



รายงานผลการวิจัย มหาวิทยาลัยแม่โจ้

เรื่อง การศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการ
ใช้อาหารโค

Analysis of rumen bacteria to improve cattle feed efficiency

ได้รับการจัดสรรงบประมาณวิจัย ประจำปี 2552

จำนวน 410,000 บาท

หัวหน้าโครงการ นางปิยะนุช เนียมทรัพย์

ผู้ร่วมโครงการ นางสาวแสงทอง พงษ์เจริญกิต

นายปราโมช ศีตะโกเศศ

งานวิจัยเสร็จสิ้นสมบูรณ์

20 กันยายน 2553

การศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการใช้ อาหารโค

Analysis of rumen bacteria to improve cattle feed efficiency

ปิยะนุช เนียมทรัพย์¹ แสงทอง พงษ์เจริญกิต¹ ปราโมช ศีตะโกเศศ¹

PIYANUCH NIAMSUP¹, SAENGTONG PONGJAROENKIT², PRAMOT SEETAKOSES²

¹ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้

² คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้ได้ทำการศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพของแบคทีเรียจากของเหลวในกระเพาะรูเมนของโคพันธุ์ Holstein โดยใช้เทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุล ทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยวิธี PCR โดยใช้ primer ที่จำเพาะกับยีน 16S rRNA ของแบคทีเรีย (ประมาณ 1.5 kb) และทำการสร้าง 16S rDNA clone libraries ได้ทั้งสิ้นจำนวน 69 โคลน เมื่อทำการเปรียบเทียบความเหมือนกับ 16S rDNA ในฐานข้อมูล National Center for Biotechnology Information (NCBI) พบว่ามี 3 โคลน เป็นแบคทีเรียที่ทราบชื่อ คือ *Fibrobacter succinogenes*, *Eubacterium ruminantium* และ *Butyrivibrio fibrisolvens* ที่ความเหมือน 97%, 90% และ 98% ตามลำดับ และจากทั้ง 69 โคลน พบว่ามีจำนวนโคลนที่มีความเหมือนมากกว่า 97% ทั้งสิ้น 22 โคลน ที่มีความเหมือนอยู่ระหว่าง 90-97% มีจำนวน 42 โคลน และที่มีความเหมือนน้อยกว่า 90% มีจำนวน 5 โคลน นอกจากนั้นพบว่าลำดับเบสส่วนใหญ่ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนของโคจะอยู่ในกลุ่มของ low G+C Gram positive bacteria (LGCGPB) และ *Cytophyga-Flavobacter-Bacteroides* (CFB) ที่ความเหมือน 34.8% และ 12.0% ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบโคลนที่ยังไม่ทราบชนิดของแบคทีเรียจัดอยู่ใน 3 กลุ่มคือ uncultured group I, uncultured group II และ uncultured group III ที่ความเหมือน 14.4%, 4.3% และ 21.7% ตามลำดับ

ABSTRACT

Molecular diversity of rumen bacteria was analyzed by PCR amplification and sequencing of 16S rDNA clone libraries prepared from the rumen content of Holstein cows. A total of 69 clones, containing almost full size 16S rDNA sequences (about 1.5 kb long), were completely sequenced and subjected to an on line similarity search. Three sequences from the 69 clones closely resembled that of *Fibrobacter succinogenes*, *Eubacterium ruminantium* and *Butyrivibrio fibrisolvens* at 97%, 90% and 98% similarity, respectively. Of 69 such clones, 22 showed more than 97% sequence similarity with known sequences, 42 clones had 90-97% similarity and for the remaining 5 clones, the similarity was less than 90%. The majority of clones fell into the low G+C Gram-positive bacteria (LGCGPB) and the *Cytophyga-Flavobacter-Bacteroides* (CFB) at 38.4% and 12%, respectively. Unknown sequences were found to form three unique clusters, uncultured group I, uncultured group II and uncultured group III (14.4%, 4.3% and 21.7%, respectively).

(ค)

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณ สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ (วช.) และสำนักวิจัยและส่งเสริมวิชาการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ ที่ให้การสนับสนุนทุนอุดหนุนการวิจัยประจำปีงบประมาณ 2552

การวิจัยครั้งนี้สำเร็จลงไปได้ด้วยดี จากความอนุเคราะห์อุปการณและเครื่องมือในสาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ และห้องปฏิบัติการจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ และคณะสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ คณะผู้วิจัยจึงขอขอบพระคุณมา ณ โอกาสนี้

นางปิยะนุช เนียมทรัพย์

นางสาวแสงทอง พงษ์เจริญกิต

นายปราโมช ศีตะโกเศศ

คณะผู้วิจัย

(ง)

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อ	(ก)
ABSTRACT	(ข)
กิตติกรรมประกาศ	(ค)
สารบัญ	(ง)
สารบัญตาราง	(จ)
สารบัญภาพ	(ฉ)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย	3
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	12
ผลและวิจารณ์ผลการวิจัย	19
สรุปผลการวิจัย	31
เอกสารอ้างอิง	32
ภาคผนวก	33

(จ)

สารบัญตาราง

ตาราง		หน้า
1	ค่าความเหมือนจากการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนกับข้อมูลใน NCBI	22
2	แสดงผลการสรุป 16S rRNA gene clone ในกระเพาะรูเมนของโค	27

(จ)

สารบัญภาพ

ภาพ		หน้า
1	แผนที่ของ pGEM [®] -T easy vector และบริเวณ multiple cloning site	14
2	ลำดับเบสของแบคทีเรียอ้างอิงจาก NCBI	14
3	ผลที่ได้จากขั้นตอนการทำ sequence alignment ด้วยโปรแกรม clustal X	15
4	แสดงการตั้งค่าโปรแกรม dnadist	16
5	แสดงการตั้งค่าโปรแกรม Neighbor-Joining	17
6	แสดงการตั้งค่าโปรแกรม Consensus	18
7	ภาพที่ได้จากโปรแกรม Tree view	18
8	การวิเคราะห์ผลผลิตจากการทำ PCR ด้วย 1% agarose gel electrophoresis	20
9	การวิเคราะห์การตัดด้วย <i>EcoRI</i> ด้วย 1% agarose gel electrophoresis	20
10	Phylogenetic tree ของ 16S rRNA จากแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน (แต่ละโคลนแสดงโดยใช้อักษร RB ตามด้วยเลขที่โคลน) ใช้ลำดับเบสของ <i>Aspergillus nigers</i> เป็นกลุ่ม Outgroup for rooting tree และเลขที่แสดงบนกิ่ง (%) มาจาก 1000 bootstrap tree	29

คำนำ (Introduction)

จากแผนพัฒนาเศรษฐกิจและสังคมแห่งชาติได้มีการส่งเสริมให้เกษตรกรได้เพิ่มการเลี้ยงโคให้มากขึ้นเพื่อลดพื้นที่การเพาะปลูกพืชไร่บางชนิดที่มีปัญหาเรื่องผลผลิตและราคาตกต่ำ จากการส่งเสริมอาชีพโคดังกล่าวได้มีการรณรงค์และสนับสนุนให้ประชาชนบริโภคน้ำนมเพิ่มมากขึ้นด้วย ดังนั้นน้ำนมดิบที่จะผลิตเป็นน้ำนมพร้อมดื่มจึงต้องมีคุณภาพดี อย่างไรก็ตามการผลิตน้ำนมในประเทศไทยในปัจจุบัน มีต้นทุนสูงโดยเฉพาะต้นทุนอาหารซึ่งสูงถึง 70-80% ของต้นทุนการผลิตทั้งหมด ดังนั้นผู้ทางต่าง ๆ ทั้งการผลิตอาหารในฟาร์มโดยเกษตรกรการผสมอาหารที่มีต้นทุนต่ำ ตลอดจนการใช้ประโยชน์อย่างมีประสิทธิภาพ จะเป็นช่องทางที่สำคัญในการลดต้นทุนการผลิตและเพิ่มผลผลิตน้ำนม โดยเฉพาะในระดับเกษตรกรรายย่อย ซึ่งมีปัจจัยสำคัญที่เกี่ยวข้องคือสุขภาพแม่โคและการจัดการฟาร์ม โดยในจังหวัดเชียงใหม่เป็นจังหวัดที่มีประวัติการเลี้ยงโคมายาวนาน ดังจะเห็นได้จากการได้มีการจัดตั้งสถานีผสมพันธุ์เทียมขึ้นที่จังหวัดเชียงใหม่ และการเลี้ยงโคในจังหวัดเชียงใหม่ได้มีการพัฒนาและเจริญก้าวหน้ามาอย่างต่อเนื่อง เพราะการเลี้ยงโคเป็นอาชีพที่ก่อให้เกิดรายได้ดีและมีความมั่นคง ทำให้อาชีพการเลี้ยงโคในเชียงใหม่ได้รับความนิยมมากกว่าการทำเกษตรในด้านอื่น ๆ

โดยปัจจุบันมีรายงานว่าได้มีการเลี้ยงโคเพิ่มสูงขึ้น แต่ผลผลิตของเนื้อวัวและความสามารถในการผลิตน้ำนมของแม่โคยังไม่มีประสิทธิภาพ สาเหตุสำคัญส่วนใหญ่นอกจากปัญหาด้านพันธุ์โคแล้ว การจัดการอาหารโคในระยะต่าง ๆ นับยังเป็นปัญหาสำคัญอย่างยิ่ง ในอดีตการศึกษานิตของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนนั้นทำได้ยาก เนื่องจากต้องอาศัยกระบวนการเพาะเลี้ยง ซึ่งมีข้อจำกัดในการตรวจสอบ เพราะแบคทีเรียบางชนิดไม่สามารถเพาะเลี้ยงได้ หากเพาะเลี้ยงได้ก็ใช้เวลานานและเกิดความผิดพลาดในการตรวจสอบได้ง่ายเนื่องจากเชื้อบางชนิดมีคุณลักษณะใกล้เคียงกัน งานวิจัยนี้ได้ใช้เทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุล คือ การหาลำดับเบสของยีนส่วน 16S rRNA ร่วมกับเทคนิค *Fluorescent in situ Hybridization* (FISH) มาใช้ในการแก้ไขปัญหาที่เกิดจากข้อจำกัดในการเพาะเลี้ยงดังกล่าว โดยทั้ง 2 เทคนิคนี้ไม่ต้องอาศัยการเพาะเลี้ยง อีกทั้งยังใช้เวลารวดเร็วในการทดสอบ นอกจากนี้ถึงแม้ว่าจะมีงานวิจัยในต่างประเทศ ได้รายงานผลของการศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนของโคนมโดยการหาลำดับเบสส่วน 16S rRNA มาบ้างแล้ว แต่ในประเทศไทยเองยังไม่มีรายงานมาก่อน ซึ่งโครงการวิจัยนี้จะทำให้ได้ข้อมูลพื้นฐานของแบคทีเรียชนิดต่าง ๆ ในกระเพาะรูเมนของโคที่มีการเลี้ยงในประเทศไทย ซึ่งมีสภาพแวดล้อมและการใช้อาหารที่แตกต่างจากต่างประเทศ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงมีความสำคัญอย่างยิ่ง และประโยชน์ที่ได้จากโครงการนี้ คือ เพื่อนำข้อมูลพื้นฐานที่ได้ไปใช้ในการปรับใช้เทคโนโลยีชีวภาพทางอาหารของโคให้มีประสิทธิภาพดีที่สุด

โครงการวิจัยการศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการใช้อาหารโค เป็นโครงการวิจัยที่มุ่งเน้นศึกษาถึงการศึกษาในเชิงวิทยาศาสตร์ของแบคทีเรียในรูเมนโดยวิธีทางด้านชีววิทยา ในการหาลำดับเบสของยีนส่วน 16S rRNA และนำข้อมูลที่ได้มาใช้ในการในการออกแบบ 16S rDNA probes เพื่อนำไปใช้ในการตรวจสอบกลุ่มของแบคทีเรียที่มีอยู่จริงในกระเพาะรูเมนโดยเทคนิค *Fluorescent in situ Hybridization (FISH)* โดยจะสามารถทำการศึกษายาทาและติดตามการเปลี่ยนแปลงของจำนวนประชากรแบคทีเรียที่สำคัญในกระเพาะรูเมนได้อย่างมีประสิทธิภาพ เนื่องจากการศึกษาชนิดของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนนั้นทำได้ยาก ซึ่งการอาศัยกระบวนการเพาะเลี้ยงมีข้อจำกัดในการตรวจสอบ เพราะแบคทีเรียบางชนิดไม่สามารถเพาะเลี้ยงได้ หากเพาะเลี้ยงได้ก็ใช้เวลานานและเกิดความผิดพลาดในการตรวจสอบได้ง่ายเนื่องจากเชื้อบางชนิดมีคุณลักษณะใกล้เคียงกัน โดยจากการทดลองการให้อาหารหยาบและอาหารข้นในสัดส่วนที่แตกต่างกัน จะทำให้สามารถทราบถึงระดับความต้องการทางโภชนาที่จำเป็นที่มีผลต่อแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนในการเพิ่มประสิทธิภาพการใช้อาหารของโค เพื่อให้แบคทีเรียทำงานได้อย่างมีประสิทธิภาพในกระบวนการหมักเพื่อผลิตผลผลิตสุดท้าย เช่น กรดไขมันระเหยได้ง่าย (volatile fatty acids, VFA) แอมโมเนีย-ไนโตรเจน (ammonia nitrogen, $\text{NH}_3\text{-N}$) จุลินทรีย์โปรตีน (microbial protein) และสารประกอบอื่นๆ เพื่อนำไปใช้ประโยชน์โดยโคในการผลิตเนื้อและนมต่อไป การวิจัยจึงมุ่งเน้นศึกษาด้านต่าง ๆ ดังนี้ คือ ผลการศึกษาและวิจัยนั้นคาดหวังว่าจะเป็นการค้นพบองค์ความรู้ใหม่ การผลิตเทคโนโลยีใหม่ ๆ ในการเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตและคาดหวังว่าจะเป็นการเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตโค ตลอดจนเป็นการลดการผลิตแก๊สมีเทนที่มีผลต่อการเกิดอิทธิพลเรือนกระจก ซึ่งเป็นการรักษาเสถียรภาพตลอดจนการคงความเป็นมิตรกับสภาพแวดล้อมสืบต่อไป

นอกจากประโยชน์ที่ได้ในเรื่องของตรวจติดตามการให้อาหารโคแล้ว จากการศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนโดยวิธีทางชีววิทยาโมเลกุล ยังอาจทำให้มีการค้นพบยีนบางชนิดที่มีประโยชน์ในการนำมาประยุกต์ใช้ในระดับเกษตรกรรมและอุตสาหกรรมได้ เช่น ยีนที่เกี่ยวข้องกับการผลิตเอนไซม์เซลลูเลส ซึ่งเอนไซม์เซลลูเลสสามารถนำมาใช้ประโยชน์ในอุตสาหกรรมการเลี้ยงสัตว์และการผลิตพลังงานทดแทนเอทานอลจากวัสดุเหลือทิ้งทางการเกษตร หรือยีนที่เกี่ยวข้องกับการผลิตแบคทีเรียโอซิน ซึ่งสารแบคทีเรียโอซินสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการถนอมอาหารและป้องกันการเกิดโรคด้านมออีกเสบได้อีกด้วย เป็นต้น

วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย

วัตถุประสงค์เชิงจุดมุ่งหมาย

1. เพื่อศึกษาความหลากหลายและความสัมพันธ์ระหว่างชนิดและปริมาณของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจติดตามแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนของโค
2. เพื่อศึกษาการพัฒนาอาหารโค การให้อาหารโคที่มีคุณภาพทั้งระดับเกษตรและอุตสาหกรรม

วัตถุประสงค์เชิงกิจกรรม

1. เพื่อศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนของโค โดยเทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุลเพื่อให้ได้ข้อมูลพื้นฐานสำหรับการออกแบบ 16S rDNA oligonucleotide probes
2. เพื่อศึกษาการตรวจติดตามแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนโดยวิธี Fluorescent *in situ* hybridization (FISH) และการหาปริมาณกรดไขมันระเหยง่าย

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้ความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้องกับกระเพาะรูเมนของโคซึ่งสามารถนำไปหาความสัมพันธ์ของแบคทีเรียในแต่ละกลุ่มกับประสิทธิภาพการย่อยอาหารของโค รวมถึงได้วิธีที่มีความแม่นยำในการตรวจจับเพื่อติดตามการเปลี่ยนแปลงของจำนวนประชากรแบคทีเรียที่สำคัญในกระเพาะรูเมน
2. สามารถทราบถึงระดับความต้องการทางโภชนาการที่จำเป็นที่มีผลต่อจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมนในการเพิ่มประสิทธิภาพการใช้อาหารของโค
3. ได้องค์ความรู้ใหม่ในด้านอาหารของโค ได้สูตรอาหารที่มีประสิทธิภาพที่สามารถแนะนำให้แก่เกษตรกรและบริษัทผู้ผลิตอาหารสัตว์ได้

การตรวจเอกสาร

(Literature review)

1. ระบบการย่อยอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้อง (เทอดชัย, 2548)

กระเพาะสัตว์เคี้ยวเอื้องแบ่งได้เป็น 4 ส่วนด้วยกัน โดยมีสัดส่วนขนาดส่วนต่างๆ ในขณะที่สัตว์โตเต็มที่ เรียงตามลำดับจากส่วนหน้าไปยังส่วนท้ายดังต่อไปนี้ ส่วนที่ 1 Reticulum หรือที่เรียกว่า รังผึ้ง มีขนาดประมาณ 5 เปอร์เซ็นต์ของเนื้อเยื่อกระเพาะรวมกันทั้งหมด ส่วนที่ 2 Rumen หรือที่เรียกว่า ผ้าชีว มีขนาดประมาณ 80 เปอร์เซ็นต์ของเนื้อที่กระเพาะรวมทั้งหมด ส่วนที่ 3 Omasum หรือที่เรียกว่า สามสิบกลีบ มีขนาดประมาณ 7-8 เปอร์เซ็นต์ของเนื้อที่กระเพาะทั้งหมด ส่วนที่ 4 Abomasum หรือที่เรียกว่ากระเพาะแท้ มีขนาดประมาณ 7-8 เปอร์เซ็นต์ของเนื้อที่กระเพาะทั้งหมด

แบบของการย่อยอาหารในสัตว์เคี้ยวเอื้อง (พานิช, 2512)

การย่อยอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องมีครบทั้ง 3 แบบ คือ

1. การย่อยโดยวิธีกล ได้แก่การบดเคี้ยวอาหารในปาก โดยใช้ฟัน เหงือก กล้ามเนื้อ และน้ำลายช่วย
2. การย่อยโดยวิธีทางเคมี คือการย่อยอาหารโดยน้ำย่อยชนิดต่างๆ ในกระเพาะที่ 4 และลำไส้เล็ก
3. การย่อยโดยแบคทีเรีย ได้แก่การหมักอาหารในกระเพาะรูเมนและลำไส้ใหญ่

จุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมน (เทอดชัย, 2548)

ภายในกระเพาะรูเมนของสัตว์เคี้ยวเอื้องมีจุลินทรีย์อาศัยอยู่มากมายหลายชนิด ในแต่ละชนิดก็มีลักษณะที่แตกต่างกันแต่จุลินทรีย์บางชนิดก็จะมีคล้ายคลึงกันบ้างในบางส่วน แต่จำนวนประชากรและชนิดของจุลินทรีย์จะมีการเปลี่ยนแปลงอยู่ตลอดเวลา ขึ้นอยู่กับชนิดของอาหารที่สัตว์เคี้ยวเอื้องได้รับ

ภายในกระเพาะรูเมน มีสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมที่สุดกับการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์ เช่น ระดับ pH 5.5-7.0 และอุณหภูมิ 39-40 °C ซึ่งเป็นอุณหภูมิที่เอนไซม์ส่วนใหญ่ทำงานได้ดี นอกจากนี้ การที่มีอาหารเข้ามาอย่างสม่ำเสมอ ประกอบกับการบีบตัวเป็นจังหวะของกระเพาะรูเมน ทำให้อาหารเคลื่อนที่หมุนเวียนอยู่ภายในและกระจายตัวเองได้ดี ผลผลิตที่เกิดขึ้น ก็มีการดูดซึมเอาไปใช้ประโยชน์ มีการหมุนเวียนหรือระบายวัตถุที่อยู่ภายในให้ออกไปอย่างมีประสิทธิภาพ จากสภาพแวดล้อมที่ดีดังกล่าว ทำให้ประชากรของจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมนมีจำนวนมาก ประมาณได้ว่า มีจุลินทรีย์ที่อยู่ในรูปแบบของ Microbial protoplasm สูงถึง 10 เปอร์เซ็นต์ของของเหลวทั้งหมดภายในกระเพาะรูเมน แต่ถึงแม้ว่าสภาพในกระเพาะรูเมนจะเหมาะสมกับการดำรงชีวิตของจุลินทรีย์ก็ตาม แต่ก็ยังปรากฏว่า มี

การเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรของจุลินทรีย์อยู่ตลอดเวลา ซึ่งสาเหตุของการเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรของจุลินทรีย์ มีดังต่อไปนี้

1. การแข่งขันในด้านการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์ที่มีการเจริญเติบโตดี มี Biochemical work สูง ก็จะมีชีวิตรอดได้ดี จำนวนประชากรก็จะเพิ่มมากขึ้น

2. การปรับตัวของจุลินทรีย์ให้เหมาะสมกับอาหารที่สัตว์เคี้ยวเอื้องกินเข้าไป จุลินทรีย์ชนิดที่ปรับตัวหรือใช้ประโยชน์จากอาหารบางชนิดไม่ได้ ก็จะลดจำนวนน้อยลง แต่จุลินทรีย์ที่สามารถปรับตัวหรือใช้ประโยชน์จากอาหารได้หลายชนิด ก็จะมีชีวิตอยู่ต่อไปและเจริญเติบโตได้ดี

