTACAGACTGTACATCGCGGCACCTTTTCGGC
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 83	12,508	64	ATGTTATGGATGTTTTAGGCAT GTTGTTCTTGTACAAAATATTGTTTATGTGTCAAGTGCTATGTT AATGCTTTCTTGAGAGTTAGCATGTGAGCTCTTAAATGTTATA ACTTATTTACCTATACACGTGTATAACTACCTTTTGAGTTTAC
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 85	12,316	131	A GTTTCATACGTGTGTATAGTTGTATTCCAAATATATAATTGTAT ATTACTGGATCATGTTTATGTTCCAAAAAAGGTTGTATATATT GAACATTTTTATTGTGATCAGTTGGCTATTTGTAGTGGGCAGA ATAAACGGCAATGTGGAAAAAAGTCATGTCAATCTGCCTGTT AGCATTTTGCCAAAATGCTTTTTGTATTTGTTGTAGTTAACT
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 86	11,959	217	TG AAAAGTAGCTATGACATTTACATGTCAAACGGATGAGCGTTT TATCTTGAAGTTAGATCGTAAAAATCGCCCAGGCCACAGACA GATACCCCTTACTGGCTCTCAAAGTACGTGGGGTCCATAA AGTTAGTTTTATGTTTTGGGGAGTTGACAATGTACTATATAT TTCACATTCTAGAATGCAAGTGACGGTTTAAAC
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 87 <sub>abcdef</sub>	11,215	201	
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 90 <sub>b</sub>	8,533	39	TTGCATATTGATAGGAGCAATCTGCGAGCATATCTCATC
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 91	7,654	19	CAGAGCCCCTTAGACCA
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 94	5,716	42	AAGTTTAATGCTGCCAGTCTCTTTTTTCAAAATTTAATTATT
DreBA <sub>K<sub>L</sub></sub> 98	8,534	83	TTTGCATATTGATAGGAGCAATCTGCGAGCATATCTCATCCAT AATGCATAGGGACAGGATCATCCAAGGGTCAGCAGACGGG

			AAGTAATGACCTGGGTACAATTCAATATGAGCCAGCAA ACTA TGCATGCATTACTATAGA ACTTTAGAGTGGGAGAGACCCAGAG GTAGGGGTGAACCGGAGGTCAGTGCCTA AACAATATTTAA ATGTACTGGGACTCGTGACACGCCTCGCTGTT TAACAAAGAC
DreBA <sub>KL</sub> 102 <sub>ab</sub>	4,301	197	TGCCAAAGTGCGAGATTAATATGAAAACT
DreBA <sub>KL</sub> 103	1,024	19	AACATTTGGTTTGTATTG
			TCTATATATAACCTGTAGATCCGGATTTGTGTA AACAGACGCA CAGTCACAAATTCGTATCTAGGGGAGTATGTAGT
DreBA <sub>KL</sub> 104 <sub>abcde</sub>	1,150	77	
			GTGATTTAGGAGGCTTTGTAACCTGAATTAGTTGATGAATTTT CTATCGATCTTAAACAAGCCTAGATTCATCTCTG
DreBA <sub>KL</sub> 105 <sub>abc</sub>	635	77	
DreBA <sub>KL</sub> 106	457	13	TTTTCATGAACAC
DreBA <sub>KL</sub> 107	1,440	36	TTTCTGATTGTAGGAAAATTATGTTTCAGAGCCACA AAACGAGTAAAGGGATACATATAAAATTTAGTATATTTTGTGT GCAATTCAAAGAAATT
DreBA <sub>KL</sub> 108	60	59	
			CAGATTTGGTGAAGATGGATCCGCGTTTCATCTTTAATCACGC CAAACCTCGGCCCATTTGTCATGTTTAC
DreBA <sub>LM</sub> 110 <sub>abc</sub>	22,379	71	
			GTCTTGAAGATCACTGCCTTTCTCTCTGGTGATTTATATCGCT GCATTGCGAGTAATCCTGGTACATTACGCCTTGAATCTTATT CTAAATCACAAAACCTTTCTTTCTGTCTCGCCTTTTTTAATT TAACGGTGCACAAACCTCTGTTCACGACGCCGTGAATGCG CCTAAAAATATGGATCCATAGTAGAAAAAGCTGAAGTTAAAT AGTTTCTCGGCTCGTGGGCTTTTAATGCTTTAATGAGTGAAT TCTTGACACAACAGTTTCGGGACTGTTTGCCAGCGCAAGCTGT GTGTTTTTTATATTACAAAGGAGCGGGTCGGTGCCATAGCTCA AACCTGACAACCAAATAGATAATCAAGAAGACAAATGGCTT CTTTTGAAGGCGCAGCCCTTGATTAATTTTCATTTTCTTTTC TCAGAGCAGGTATTGAAAATATAGAGCCGGAGAAAATAACAT TCCGTTTGCTGGCTTGAACCTTTACAAAAAGTATGGCCTTAAA TTGGTCTTCTAGCATTCCGTGGCACAGAGAAGATTTTCTATTA
