

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
			TACCCTTGACCATGACTATGCAGTCGCTTTGACCTTGACATCA CAGAGTCTTGTGAATAATAAACAGAGGGGCTGGACACCACTG CCGTGGTTTTGTTTTTCAGGCAAACAAGGTGTTATTTCCCTGTCT
DreCA <sub>CD</sub> 2	4,973	167	AGACGGCGAGAGTTAATGACATAACCATAAATGCATAAAA
DreCA <sub>CD</sub> 4	3,046	23	AAAATATTCTAAGCTCGAAAAAT CTTTGTTTACGCTATGGCCCTGTCTGGACGGAAAAGGATTCCA AGACAGCAATCTTACAGCGGCGCAGACAGTGCCTAGACACT
DreCA <sub>CD</sub> 5	2,422	93	GACCTTGA
DreCA <sub>CD</sub> 7	1,302	43	AATCCAAATTTAAAATTATAAAATATATTTACATAATATATTT
			CCTCTGCCAGCTTGTAATAATCAAATAAAAAGAATTGCGAGAT GTGTAACAATCTACCATGAGTTTGACTGCGAGTATTTATAGGA TGTATCTGTTAAAGTTGTTTCATGTGAGGTGACTAGAGCATAT TATCTAAAATATAGGCTACGCTCTTAAACATTTCTTATAGAAT ATCATCATCTTTTACGGAGCCAATGGTTTCAACCTGTGACCC CACTACAGTAAATATGAGTGGAGTTCAGCACTGAGCATCAGT ATTTCTTTAAAAACAAGCCTGTA AAAAGATGAACATCACATTTTT ATATGACACTGAATTCAGCCGTAATTTGTTTAAAAACAAAGTC GAAGGCAACCTCTCCTCAAAGGAAAAATAACGTTTATTTTGT GGGAAAATATATGTATTTTGTAAATTTTATTTTATTTATTTATT TTTTTTTGCTTTGTCAGTAAAGATTA AACGAGGCTAGGGACACT TCTGTGTATAACAGAAAGGCGAAAGAGGATCAGTTTAGAACT TTTGAGCTCGGGGAAAAGGAAAACAAGATTTTACATTTTAAAT AAGATATTTTATAGAATTTTAAAAAGCATATAAAAACACGTAT TACAGAAGTAAATGTTTTGTTTTGTCTGAAAAGCACCAAGTGG GTGGTACCTTCTAGTGTTTCGAGTAAGCTCCGGCACGTGACGTG GAGATGACCAATCAGGTGCACCTCCAGTTTAACTACGTTAA ATGTCAGATTGCAATAAACTAGAAAGCTGTTGGTCTGGCCCCGG
DreCA <sub>CD</sub> 8 <sub>abcde</sub>	775	775	GAA
			GTTAGATATTTGTCTTCCTTAGGCCTTTTTAATTATTTAACTTT TATTTGTTTTCTGTAGAACAAGAAGTTCTTGCTTTTCCGCCGT TCGGACTTTTATGGCGGCTGCAGTGAGAATTTTAGTGGTCAAA TTCAAGTGCCTGGTCTGGGCAGCTGTCTGCTTTCTTTGTACTTG GTTGAAGGCATATTGCACACCAACCTTTTGT
DreCA <sub>DE</sub> 22	1,975	206	
			CTCCTACGCATCCATGTGTTCCAAATTGATATATGACAATATC TACTTTTCGATCACGTGTTGCGGGGCGACTTAGACGGATTGCGC GTCATCTCGCCTTCCCAAATTTCTCCTTCTGCAGCTCGAATC CAAAACATCATATCTGTAGTACGGACTACAGGAGAA
DreCA <sub>DE</sub> 26 <sub>bcd</sub>	167	165	
			TTTTACCATTTAGAACTGTGACTTGTACAATCTGTAATAATG TATTCCTTGTACAGAGATTATGCATTGTGCATTTCGTAATGTA AATATAATGTTATTTGAGTATCCTCAACTTATCCCTGCTGCTA TATTTCTTTACATTGCCCTTTCAGCCTTGTGAGCTTTGTGTTC AATCTTTAAATTTTGTGTACGCCCAAAGTTCTCTATCTTT TTTTTTTTCTTAAAGGGAAGTTCCGGCGTCCGATTGGCCCTGT GTACTGCGTATTAATCAAAAATAAA
DreCA <sub>EF</sub> 28	5,968	286	