จุลินทรีย์ที่มีมากในกระเพาะรูเมนมีอยู่ด้วยกัน 2 ชนิด คือ แบคทีเรีย (Bacteria) และโปรโตซัว ประเภท Ciliated protozoa ในบางครั้งอาจจะพบ Fungi หรือจุลินทรีย์ที่คล้ายยีสต์ (Yeast) ปะปนอยู่บ้าง หรือโปรโตซัวประเภท Flagellated protozoa ที่พบในสัตว์เคี้ยวเอื้องที่อายุน้อยในบางครั้ง และเนื่องจากสภาพภายในกระเพาะรูเมนเป็นสภาพ Anaerobic จึงทำให้จุลินทรีย์เกือบทั้งหมดเป็นพวก Anaerobes ด้วยเหตุนี้ จึงอาจกำหนดลักษณะเฉพาะของจุลินทรีย์ที่อยู่ในกระเพาะรูเมน ได้ดังนี้

1. เป็นจุลินทรีย์ที่อาศัยอยู่ในที่ที่ไม่มีออกซิเจนได้
2. ให้ผลผลิตชนิดเดียวกับผลผลิตที่พบในกระเพาะรูเมน
3. ถ้าเป็นแบคทีเรียจะต้องมีอย่างน้อย 1 ล้าน/น. 1 กรัม

การกระจายตัวของจุลินทรีย์ในรูเมน (เมธา, 2529)

1. พวกที่คลุกเคล้าในของเหลวในรูเมน พวกนี้จะอยู่ในของเหลวในรูเมนมีอัตราการแบ่งตัวสูง เพราะในรูเมนนั้นจะมีกาไหลออกของของเหลวในระยะ Liquid phase เพราะฉะนั้นอัตราการแบ่งตัวของจุลินทรีย์เหล่านี้จะต้องสูงกว่า Rumen fluid dilution rate

2. พวกที่เกาะติดอยู่กับอนุภาคของอาหาร (adherent to feed particles) พวกนี้มีอยู่มากที่สุดในจำนวนจุลินทรีย์ทั้งหมด โดยเฉพาะแบคทีเรียที่ย่อยสลายพวกอาหารหยาบ การเข้าเกาะติดของจุลินทรีย์บนผิวของอนุภาคอาหารนั้นเป็นลักษณะที่พิเศษมาก

3. พวกที่เกาะบนผนังของรูเมน (adherent to rumen epithelium) พวกนี้เพิ่งจะพบเมื่อไม่นานมานี้ เป็นพวกที่เกาะติดอยู่กับเยื่อผนังของรูเมน เป็นพวก facultative bacteria พบว่าแบคทีเรียกลุ่มนี้ทำหน้าที่สำคัญหลายประการในรูเมน กล่าวคือ

- สามารถใช้โปรตีนจากเซลล์ผนังรูเมนที่ตายแล้ว โดยอาศัยขบวนการ deamination
- สามารถผลิตน้ำย่อยพวก protease ในรูเมนมากกว่า 10%
- สามารถผลิตน้ำย่อย Urease ซึ่งจะไฮโดรไลซ์ยูเรียให้ได้แอมโมเนีย และอาจมีส่วนช่วย

ในการขนถ่ายยูเรียผ่านผนังรูเมนให้มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น

- จุลินทรีย์กลุ่มนี้อาจช่วยป้องกันให้พวก obligate anaerobes จากการทำลายของ ออกซิเจน
- จุลินทรีย์กลุ่มนี้อาจใช้ออกซิเจนที่ซึมผ่านผนังรูเมนในการผลิตพลังงาน โดยผ่าน ขบวนการ oxidative phosphorylation

แบคทีเรียในกระเพาะรูเมน (เทอดชัย, 2548)

ภายในกระเพาะรูเมนมีแบคทีเรียอยู่หลายชนิดและหลายประเภทด้วยกัน ในการที่จะพิจารณาว่าแบคทีเรียที่มีอยู่ทั่วไปนั้น มีชนิดไหนบ้างที่เป็นแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ในกระเพาะรูเมนสามารถที่จะพิจารณาได้โดยอาศัยหลักเกณฑ์ต่างๆ ดังต่อไปนี้

รูปร่างลักษณะภายนอก (Morphology)

แบคทีเรียส่วนใหญ่ที่อยู่ในกระเพาะรูเมน จะมีรูปร่างเป็นแบบ Cocci short rods มีความกว้าง 0.4-1.0 μ และยาว 1-3 μ แต่อย่างไรก็ตามอาจจะพบแบคทีเรียรูปร่างอื่นๆ บ้าง เช่น Spirochetes, Rosettes, Ovals และ Tetrads แต่อย่างไรก็ตาม ขนาดและรูปร่างของแบคทีเรียเหล่านี้ก็ไม่แน่นอนหรือคงที่เสมอไป เนื่องจากพบว่า แบคทีเรียที่อยู่ภายใต้สภาพตามธรรมชาติที่มีแบคทีเรียหลายชนิดรวมกัน อาจจะมีรูปร่างที่แตกต่างไปจากแบคทีเรียชนิดเดียวกันที่อยู่ภายใต้สภาพห้องทดลองที่มีแบคทีเรียชนิดนั้นเพียงอย่างเดียว เช่น *Bacteriodes ruminicola* จะมีรูปร่างผันแปรจาก cocci ไปเป็น long rods ได้ หรือ *B. succinogenes* ที่มีรูปร่างหลายรูปแบบ ดังนั้นนอกจากจะใช้รูปร่างและขนาดของแบคทีเรียเป็นหลักเกณฑ์ในการพิจารณาแล้วยังจะต้องใช้ลักษณะอื่นๆ เข้าประกอบการพิจารณาอีกด้วย

การย้อมสี (Gram stain reaction) สามารถแบ่งแบคทีเรียออกเป็นพวกแกรมบวกและแกรมลบได้ แต่ในบางครั้งพบว่า แบคทีเรียบางชนิดเป็นได้ทั้งแกรมบวกและแกรมลบในเวลาเดียวกันทำให้การย้อมสีเป็นวิธีการที่ไม่ชัดเจนพอที่จะแยกประเภทของแบคทีเรียได้ และควรที่จะใช้วิธีการอื่น เช่น Electron microscopy เข้าร่วมกับการย้อมสี เพื่อให้ได้ผลที่ชัดเจนขึ้น

ลักษณะของอาหารที่กิน เป็นการแยกประเภทแบคทีเรียจากลักษณะของอาหารที่แบคทีเรียนั้นนำไปใช้ประโยชน์ได้ เช่น ดูจากความต้องการวิตามิน กรดอินทรีย์ แร่ธาตุ หรือสิ่งอื่นๆ ที่เป็นลักษณะความต้องการเฉพาะตัวของแบคทีเรียชนิดนั้น

ชนิดของผลผลิตที่เกิดจากการหมักภายในกระเพาะรูเมน สามารถนำมาใช้ในการแยกประเภทของแบคทีเรียได้ และจะให้ประโยชน์ได้ชัดเจนยิ่งขึ้น ถ้าผลผลิตชนิดใดเป็นผลผลิตเฉพาะสำหรับแบคทีเรียชนิดใดชนิดหนึ่งเท่านั้น

ระดับเอนไซม์ ชนิดของเอนไซม์ที่แบคทีเรียแต่ละชนิดผลิตขึ้น สามารถนำไปใช้เป็นหลักเกณฑ์ในการแบ่งแยกประเภทของแบคทีเรียได้

แหล่งพลังงานสำหรับการเจริญเติบโต อาจจะมีจำกัดในการแบ่งแยกชนิดของแบคทีเรีย โดยพิจารณาจากแหล่งพลังงาน เนื่องจากมีแบคทีเรียบางชนิดที่มีจำนวนค่อนข้างมากที่สามารถใช้พลังงานจากพลังงานหลายๆแหล่งทดแทนกัน

ระดับของ pH ที่ยับยั้งการเจริญเติบโต การศึกษาด้านนี้กระทำได้ลำบาก

การตรวจสอบทาง Physiology ด้านอื่นๆ เช่น การผลิต indole, Sulfide, NH_3 หรือ NO_3 สามารถนำมาใช้ประกอบการพิจารณาได้

Pigment production ปัจจุบันใช้ข้อมูลด้านนี้น้อยมาก

Serological test เป็นวิธีการทดสอบการเรืองแสง แต่ใช้วิธีการนี้น้อย

การแบ่งแยกชนิดของแบคทีเรีย (เทอดชัย, 2548 และ เมธา, 2529)

จากหลักเกณฑ์ที่กล่าวมาข้างต้น สามารถนำมาใช้ดัดแปลงการแบ่งแยกประเภทของแบคทีเรียได้ โดยได้แบ่งแยกชนิดของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน โดยดัดแปลงจากวิธีการแบ่งแยกของ Hungate (1966) ที่แบ่งตามชนิดของอาหารและผลผลิตของแบคทีเรียเป็นหลัก และได้แบ่งแบคทีเรียออกเป็นประเภทต่างๆ ดังต่อไปนี้

1. แบคทีเรียที่ย่อย cellulose (cellulolytic bacteria) เป็นแบคทีเรียที่สามารถผลิตเอนไซม์ cellulase ที่ย่อย cellulose ได้ นอกจากนี้ยังพบว่าแบคทีเรียชนิดนี้อาจจะย่อย cellobiose ได้อีกด้วยการย่อย cellulose โดยแบคทีเรียประเภทนี้ชนิดใดชนิดหนึ่งตามลำพังจะกระทำไม่ได้ซ้ำ แต่ถ้ามีแบคทีเรียประเภทอื่นหลายประเภทนี้หลายชนิดร่วมกัน จะสามารถย่อย Cellulose ได้ดีกว่า ทั้งนี้เนื่องจาก โครงสร้างของพืชประกอบด้วยการรวมตัวของคาร์โบไฮเดรตที่ซับซ้อน เอนไซม์จากแบคทีเรียชนิดใดชนิดหนึ่งโดยเฉพาะ อาจมีผลโดยเฉพาะจุดใดจุดหนึ่งเท่านั้น การมีเอนไซม์จากแบคทีเรียต่างชนิดกันแต่อยู่ในประเภทเดียวกัน อาจจะมีผลในการเข้าย่อยในจุดต่างๆ ร่วมกัน ทำให้การย่อย cellulose ได้ผลเร็วขึ้นได้ โดยปกติแล้วจะพบแบคทีเรียประเภทนี้ในสัตว์เคี้ยวเอื้องที่กินอาหารหยาบเป็นจำนวนมาก ชนิดที่สำคัญได้แก่ *Bacteroides succinogenes*, *Ruminococcus flavefaciens*, *R. albus* และ *Cillobacterium cellulosolvens*

2. แบคทีเรียย่อย Hemicellulose (Hemicellulose digesting bacteria) Hemicellulose นี้แตกต่างจาก cellulose ตรงที่มี pentose และ uronic acid เป็นส่วนประกอบของโครงสร้าง นอกเหนือไปจากการมี hexose เป็นส่วนประกอบ ในพืชทั่วไปจะมี hemicellulose เป็นส่วนประกอบที่