DreBA <sub>LM</sub> 113 <sub>bc</sub>	21,228	557	C
			AAAGTTCACCGCCATTATTTGCAGACAGATGCCTTAAGAAAA ATGTGAGAATTATACAGAAAAATCATTAAATCAC GGTCATAGTAATCCCGCGAGCGTGCAAGCCGTGGTGCCCCC ATCCCCCTCCTGGTACGTGATTCATTAATAATTAATGCAGT GGTTGCAGAATAGATATGTATTGTCAGGAATATCGCAGACA TGGTCTCCTAGTGTCTGACGTGAAATTCAACTGTCCTTTTAAA
DreBA <sub>LM</sub> 114 <sub>ab</sub>	20,131	75	
			AACA
DreBA <sub>LM</sub> 118 <sub>abcd</sub>	15,298	174	
DreBA <sub>LM</sub> 119	11,555	26	TTATTTTCTAAACTAAGGAAAATAT
DreBA <sub>LM</sub> 120	6,750	22	TGTAATAACTGTTTTGTAAATG CTATTCATGTCATGGCGTCTTTCAGTGCAGTAAGATGGATTTA CCTCGTGGCCCTTTATTATGTGCCTTTATAACCTTTCAGGT CAGCTTCCAAGAGGCCATTGGAAAAGAGACCGTCACGTGACAA CTGGTGCCAATGTTCTTCC
DreBA <sub>LM</sub> 127	192	147	
DreBA <sub>LM</sub> 129	9,435	27	TAATTTAATTGATTTTATCATAAATCA
DreBA <sub>LM</sub> 132	4,465	36	TGCAGACACCTACATTTTGCCTTGTGCCTTCTCTCC CTCGTCAAGGCTAAGGTAAGCTGGTCTGAAATAGGCTATCA GTTTGTGAATGGCGGTATGTGTGCCTAGTGATTTATGACCGT ATGACTCCAACGCGGTTCAAGAAGAGTTTACAATGCTTTAA GCTTCC
DreBA <sub>LM</sub> 134 <sub>abcd</sub>	2,969	133	

DreBA <sub>MN</sub> 139 <sub>bcd</sub> e	3,459	41	TTAACGTGGATACAGGGTATATTTGAACAAAATGCATGTCC  TCTGGGCATCATTTGTTGCACTTAGAGTTTACATTAATGGGTG AGGAAGAAAAGTAAATCTTATTTTGAATCGGAAGACCTTCAA TCAGCGTCTTTTCGCTAAGTGTGTTCAAGTGAACATTCATAAAT ATATATTTATTTGTTATAGCCAGTTTAAATACTTTCTTTTTTGT ATTATTTATCCCCATGTATTTATATCGATAAAAAATGTACTTTTT
DreBA <sub>MN</sub> 140 <sub>abc</sub>	3,366	229	TAGTATCTACCTG
DreBA <sub>MN</sub> 141	2,895	17	AACAATTCTTTAATAAA
DreBA <sub>MN</sub> 144	1,213	41	GGCTGCTGTCAAGCGCTTTGCCGGCGAAAAGATTGATCACC
DreBA <sub>MN</sub> 145	791	17	ATAAAAATATAAAACAA  CCAGGCCCCGAATTTCAATTGGCTGAGATGAGTCACGTGACC AGGAATTGGCTGCAATTTTCGCCATAGTCTTCAGTTTAGTAGA CCCTGGTCCCCATACGCTAGTAATATCACCAATATACACAAT TATTAAGCCCGCAAATGCCGCCATAGCAGGAGCGCAAATA
DreBA <sub>MN</sub> 146	242	194	AATCATAGCTTTTGGATGTTATT TTTAGACCTAGTTTATTATTGAGATCCTTTAATAGTAAATTC AAATTTATTATTGTACGTTATTTTCATAGTTGAAATAATAAA
DreBA <sub>NO</sub> 147	14,210	94	AATAAAA CTGCTCTCGCCCTGATGCAAAATGGCGCTCGAAACACAATGA
DreBA <sub>NO</sub> 148	13,453	72	AGGATATGAACAATAAAGCGGCAGCCATTA
DreBA <sub>NO</sub> 149	13,066	20	ATTTATATTATAAACATTAA
DreBA <sub>NO</sub> 154 <sub>bc</sub>	14,161	34	TATTTATTGTACGTTATTTTCATAGTTGAAATAA
DreBA <sub>NO</sub> 155	6,699	33	AGGTTTGTTAATTGTTTGGCAATAAAAAATTATG
DreBA <sub>NO</sub> 157	5,114	20	TAAATAAATAAATAAATAAA AGCCATATTTCGACAGTTTTAAAAAATAAACTACTGATAATA AACATAAGACTGAGTTTCAGTATTTTTATTGTATTTTTGTCAA
DreBA <sub>NO</sub> 158	2,044	106	GAGACGTTTGATTTTTTTATT TCAGATTGATGGGCTGGTTTGATTGAAGTGGCTTTGTCATGCA
DreBA <sub>NO</sub> 161 <sub>abc</sub>	281	63	AATGTCAAGCGCGTGATGGA