			CTTTTAGTACCTTCTAAATGGAATCGCCACTCTTCTAGTCTAG ACACTGCAATAAAGCTAGGGCCCTAAATTGCCTTTTTCTGACT TAATTGCACCGTCTGTTCTAGGGGAATGGTGTCACTTCCGCA GTAATAAGTAAACAAG
DreCA <sub>EF</sub> 29	5,234	145	

			TATAATTA AAAAGTTGCTTTGAACTCAATAATGTCAAGGCCT TCACCTTTAACCTATTGCAATAAAGCGAAATCAAGGAGCCCC TTTTGTCAGGAAACGTGGTGAACAGAACAGATCCAATCAGCG CAAGTGGGAAAGAACCAAGGAATGTCTAAGAAGTAACACTTT GACCTCTCGCATTAAACTACAGCAGGTAACCTTTCCAGTTTTA GCACTCCCATTAATGCACTTTATTGTCTCTGTA AAAATGTA
DreCA <sub>EF</sub> 30	4,757	253	CAAGGCTGGAAGGCCTGTCTTTTGTACACCCACCAACCTTG
DreCA <sub>EF</sub> 31	4,091	71	GCCCTGGCTCAGTGACGTAGTTAATTTG
			CTTGTTCGCTGTTGGCTTCCTTGTTC TAATACACGGCTAGA TGGCGCCATTGCTCCATGCTGCACCACATAAAATTCAACA GACCCAGTGACGTCAAGACGGTCTGGCGCATCAAGGCCACT TTCAAAACCTTATTGGTCTGAAAATCACATGACAAAACGCCTT GAATCCATAATTATGTTGCTGATATTTTCGCCCCCAAAAAG ATGTCAGC
DreCA <sub>EF</sub> 35 <sub>abc</sub>	297	223	
			ATAACGTTGATTTAAATATTATCCAGGTGACCACAGTAAGTCA AGGTCATAAAATTGTAATGTCATGACGGTCCTGGAAAGCGCT GGGGTGGAATTTATGATCTGCAATATAATGTGCTGCTGCAG TAAAGATGCATTA AAAAGGTGAGTGGAGGAGGG
DreCA <sub>FG</sub> 38 <sub>ab</sub>	8,336	160	
			GTGGTTTAGGTAGTTTCATGTTGTTGGGATTGGCTTCCTGGCTC GACAACAAGAACTGCCTTGATTACGTGAGTTCGTCTTCATCA AGGGCGACAATTGCCGTTAAATTACACCCTGTGCAATGAAGTT TCCGCAAATGGCATTGTAATGAACTG
DreCA <sub>FG</sub> 40 <sub>bcd</sub>	7,264	157	
DreCA <sub>FG</sub> 43	5,670	20	TGTTTTGCGACGGGAGGAGA
DreCA <sub>FG</sub> 44	824	64	TTATTAACGACACGTTTATGAACAATCAAATGGTCCTCGTAAA
DreCA <sub>FG</sub> 45	409	29	AATTTATTGAAGGACATAAAA
DreCA <sub>FG</sub> 50 <sub>ab</sub>	810	18	GACAGAGATTGATTACACCAACAAATAGT
			TTTATGAACAATCAAATG
			AAATAATTACCTGTCTTGATTGTTCTACGGTCAGATAAAAAAAG TACACATACTCCATATAATAATCGGATGCATGTA
DreCA <sub>FG</sub> 52 <sub>c</sub>	100	82	
			AAATTGCCTTTTGTGGGCCTTAACAATACGAACAGGATGCGG TGATTTCAAAGCCTGATCGACCACGTTTCCGCCCTAGA AATGCCAGTTTACAGCCCTGTTGGAGCTTGGTGTGTTGTCT CTGATGCAGACGAACAAGCCAACCTGGCTAAGCTAGAC GTCTGGGCTAAATTA CTTTATGGTTAATGGACG
DreCA <sub>GH</sub> 56	2,723	206	
			TAAACACTTATGATTATCGAGCATTGTTGTCGTCTTCGGAAGAC ACGAATAGCTCGAAGCCAATCTTA ACTATTTTAAAAGATTGTA TCACGGCACTACCTAAAA CAAAGTTTGTCTAGAAA GAATGAA TTTATTTATTCTACGTGCTGCTTTGTTAAAA ATAATTATACATT TTCCCCAACA ACTTAAACTGCCTATAGAAA ATGCACATTTAT GTGTAGTTGAACAAACACGCTGATTACTACCTACCTTACTTA AAGAAAGAGAGTCAATTTATCGTGCTGGTGTATAGCGTAGAT TTTGAATTGCACTGAGTATAATCTTCA TGACGCTTGTATAT CTTGCTGTTATCAATATGCTCGTTTTACTTGTGTTCCCTCGTGTG