สำคัญชนิดหนึ่ง แบคทีเรียประเภทที่ย่อย cellulose ได้จะสามารถย่อย hemicellulose ได้อีกด้วย แต่มีแบคทีเรียบางชนิดที่ย่อย hemicellulose ได้แต่ไม่สามารถย่อย cellulose ได้ ชนิดที่สำคัญของแบคทีเรียกลุ่มนี้คือ *Butyrivibrio fibrisolvens*, *Lachnospira multiparens* และ *Bacteroides ruminicola*

3. แบคทีเรียย่อยแป้ง (Amyolytic bacteria; starch digesting bacteria) แบคทีเรียที่ย่อย cellulose บางชนิดสามารถย่อยแป้งได้ แต่แบคทีเรียที่ย่อยแป้งได้จะไม่สามารถย่อย cellulose ได้ ในสัตว์ที่กินแป้งเป็นอาหารในปริมาณที่มาก จะพบแบคทีเรียชนิดนี้เป็นจำนวนมาก ชนิดที่สำคัญของแบคทีเรียกลุ่มนี้คือ *Bacteroides amylophilus*, *Succinimonas amylophilus*, *Butyrivibrio fibrisolvens*, *Selenomonas ruminantium*, *Streptococcus bovis* และ *Bacteroides ruminicola*

4. แบคทีเรียที่ใช้น้ำตาลเป็นอาหาร (Bacteria utilizing sugar) แบคทีเรียส่วนใหญ่ที่สามารถย่อย polysaccharides ได้ จะสามารถย่อย disaccharides และ Monosaccharides ได้อีกด้วยเช่นกัน อาหารของแบคทีเรียประเภทนี้ได้แก่ คาร์โบไฮเดรตที่ละลายน้ำได้ ซึ่งจะมีมากในพืชที่อายุน้อย และน้ำตาลจากเซลล์แบคทีเรียบางชนิดที่ตายแล้ว แต่หากว่า น้ำตาลมีอยู่น้อย และการหมักของคาร์โบไฮเดรตที่ละลายน้ำได้ในกระเพาะรูเมนเกิดขึ้นเร็วและต่อเนื่องกันไปแล้ว จะทำให้เกิดการขากน้ำตาลซึ่งเป็นอาหารของแบคทีเรียประเภทนี้ จะมีผลทำให้แบคทีเรียประเภทนี้ลดจำนวนลงได้ cellobiose อาจจะเป็นแหล่งพลังงานชนิดหนึ่งของแบคทีเรียประเภทนี้ เนื่องจากปรากฏว่ามีแบคทีเรียบางชนิด ย่อย cellobiose ไม่ได้ แต่สามารถผลิตเอนไซม์ β -glucosidase ที่ย่อย cellobiose ได้ ในลูกสัตว์เคี้ยวเอื้องที่อายุน้อยจะพบแบคทีเรียที่ย่อย Lactose ได้เป็นจำนวนมากในกระเพาะรูเมน

5. แบคทีเรียที่ใช้กรด (Bacteria utilizing acid) ตามปกติจะมีแบคทีเรียประเภทนี้ เช่น แบคทีเรียที่ใช้กรด lactic อยู่น้อยในกระเพาะรูเมน แต่ในบางครั้งที่เกิดความผิดปกติภายในกระเพาะรูเมน พบว่ามีแบคทีเรียที่ใช้ lactic อยู่เป็นจำนวนมากพอสมควร นอกจากนี้ยังมีแบคทีเรียที่ใช้กรดชนิดอื่นๆ เป็นอาหารหลักได้อีก เช่น succinic acid, malic acid, fumaric acid และ oxalic acid มีแบคทีเรียบางชนิดที่ย่อย formic acid และ acetic acid ได้ แต่อาจไม่นำกรดเหล่านี้ไปใช้เป็นแหล่งพลังงานโดยตรง ชนิดที่สำคัญของแบคทีเรียกลุ่มนี้คือ *Veillonella gazogenes*, *V. alcalescens*, *Propionic bacterium sp.*, *Selenomonas ruminantium*, *Peptostreptococcus elsdenii* และ *Selenomonas lactilytica*

6. แบคทีเรียที่ใช้โปรตีนเป็นอาหาร (Proteolytic bacteria) แบคทีเรียประเภทนี้จะใช้กรดอะมิโนเป็นแหล่งพลังงานโดยตรง ชนิดที่สำคัญของแบคทีเรียกลุ่มนี้คือ *Bacteriodes amylophilus*, *Clostridium sporogens* และ *Bacillus licheniformis*

7. แบคทีเรียที่ผลิตแอมโมเนีย (Ammonia producing organisms) พวกนี้คล้ายคลึงกับพวกที่ใช้โปรตีนเป็นอาหาร แต่มีแบคทีเรียอีกจำนวนหนึ่งที่สามารถผลิตแอมโมเนียได้จากอาหารแหล่งอื่นๆ ทำให้พบแอมโมเนียอยู่อย่างสม่ำเสมอในกระเพาะรูเมน ชนิดที่สำคัญของแบคทีเรียกลุ่มนี้คือ *Bacteriodes ruminicola*, *Selenomonas ruminantium* และ *Peptostreptococcus elsdenii*

8. แบคทีเรียที่สังเคราะห์มีเทน (Bacteria producing methane) มีการศึกษาแบคทีเรียประเภทนี้น้อยมาก เนื่องจากเมื่อนำมาเลี้ยงในห้องทดลองได้ยาก แต่จากการที่มีก๊าซมีเทนอยู่ 25-30 เปอร์เซ็นต์ของปริมาณก๊าซทั้งหมด ชี้ให้เห็นว่าต้องมีแบคทีเรียประเภทนี้อยู่เป็นจำนวนมากพอสมควรในกระเพาะรูเมน ชนิดที่สำคัญของแบคทีเรียกลุ่มนี้คือ *Methanobacterium ruminantium* และ *M. formicicum*

9. แบคทีเรียที่ใช้ไขมันเป็นอาหาร (lipolytic bacteria) มีแบคทีเรียหลายชนิดที่สามารถใช้ Glycerol และสามารถ Hydrolyze glycerol จากโมเลกุลของไขมันได้ และยังมีแบคทีเรียบางชนิดที่ทำให้เกิด Hydrogenation กับกรดไขมันที่ไม่อิ่มตัว (Unsaturated fatty acid) และแบคทีเรียบางชนิดเปลี่ยน Long-chain fatty acid ให้เป็น ketone

10. แบคทีเรียที่สังเคราะห์วิตามิน (Vitamin-synthesizing organism) แบคทีเรียหลายชนิดที่สามารถสังเคราะห์วิตามินได้ เช่น วิตามินบี ต่างๆ วิตามินเหล่านี้เป็นแหล่งวิตามินของสัตว์เคี้ยวเอื้องที่จุลินทรีย์อาศัยอยู่ และบางส่วนจะถูกจุลินทรีย์ตัวอื่นไปใช้ประโยชน์

การศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน

โดยปกติการศึกษาชนิดของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนนั้นทำได้ยาก เนื่องจากต้องอาศัยกระบวนการเพาะเลี้ยงซึ่งมีข้อจำกัดในการตรวจสอบ เพราะแบคทีเรียบางชนิดไม่สามารถเพาะเลี้ยงได้ หากเพาะเลี้ยงได้ก็ใช้เวลานานและเกิดความผิดพลาดในการตรวจสอบได้ง่าย เนื่องจากเชื้อบางชนิดมีคุณลักษณะใกล้เคียงกัน (Amann *et al.*, 1995) โดยในปัจจุบันได้มีการพัฒนาเทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุลขึ้นเพื่อใช้ในการตรวจจำแนกแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน โดยไม่ทำการเพาะเลี้ยง (unculturable)

technique) ซึ่งจะทำให้ได้ผลที่ถูกต้องแม่นยำมากขึ้น ทำให้นักวิจัยสามารถนำไปปรับใช้เทคโนโลยีชีวภาพทางอาหารของโคให้มีประสิทธิภาพดีที่สุด (Whitford *et al.*, 1998)

เทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุลที่ถูกนำมาใช้ในการศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน ส่วนใหญ่เป็นการศึกษายีนในส่วนของ 16S ribosomal RNA ร่วมด้วยการออกแบบ DNA probe เพื่อใช้ในการตรวจจับจุลินทรีย์กลุ่มต่าง ๆ จากตัวอย่างของเหลวในกระเพาะรูเมน ด้วยเทคนิค Fluorescent *in situ* hybridization (FISH) ซึ่งเป็นวิธีที่มีความถูกต้องแม่นยำและใช้เวลาในการวิเคราะห์สั้น เนื่องจากไม่ต้องมีการเพาะเลี้ยงจุลินทรีย์ (Amann *et al.*, 1995) โดยนักวิจัยจากต่างประเทศได้มีการศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนมาบ้างแล้ว (Whitford *et al.*, 1998; Tajima *et al.*, 1999; Shinkai and Kobayashi, 2007) แต่ในประเทศไทยเองยังไม่พบการรายงานการศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนด้วยวิธีนี้มาก่อน ซึ่งแบคทีเรียชนิดต่าง ๆ ในกระเพาะรูเมนของโคที่มีการเลี้ยงในประเทศไทย มีสภาพแวดล้อมและการใช้อาหารที่แตกต่างจากต่างประเทศ ซึ่งประเทศไทยเป็นประเทศในเขตร้อนชื้นด้วยความร้อนที่ผลิตในร่างกายโคมาจากการได้รับโภชนาที่ไม่สมดุล จัดเป็นปัญหาที่สำคัญที่สุดซึ่งทำให้ศักยภาพการผลิตไม่มีประสิทธิภาพ กลุ่มของแบคทีเรียที่พบอาจมีความแตกต่างจากงานวิจัยของต่างประเทศ

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

Satoshi Koike และคณะ (2003) ได้ทำการศึกษาความสัมพันธ์ของแบคทีเรียกับเส้นใย โดยใช้ Phylogenetic Tree ของลำดับเบส 16S rRNA ยีน ที่ได้จากการเก็บตัวอย่างจากกระเพาะรูเมนของแกะหลังจากที่กิน Orchardgrass และ alfalfa ผ่านไป 6 ชั่วโมงและ 20 ชั่วโมง ตามลำดับ จากนั้นทำการสกัด ดีเอ็นเอ ทั้งหมดและทำการโคลนส่วน 16S rRNAs โดยใช้เทคนิค PCR ซึ่งได้ตัวอย่างโคลนทั้งหมด 91 โคลน และเมื่อนำมาทำ Phylogenetic Tree พบว่าแบคทีเรียส่วนใหญ่อยู่ใน Phylum *Cytophaga-Flavobacter-Bacteroides* และ low G+C Gram positive bacteria และสามารถแบ่งกลุ่มออกเป็นกลุ่มคือ ส่วนใหญ่จะเป็นกลุ่มของแบคทีเรีย *Prevotella sp.* และ *Butyrivibrio Fibrisolvens*

Marc F. Whitford และคณะ (1998) ได้ทำการศึกษาเปรียบเทียบลำดับเบส DNA ของส่วน 16S rRNA ซึ่งเป็นวิธีที่มีการศึกษามาก่อนแล้ว มาใช้ในการศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนของโค โดยทำการสกัด DNA จากของเหลวในกระเพาะรูเมนของโคจำนวน 10 ตัว ที่กินอาหารต่างกัน คือ หญ้าแห้ง ข้าวโพดหมัก ในความเข้มข้นที่ต่างกัน จากนั้นทำการเก็บตัวอย่างของเหลวในรูเมนทั้ง 2 แบบจากโคจำนวน 5 ตัว ทำการสกัด DNA และเพิ่มจำนวนโดยใช้เทคนิค PCR ที่แตกต่างกัน 2 แบบ คือ 12 cycle และ 30 cycle จากนั้นนำลำดับเบส ในส่วน 16S rRNA ที่ได้ไปทำการเปรียบเทียบความเหมือนใน Ribosomal Database Project จากนั้นนำมาทำการวิเคราะห์โดย phylogenetic Tree พบว่า 55%

ลำดับเบสจะอยู่ใน phylum ของแบคทีเรีย low-G+C Gram positive bacteria ซึ่งส่วนใหญ่เป็นกลุ่มของแบคทีเรีย *Clostridia* และ 30% จะเป็น *Prevotella-Bacteroides*

Kiyoshi Tajima และคณะ (1999) ได้ทำการศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน ซึ่งทำการวิเคราะห์โดยการเพิ่ม DNA ด้วยเทคนิค PCR จากนั้นทำการโคลนยีนส่วน 16S rRNA ซึ่งได้จากตัวอย่างของเหลวและของแข็งในกระเพาะรูเมนของโคพันธุ์ Holstein หลังจากที่ยืนกินอาหารผ่านไป 16 ชั่วโมง จากการทดลองได้จำนวนโคลนทั้งหมด 84 โคลน จากนั้นนำไปทำการหาความเหมือนในห้องสมุดออนไลน์ พบว่า มีจำนวน 4 โคลนที่เหมือนกับ *Butyrivibrio fibrisolvens* และมีจำนวน 1 โคลน ที่เหมือนกับ *Treponema bryantii* และเมื่อนำโคลนทั้งหมดมาทำการวิเคราะห์ Phylogenetic Treer พบว่า ลำดับเบสของแบคทีเรียทั้งที่ได้จากของเหลวและของแข็งในกระเพาะรูเมน ส่วนใหญ่อยู่ใน phylum ของ low G+C Gram positive bacteria, *Cytophaga-Flexibacter-Bacteroides*, *Proteobacteria* และ *Spirochaetes bacteria* ตามลำดับ

อุปกรณ์และวิธีการทดลอง

(Materials and Methods)

1. อุปกรณ์ที่ใช้ในการทดลอง

- 1.1 อ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ ยี่ห้อ MEMMERT รุ่น WB22
- 1.2 เครื่องผสมสาร (Vortex mixer) ยี่ห้อ VELP รุ่น ZX3
- 1.3 หม้ออบฆ่าเชื้อด้วยไอน้ำ (Autoclave) ยี่ห้อ HIRAYAMA รุ่น HV-85
- 1.4 เครื่องปั่นเหวี่ยงควบคุมอุณหภูมิ (Refrigerated centrifuge) ยี่ห้อ HETTICH รุ่น 5605
- 1.5 ตู้อบแห้ง (Hot air oven) ยี่ห้อ MEMMERT รุ่น UE 500
- 1.6 เครื่องพีซีอาร์ ยี่ห้อ Thermal hybrid รุ่น Sprint
- 1.7 เครื่องส่องดูแถบดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต (UV GelDoc Transluminator) ยี่ห้อ Bio-rad
- 1.8 เครื่องชั่งทศนิยม 2 ตำแหน่ง ยี่ห้อ PRECISA รุ่น XB4200C
- 1.9 ปิเปตอัตโนมัติ ขนาด 10-100 ไมโครลิตร ยี่ห้อ SOCOREX รุ่น ACURA 825.0100
- 1.10 ปิเปตอัตโนมัติ ขนาด 100-1000 ไมโครลิตร ยี่ห้อ SOCOREX รุ่น ACURA 825.0100

2. สารเคมี

- 2.1 ผงวุ้นอะกาโรส (Fluka, USA)
- 2.2 สารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ ($C_{21}H_{20}BrN_3$) (Fluka, USA)
- 2.3 เอทานอล (C_2H_5OH) (Merck, Germany)
- 2.4 GoTaq Green Master Mix (Promega, USA)
- 2.5 Primer 27F 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' (Operon, Germany)
- 2.6 Primer 1522R 5'-AAGGAGGTGATCCARCCGCA-3' (Operon, Germany)
- 2.7 Genomic DNA mini kit (Geneaid Biotech Ltd., Taiwan)
- 2.8 TaKaRa SUPRECTM-PCR (Takara, Japan)
- 2.9 NucleoSpin Plasmid kit (QIAGEN, USA)
- 2.10 O'GeneRulerTM 100 bp plus DNA Ladder, ready-to use (Fermentas LIFE SCIENCES, USA)
- 2.11 QIAquick Gel Extraction kit (QIAGEN, USA)
- 2.12 pGEM[®] -T easy vector system (Promega, USA)
- 2.13 TransformAidTM Bacterial transformation kit (Fermentas LIFE SCIENCES, USA)

วิธีการทดลอง

1. การเก็บตัวอย่างและการเตรียมดีเอ็นเอ

1.1 การสกัดดีเอ็นเอจากแบคทีเรีย

ตัวอย่างแบคทีเรียจะเก็บจากกระเพาะรูเมนของโคพันธุ์ Holstein จำนวน 3 ตัว ที่นำมาผสมรวมกัน ซึ่งส่วนมากจะเป็นแบคทีเรียที่ไม่สามารถเพาะเลี้ยงในห้องปฏิบัติการได้ เก็บเซลล์ด้วยการปั่นเหวี่ยงแล้วนำมาสกัดดีเอ็นเอด้วยชุดสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูป Genomic DNA mini kit (Geneaid Biotech Ltd.) ตามวิธีการของชุดสกัด จากนั้นวิเคราะห์ปริมาณของดีเอ็นเอที่สกัดได้ด้วย 1% agarose gel electrophoresis

1.2 การเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอด้วยเทคนิค polymerase chain reaction

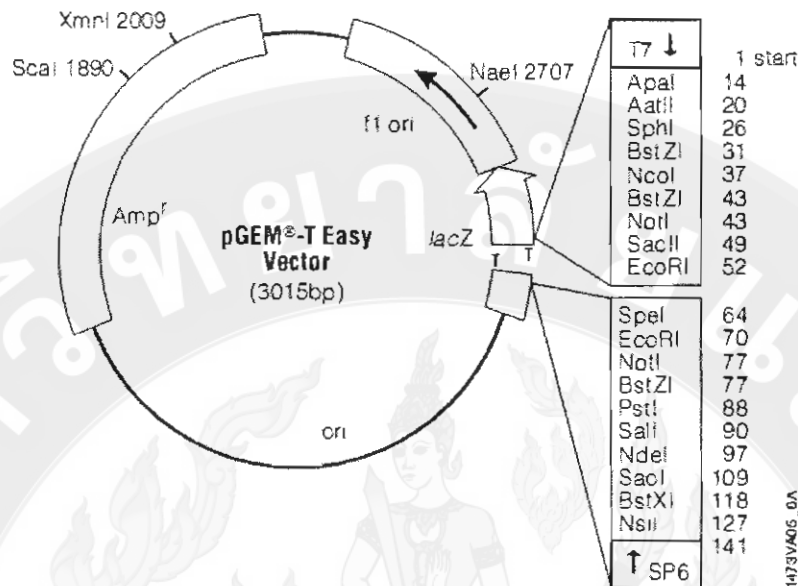
ใช้ดีเอ็นเอที่สกัดได้จากข้อ 1 เป็นแม่พิมพ์ในการทำ polymerase chain reaction (PCR) ด้วยไพรเมอร์ 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') และ 1522R (5'-AAGGAGGTGATC CARCCGCA-3') ที่ออกแบบจากยีนส่วน 16S rRNA ของแบคทีเรีย โดย GoTaq Green Master Mix (Promega) โดยใช้อุณหภูมิ 95 °C นาน 30 วินาที 50 °C นาน 30 วินาทีและ 72 °C นาน 2 นาที ทำซ้ำทั้งหมด 30 รอบ จากนั้นวิเคราะห์ผลผลิตจากการทำ PCR ด้วย 1% agarose gel electrophoresis

2. การโคลนชิ้นดีเอ็นเอ 16S rRNA

นำผลผลิตจากการทำ PCR มาแยกบริสุทธิ์จากเจลด้วยชุดสำเร็จรูป QIAquick Gel Extraction kit (QIAGEN) ด้วยวิธีการตามชุดสำเร็จรูป จากนั้นวิเคราะห์ดีเอ็นเอที่แยกบริสุทธิ์ได้ด้วย 1% agarose gel electrophoresis จากนั้นโคลนเข้าดีเอ็นเอพาหะด้วยชุด pGEM[®] -T easy vector system (Promega) (ดังภาพที่ 1) ด้วยวิธีการตามชุดสำเร็จรูป แล้วถ่ายฝากดีเอ็นเอสายผสมเข้าแบคทีเรีย *E. coli* DH5 α ด้วย TransformAid[™] Bacterial transformation kit (Fermentas) จากนั้นคัดเลือกโคโลนีที่มีดีเอ็นเอสายผสมด้วยสีของโคโลนี (blue-white screening) ที่เพาะเลี้ยงบนอาหารที่มียาปฏิชีวนะแอมพิซิลิน 100 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร ที่มี IPTG และ X-gal

3. การอ่านลำดับเบส

เลือกโคโลนีสีขาวมาเพาะเลี้ยงในอาหารเหลว LB ที่มียาปฏิชีวนะแอมพิซิลิน 100 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 1 คืนที่อุณหภูมิ 37 °C จากนั้นเก็บเซลล์มาสกัดดีเอ็นเอด้วยชุดสกัดสำเร็จรูป NucleoSpin Plasmid kit ด้วยวิธีการตามชุดสำเร็จรูป จากนั้นวิเคราะห์ดีเอ็นเอที่สกัดได้โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะและ 1% agarose gel electrophoresis



ภาพ 1 แผนที่ของ pGEM®-T easy vector และบริเวณ multiple cloning site

4. ศึกษาความสัมพันธ์ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนโดยการสร้าง phylogenetic tree

4.1 หาลำดับเบส (sequence) ที่เป็น 16S rRNA ของแบคทีเรียที่ได้จากการโคลนและแบคทีเรียที่อ้างอิงจากงานวิจัยอื่นๆ จาก NCBI และบันทึกไว้เป็น FASTA format ดังภาพที่ 2



ภาพ 2 ลำดับเบสของแบคทีเรียอ้างอิงจาก NCBI

จากนั้นทำการ COPY ลำดับเบสจากที่บันทึกเป็น FASTA format ลงใน Notepad program โดยให้

พิมพ์ > ตามด้วยชื่อแบคทีเรีย เว้นวรรค

วางลำดับเบส

เสร็จแล้วทำการบันทึก

2. ทำ Sequence alignment ด้วยโปรแกรม ClustalX จะได้ output file คือ Yellow file และ phylip file