DreCA <sub>HJ</sub> 65	11,180	391	AA ACATTCTAGTTGTTTAGAGGGGAATTTACAGCTAAGTAATA AAAGTTACGACTGAATACACGCGGTCATTGGTTGCGTCAGAC CACGTGGTGTCACTCTATGAACATGAACTTTGTGCTGTTGTC
DreCA <sub>HJ</sub> 67 <sub>abc</sub>	6,174	130	T

DreCA <sub>HJ</sub> 74	2,864	53	TTCTCTCCAGTCACATCAACATACCAACTGCAGACTGAGTGTG GTGTGTTTTA
DreCA <sub>JK</sub> 83	482	226	TGACGCTCTTGCTAACGGTCTCGCCCTTTTAGCCAAGACCC TTGCATGATTCCATACCGAGAAATTATCGGACACGTTCCCT GTCTATCAATAACCTCCTGGGGATCAAGCCAATTTATGACTGG CCAGGAGCTGCACGTGATTCTATTTAAACATTCCATATTTGGG CATTACACGTCGTACCAAGAAAAAAGAAAATGATTTCCTCC ACCTATAAATCC
DreCA <sub>KL</sub> 87 <sub>bc</sub>	8,555	91	TCATTAAGTGGGTTTTATGGCCTGCAAGACCTGACAAACCT CAATATATTTACATCATATATAATGTAACTGTCCGTAATCGC AGCTG
DreCA <sub>KL</sub> 93	4,817	19	AAAGAATTTATTTATTTTT
DreCA <sub>KL</sub> 96	3,001	50	TATATTTCAGAATAGCTTAGGTCACTTAACTACAATCACTC GATTTTT
DreCA <sub>KL</sub> 98	2,893	32	ATTAATATCATATAGGAGTAAATGTCATTC
DreCA <sub>KL</sub> 99 <sub>b</sub>	2,503	87	CATCAATAACTCCTTGGCAGTGAACATTGGAAACGAGTCGAA CGCGAGGGGTGAAATGCGGGTCAGGCTGTCTAACTAATATTA AAA
DreCA <sub>KL</sub> 102	151	151	GGTTCCTTATCCGGAACTACATCGCCCCATGCCATTGGGCCA TCGAATCACGTGGTAAAAGTAACTTTACAGGGTTGCTCGCTAG TAGGAGGGCTTTATGGAGCAGAAAAACGACAAAGCTAGAAAA ATTATTTTCCACTCCAGAAATTA
DreCA <sub>LM</sub> 103	12,836	310	TTATTTATAAAAATAATATATTTTTGTTTTTCGTAGGTATCTTGT GCGTAAAGGGGGTTCCTTTAAGTCCACAGTTATATAAAATGCA TGTTATATAGCATGGATTATTGCGAATACCTATGGATTATTTTT TACGCGACACAGGGTTAATTTATCTAAAACCTGAATCAATATG ATGTTTGTTTTTGTTATATGTTTTTCAAGAGAAATGTTTTGGG CGAAGCAGGTTATGGACATTTTATTCAAATGTTATTCGTGGGC CTTTTTGCCAGCTGCCAAGGTGAAGTGCACAACGAATCTATT TATTTTC
DreCA <sub>LM</sub> 104	12,328	132	GTTGTGTTTAGGCTATTAACAGCAGATTGTTGTGAGATGCAAT AAAACCAGTTTAGTGTATTTGTGCTAATTATATTGGTCAATAA AACGTAAGTGTCTATTAGTTTAACTAGACTTGGGTGACTTTT ATT
DreCA <sub>LM</sub> 105	10,733	402	TTATGTGACTGAACAGCAGAGAGAAATGAATGTGCACGCCA AATCATAGCATCCCGGCAGTCTTTTCGAGACGCTGTGCCTC CATGTGCGGAGGCTGAAAAGATACTTTATTGAAGTTTGTGGCA ACTAAGAAAAGTCGAGTTCAATTTGAGGACACATTTCTGTCC CATTAGTTTCATTTACGCCGGGTCGGCCGACCTCTCACACCCC TTGACCCCACTGGCTCTCTCAACGTGTACCTTCTGTGTGCACC CTCACAGGCTTCTTGGGGTCCACCGGTGCTCTTGCTTTTCATT GTGGGTTTTTGGTTATAATGATGTGCCAATAGAAGAAGGACAT CTGAATGTGTTTCTCTTTTGTGCTCTGCACCGTATGACCTACG AGATCGGTAAACTCT