คลิกที่ File → เลือก Load sequence → ทำการเลือก file sequence → Open

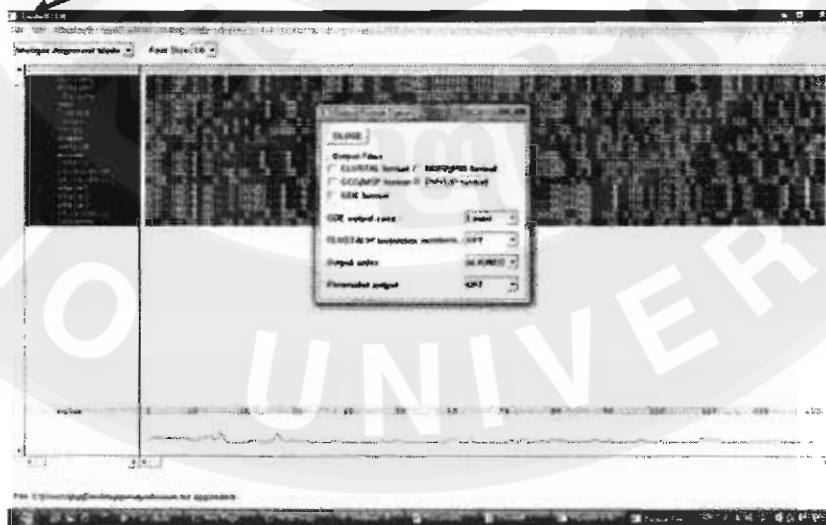
คลิกที่ File อีกครั้ง → เลือก Append sequence → เลือก file Outgroup → Open

คลิก Alignment → เลือก Output format option → คลิก Clustal format ออก

เลือก Phylip format → คลิก Alignment → คลิก Do Complete alignment →

เลือก Align จะแสดงดังภาพที่ 3

File



ภาพ 3 ผลที่ได้จากขั้นตอนการทำ sequence alignment ด้วยโปรแกรม clustal X

3. เปลี่ยนชื่อ phy file ให้เป็น infile เพื่อใช้ในโปรแกรม phylip 3.5c

4. เปิดโปรแกรมที่ชื่อ seqboot.exe เพื่อหาไฟล์ที่ชื่อ infile จากนั้นโปรแกรม seqboot จะทำหน้าที่สร้างชุดซ้ำของข้อมูลหรือ bootstrapping เพื่อนำไปใช้ในการสร้าง phylogenetic tree

*หลังจากที่โปรแกรม seqboot ทำการสร้างชุดซ้ำของข้อมูลจะได้ output เป็น outfile

*ภายหลังจากที่ได้ outfile ให้ทำการเปลี่ยนชื่อ infile ที่เรานำเข้าตอนแรกเพื่อที่จะได้เปลี่ยน outfile เป็น infile ใหม่ (เพราะ outfile ที่เปลี่ยนเป็น infile ใหม่จะมีขนาดเพิ่มขึ้นจากขบวนการ bootstrapping)

เลือก squboot แล้วเปลี่ยนค่าก่อนการวิเคราะห์ดังนี้

D=Molecular sequence R=1000 Random seed =111

ตอบ Yes จะได้ file ชื่อ outfile ออกมา นำ file ชื่อ infile เก่าเปลี่ยนชื่อแล้ว สร้าง folder ใหม่ 1 folder เพื่อเก็บ file ที่ใช้แล้วไม่ให้มีจำนวน file ใน folder exe มากเกินไป เปลี่ยนชื่อ file outfile เป็น infile เพื่อการวิเคราะห์ในขั้นตอนต่อไปและทำการเปลี่ยนชื่อ file ในรูปแบบนี้ตลอด

5. จากนั้นเปิดโปรแกรม dnadist.exe ดังแสดงในภาพที่ 4 และตั้งค่าดังนี้

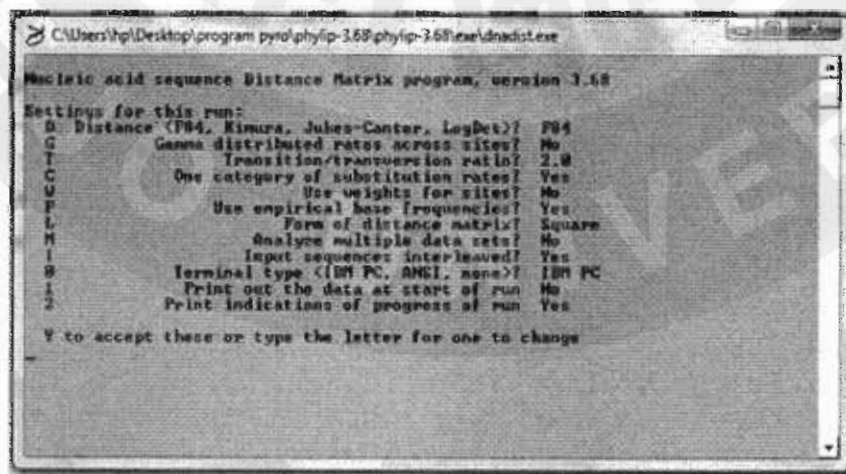
5.1) เปลี่ยนค่า Distance จาก F84 เป็น Kimura 2-parameter → กด D แล้ว Enter

5.2) เปลี่ยนค่า Form matrix จาก Square เป็น Lower-triangular → กด L แล้ว Enter

5.3) กำหนด multiple data sets → กด M → Enter

5.4) จากนั้นโปรแกรมจะถามต้องการใช้ข้อมูลเป็น multiple data sets หรือ weight ให้กด D แล้ว Enter เพื่อเลือก multiple data sets จากนั้นโปรแกรมจะถามจำนวน data sets เลือกเท่ากับ 1000 จากนั้นกด Enter

5.5) จากนั้นกด Y แล้ว Enter เพื่อให้โปรแกรมเริ่มทำงาน ซึ่งจะได้ผลลัพธ์เป็น outfile อีกครั้ง



ภาพ 4 แสดงการตั้งค่าโปรแกรม dnadist

6.เปลี่ยน outfile เป็น infile แล้วคลิก Neighbor ดังแสดงในภาพที่ 5 เพื่อเข้าสู่วิเคราะห์การเชื่อมโยงความคล้ายคลึงกันของลำดับ DNA ที่ได้จากการวิเคราะห์ genetic distance โดยเปลี่ยนค่าก่อนการวิเคราะห์ดังนี้

Outgroup กด O → "....."

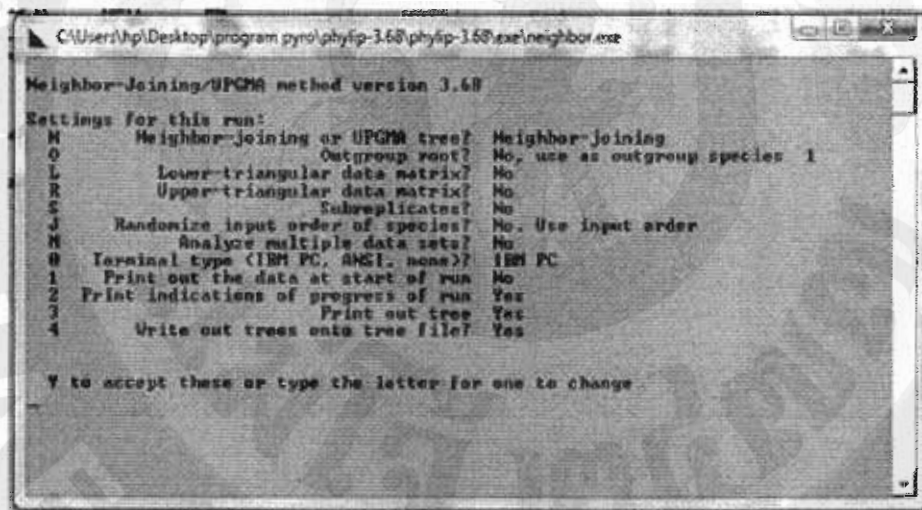
Lower- triangular data matrix กด L → Yes

Analyze multiple data sets กด M → 1000

Random number seed → 111

Click "Y" to accept

เมื่อวิเคราะห์เสร็จแล้วจะได้ file 2 file คือ outfile และ outtree แล้ว เปลี่ยน file ชื่อ outfile เป็น infile และ เปลี่ยน outtree เป็น intree

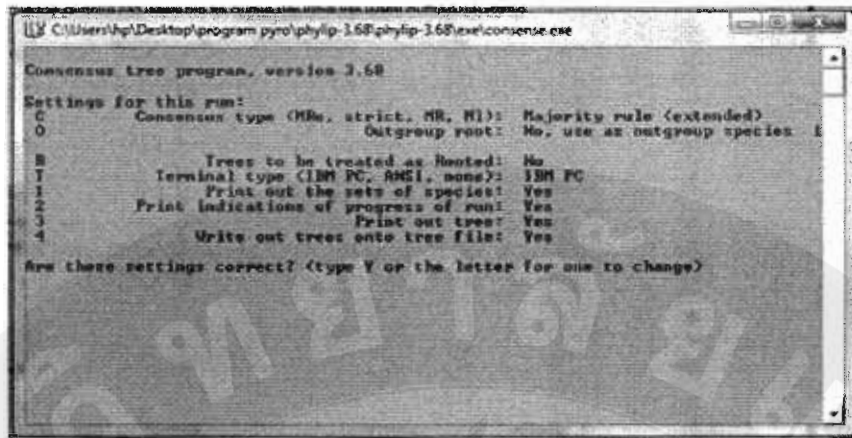


ภาพ 5 แสดงการตั้งค่าโปรแกรม Neighbor-Joining

7.คลิกเลือก consensus ดังแสดงในภาพที่ 6 เพื่อการสร้าง Phylogeny Tree เปลี่ยนแปลงค่าดังนี้

Outgroup กด O → "....."

Click "Y" to accept

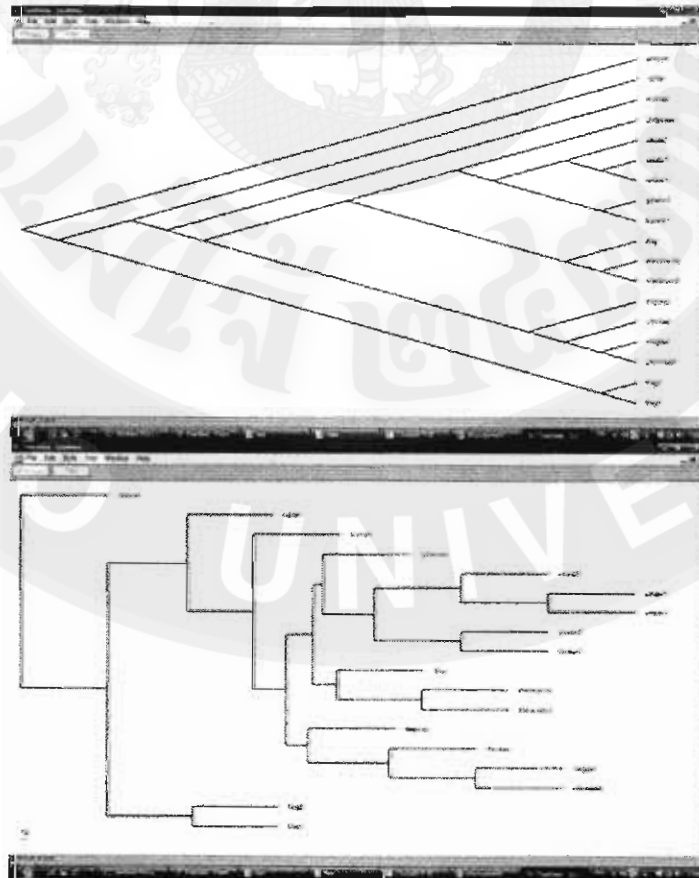


ภาพ 6 แสดงการตั้งค่าโปรแกรม Consensus

จะได้ file ออกมา 2 file คือ infile และ outtree

8. นำ file outtree คัดลอกไปเปิดใน Treeview program

เมื่อคัดลอกไปแล้วหน้าจอของ Treeview Program จะเปิดขึ้นแสดงภาพ Phylogeny tree ดังแสดงในรูปที่ ซึ่งจะใช้ค่า %ความเหมือนจาก Outtree นี้ไปแสดงในภาพที่ 7 Tree view ที่ได้จาก Yellow file เนื่องจาก Tree view ที่ได้จาก Yellow file จะแยกความแตกต่างของกิ่งก้านของ Tree ได้ อย่างชัดเจน



ภาพ 7 ภาพที่ได้จากโปรแกรม Tree view

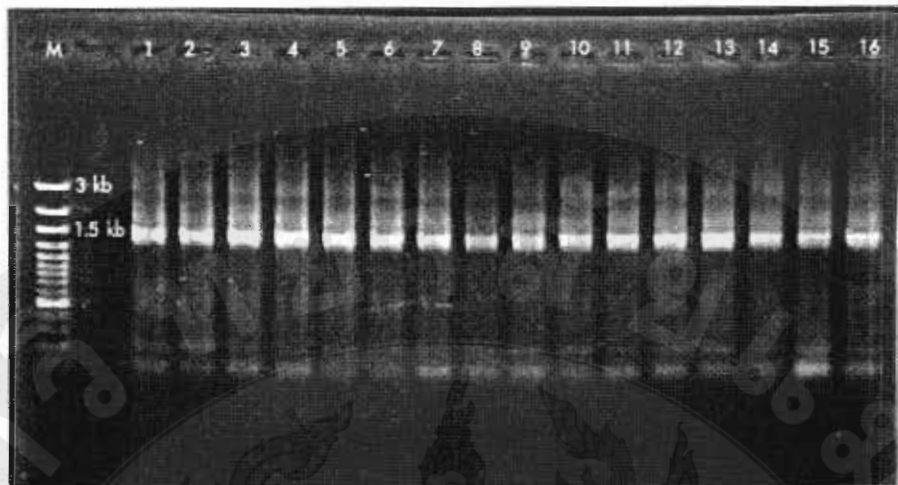
ผลการทดลองและวิจารณ์ (Results and Discussion)

1. การสกัดดีเอ็นเอจากแบคทีเรียและการเพิ่มจำนวนด้วยเทคนิค PCR

นำดีเอ็นเอที่สกัดจากแบคทีเรียที่ได้จากการเพาะครั้งที่ 1 และ 2 จำนวน 12 ตัวอย่างมาวิเคราะห์ด้วย 1% agarose gel electrophoresis พบว่าดีเอ็นเอที่ได้มีปริมาณและความสมบูรณ์สามารถใช้เป็นแม่พิมพ์ของเทคนิค PCR ได้ (ไม่แสดงข้อมูล) เมื่อทำ PCR โดยใช้แม่พิมพ์ทั้งจากตัวอย่างดีเอ็นเอจำนวน 8 ตัวอย่าง (ได้แก่ตัวอย่าง 1 ตัวอย่าง 2 ตัวอย่าง 4 ตัวอย่าง 5 ตัวอย่าง 7 ตัวอย่าง 8 ตัวอย่าง 10 ตัวอย่าง 11) ปริมาณ 1 และ 2 ไมโครลิตร ตามลำดับ พบว่าสามารถเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1.5 kb ตามที่คาดหวังได้ทุกตัวอย่าง (แสดงในภาพที่ 8) ดังนั้นจึงเลือกใช้ดีเอ็นเอตัวอย่างทั้ง 8 ตัวอย่างในปริมาณ 1 ไมโครลิตรเป็นแม่พิมพ์ในการเพิ่มจำนวนต่อไป

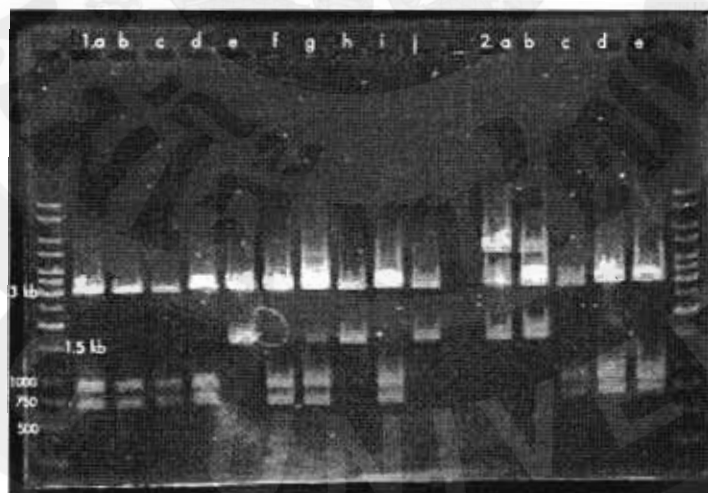
2. การโคลนชิ้นดีเอ็นเอ 16S rRNA

เนื่องจากการทำ PCR ได้ดีเอ็นเอที่ไม่ต้องการ จึงแยกบริสุทธิ์ผลผลิตจาก PCR ขนาด 1.5 kb จากเจล ด้วย QIAquick Gel Extraction kit (QIAGEN) ก่อนที่จะโคลนซึ่งจากการวิเคราะห์ด้วย 1% agarose gel electrophoresis พบว่าได้ดีเอ็นเอขนาด 1.5 kb ตามที่ต้องการ เมื่อเชื่อมต่อกับดีเอ็นเอพาหะแล้วถ่ายฝากเข้า *E. coli* DH5 α พบว่าได้โคลนีสืบจำนวน 69 โคลนี เมื่อวิเคราะห์ว่าเป็นดีเอ็นเอสายผสมด้วยการทำ Rapid size screening ที่เป็นการคัดเลือกจากขนาดพบว่าเป็นดีเอ็นเอสายผสมทั้งหมด สกัดดีเอ็นเอสายผสมจากโคลนดังกล่าวด้วย NucleoSpin Plasmid kit จากนั้นวิเคราะห์ดีเอ็นเอที่สกัดได้โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* (BioLab) วิเคราะห์การตัดด้วย 1% agarose gel electrophoresis ตัวอย่างผลการวิเคราะห์ดังแสดงภาพที่ 9 พบว่ามีชิ้นยีนที่สนใจขนาดประมาณ 1.5 kb มี 2 รูปแบบ คือ ไม่มีบริเวณจดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* (ตัดได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 1.5 kb) และมีบริเวณจดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* ภายใน (ตัดได้ชิ้นดีเอ็นเอ 2 ชิ้น) ซึ่งทั้งสองแบบจะส่งไปอ่านลำดับเบส



ภาพ 8 การวิเคราะห์ผลผลิตจากการทำ PCR ด้วย 1% agarose gel electrophoresis

โดยที่ M คือ 100 bp ladder plus DNA marker ช่องที่ 1- 8 ใช้ดีเอ็นเอแม่พิมพ์ 1 ไมโครลิตร ช่องที่ 9-16 ใช้ดีเอ็นเอแม่พิมพ์ 2 ไมโครลิตร ช่องที่ 1 และ 9 เป็นดีเอ็นเอตัวอย่างที่ 1 ช่องที่ 2 และ 10 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 2 ช่องที่ 3 และ 11 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 4 ช่องที่ 4 และ 12 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 5 ช่องที่ 5 และ 13 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 7 ช่องที่ 6 และ 14 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 8 ช่องที่ 7 และ 15 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 10 และช่องที่ 8 และ 16 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 11



ภาพ 9 การวิเคราะห์การตัดด้วย *EcoRI* ด้วย 1% agarose gel electrophoresis

โดยที่ DNA marker คือ 1 kb ladder plus (Fermentas) โคลนที่ 1.a-1.j และ 2.a – e เป็นดีเอ็นเอที่สกัดได้จากโคลนีสีขาวที่ผ่านการตัดด้วย *EcoRI*

3. ผลการเปรียบเทียบลำดับเบส 16S rDNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน

จากการนำเอาลำดับเบสของส่วน 16S rDNA ที่โคลนได้จากแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนโค มาทำการเปรียบเทียบความเหมือนใน GenBank ได้ผลดังแสดงในตารางที่ 1 ซึ่งพบว่า มีเพียงลำดับเบสของ RB10, RB12 และ RB65 ที่เป็นแบคทีเรียที่ทราบชื่อคือ *Fibrobacter succinogenes*, *Eubacterium ruminantium* และ *Butyrivibrio fibrisolvens* มีความเหมือน 97%, 90% และ 98% ตามลำดับ และพบว่า ที่เหลืออีก 95% ของโคลนทั้งหมด เป็นโคลนของแบคทีเรีย Uncultured bacteria และจากการนำโคลนทั้งหมดจำนวน 69 โคลนไปเปรียบเทียบความเหมือนพบว่า มีจำนวนโคลนที่มีความเหมือน $\geq 97\%$ ทั้งหมด 22 โคลน ที่ความเหมือนระหว่าง 90-97% มีจำนวน 42 โคลน และที่ความเหมือน $< 90\%$ มีจำนวน 5 โคลน ของจำนวนโคลนทั้งหมด ดังแสดงในตารางที่ 2

ตาราง 1 ค่าความเหมือนจากการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนกับข้อมูลใน NCBI

Clone	Phylum	Nearest relative	Similarity (%)
RB1	URB G1	Uncultured rumen bacterium 3C3d-3 gene for 16S rRNA (AB034074)	96
RB2	LGCGPB	Uncultured bacterium clone CAP_aai00c08 16S ribosomal RNA gene (EU773641)	95
RB3	URB G1	Uncultured rumen bacterium clone GRC19 16S ribosomal RNA gene (DQ673484)	88
RB4	URB G1	Uncultured rumen bacterium clone P5_107 16S ribosomal RNA gene (EU382029)	97
RB5	URB G3	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, clone: T28H60F11 (AB270026)	96
RB6	LGCGPB	Uncultured bacterium clone 1103200819662 16S ribosomal RNA gene (EU842258)	96
RB7	CFB	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, clone: F23-G12 (AB185564)	94
RB8	CFB	Uncultured rumen bacterium clone GRC37 16S ribosomal RNA gene (DQ673502)	98
RB9	URB G3	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, clone: T28H60F3 (AB270020)	99
RB10	<i>Fibrobacter</i>	<i>Fibrobacter succinogenes</i> subsp. <i>succinogenes</i> S85 (CP001792)	97
RB11	URB G2	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, clone: F23-G08 (AB185560)	96
RB12	<i>Eubacterium</i>	<i>Eubacterium ruminantium</i> gene for 16S rRNA, partial se (AB008552)	90
RB13	URB G1	Uncultured bacterium clone 29A-b3 16S ribosomal RNA gene (DQ905714)	98
RB14	CFB	Uncultured rumen bacterium clone YRC97 (EU259473)	99
RB15	URB G2	Uncultured bacterium gene (AB494774)	99
RB16	LGCGPB	Uncultured bacterium gene (AB494758)	97

ตาราง 1 ค่าความเหมือนจากการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนกับข้อมูลใน NCBI (ต่อ)

Clone	Phylum	Nearest relative	Similarity (%)
RB17	LGCGPB	Uncultured bacterium gene (AB494758)	97
RB18	URB G3	Uncultured rumen bacterium clone P5_J06 (EU381974)	97
RB19	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium (AB270056)	97
RB20	URB G3	Uncultured rumen bacterium clone BRC137 16S ribosomal RNA gene (EF436423)	99
RB21	CFB	Uncultured bacterium clone NED5A5 16S ribosomal RNA gene (EF445218)	94
RB22	LGCGPB	Uncultured bacterium clone RL307_aam08a08 16S ribosomal RNA gene (DQ807549)	92
RB23	URB G3	Uncultured rumen bacterium clone CF374 16S ribosomal RNA gene (EU871407)	95
RB24	URB G1	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: T33H60F76 (AB270140)	99
RB25	LGCGPB	Uncultured bacterium clone DLN-28 small subunit ribosomal RNA gene (FJ848436)	94
RB26	URB G1	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: F23-F12 (AB185555)	89
RB27	URB G1	Uncultured rumen bacterium clone BS5 16S ribosomal RNA gene (AY244959)	94
RB28	URB G1	Uncultured rumen bacterium clone BF66 16S ribosomal RNA gene (EU850478)	96
RB29	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium 4C0d-2 gene for 16S rRNA (AB034016)	95
RB30	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium clone BRC108 16S ribosomal RNA gene (EF436394)	98

ตาราง 1 ค่าความเหมือนจากการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนกับข้อมูลใน NCBI (ต่อ)

Clone	Phylum	Nearest relative	Similarity (%)
RB31	URB G3	Uncultured bacterium clone RB-2B8 16S ribosomal RNA gene (FJ172808)	94
RB32	URB G3	Uncultured rumen bacterium clone BRC28 16S ribosomal RNA gene (EF436314)	96
RB33	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, clone: F24-E10 (AB185621)	97
RB34	<i>Fibrobacter</i>	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: U28-H09 (AB185736)	98
RB35	URB G2	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence (AB185560)	98
RB36	URB G3	Unidentified rumen bacterium RFN78 gene for 16S ribosomal RNA (AB009225)	97
RB37	CFB	Uncultured rumen bacterium clone YRC19 16S ribosomal RNA gene (EU259395)	99
RB38	URB G3	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: T28H60F11 (AB270026)	98
RB39	CFB	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: F23-G12 (AB185564)	84
RB40	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium clone CF413 16S ribosomal RNA gene (EU871420)	95
RB41	URB G3	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: U28-C10 (AB185687)	93

ตาราง 1 ค่าความเหมือนจากการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนกับข้อมูลใน NCBI (ต่อ)

Clone	Phylum	Nearest relative	Similarity (%)
RB42	LGCGPB	Uncultured bacterium clone Thompsons56 16S ribosomal RNA gene (AY854341)	94
RB43	URB G3	Uncultured rumen bacterium clone YRC70 16S ribosomal RNA gene (EU259446)	96
RB44	LGCGPB	Uncultured bacterium clone 1103200827348 16S ribosomal RNA gene (EU842738)	99
RB45	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium 4C0d-3 gene for 16S rRNA (AB034017)	98
RB46	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium clone BRC103 16S ribosomal RNA gene (EF436389)	93
RB47	URB G1	Uncultured rumen bacterium clone CF121 16S ribosomal RNA gene (EU871361)	98
RB48	CFB	Uncultured rumen bacterium clone TWBRB54 16S ribosomal RNA gene (FJ028771)	95
RB49	LGCGPB	Uncultured bacterium clone horsem_aai95b08 16S ribosomal RNA (EU463505)	93
RB50	LGCGPB	Uncultured bacterium clone CAP_aai00c08 16S ribosomal RNA gene (EU773641)	93
RB51	CFB	Uncultured bacterium clone GOR_aag72e04 16S ribosomal RNA gene (EU469848)	95
RB52	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium clone L3A_C06 16S ribosomal RNA gene (EU381474)	94
RB53	URB G3	Uncultured bacterium clone RB-5E11 16S ribosomal RNA gene (FJ172829)	88
RB54	URB G1	Uncultured Ruminococcaceae bacterium clone EMP_N16 16S ribosomal (EU794172)	92
RB55	<i>Eubacterium</i>	Uncultured bacterium clone 1103200819630 16S ribosomal RNA gene (EU842248)	96
RB56	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium clone BS19 16S ribosomal RNA gene (AY244973)	98
RB57	CFB	Uncultured rumen bacterium clone BRC29 16S ribosomal RNA gene (EF436315)	98

ตาราง 1 ค่าความเหมือนจากการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนกับข้อมูลใน NCBI (ต่อ)

Clone	Phylum	Nearest relative	Similarity (%)
RB58	LGCGBP	Uncultured bacterium clone NED5E9 16S ribosomal RNA gene (EF445270)	91
RB59	LGCGBP	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence, clone: T28H60F63(AB270065)	98
RB60	CFB	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence clone: F23-H06 (AB185568)	89
RB61	CFB	Uncultured rumen bacterium clone BS11 16S ribosomal RNA gene (AY244965)	96
RB62	URB G3	Uncultured bacterium clone 1103200826642 16S ribosomal RNA gene (EU842573)	91
RB63	CFB	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, partial sequence (AB270111)	92
RB64	LGCGBP	Uncultured rumen bacterium clone YRC26 16S ribosomal RNA (EU259402)	99
RB65	LGCGBP	Butyrivibrio fibrisolvens isolate M55 16S ribosomal RNA gene (AY699273)	98
RB66	<i>Eubacterium</i>	Uncultured rumen bacterium clone P5_P06 16S ribosomal RNA gene (EU381846)	98
RB67	URB G3	Uncultured rumen bacterium gene for 16S rRNA, clone: F23-H06 (AB185568)	94
RB68	LGCGBP	Uncultured bacterium clone gir_aah96f03 16S ribosomal RNA gene (EU775322)	95
RB69	URB G3	Uncultured rumen bacterium clone GRC37 16S ribosomal RNA gene (DQ673502)	98

RB คือ ลำดับโคลน , LGCGBP คือ low G+C Gram-positive Bacteria, CFB คือ Cytophaga-Flexibacteria-Bacteroides, URB1,2,3 คือ Uncultured bacterium groups1,2,3

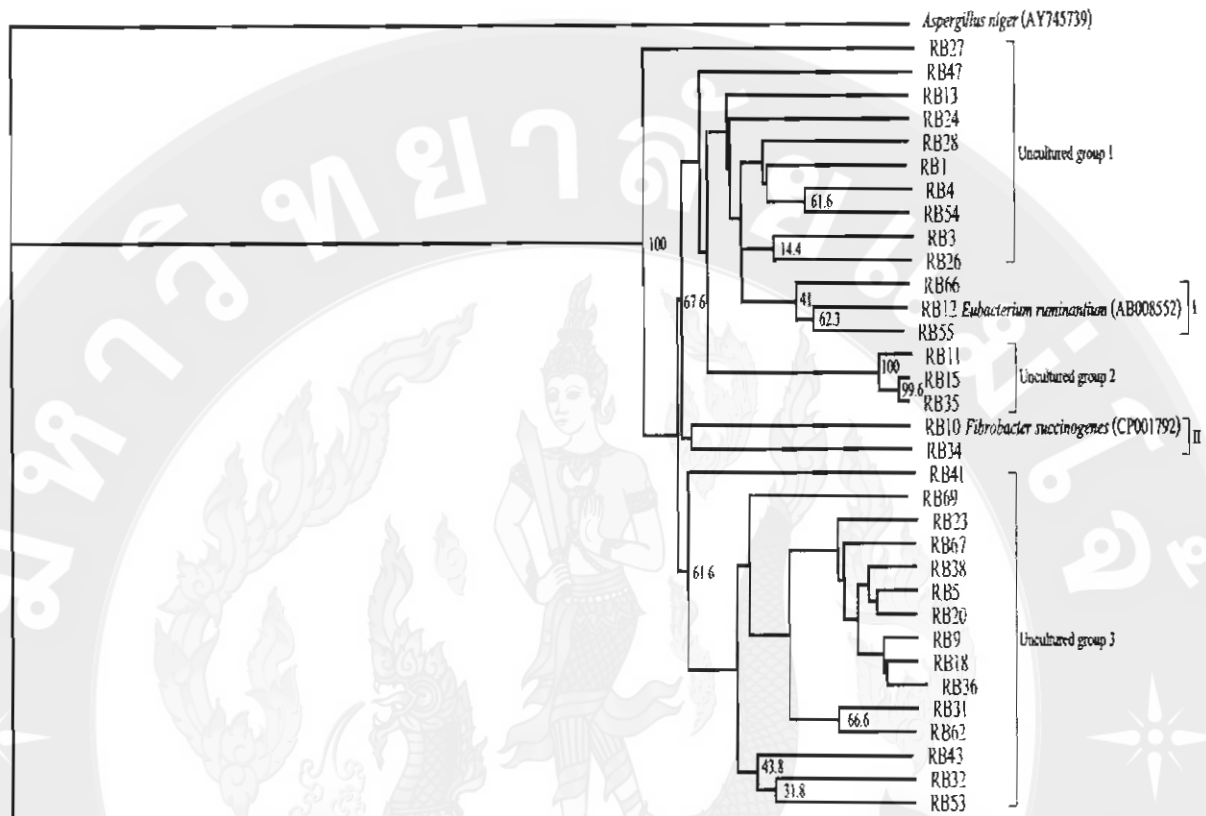
ตาราง 2 แสดงผลการสรุป 16S rRNA gene clone ในกระเพาะรูเมนของโค

Items	Clone	
	No. of clone	% Total clone
Similarity		
≥ 97%	22	31.9
90-97%	42	60.9
< 90%	5	7.2
Phylum		
Uncultured groups 1	10	14.4
Uncultured groups 2	3	4.3
Uncultured groups 3	15	21.7
low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB)	24	34.8
≥ 97%	1	1.5
90-97%	-	-
< 90%	-	-
Uncultured groups	23	33.3
<i>Cytophaga-Flexibacteria-Bacteroides</i> (CFB)	12	17.4
≥ 97%	-	-
90-97%	-	-
< 90%	-	-
Uncultured groups	12	17.4
<i>Fibrobacter</i>	2	3.0
90-97%	1	1.5
Uncultured groups	1	1.5
<i>Eubacterium</i>	3	4.4
90-97%	1	1.5
Uncultured groups	2	2.9
Total	69	100

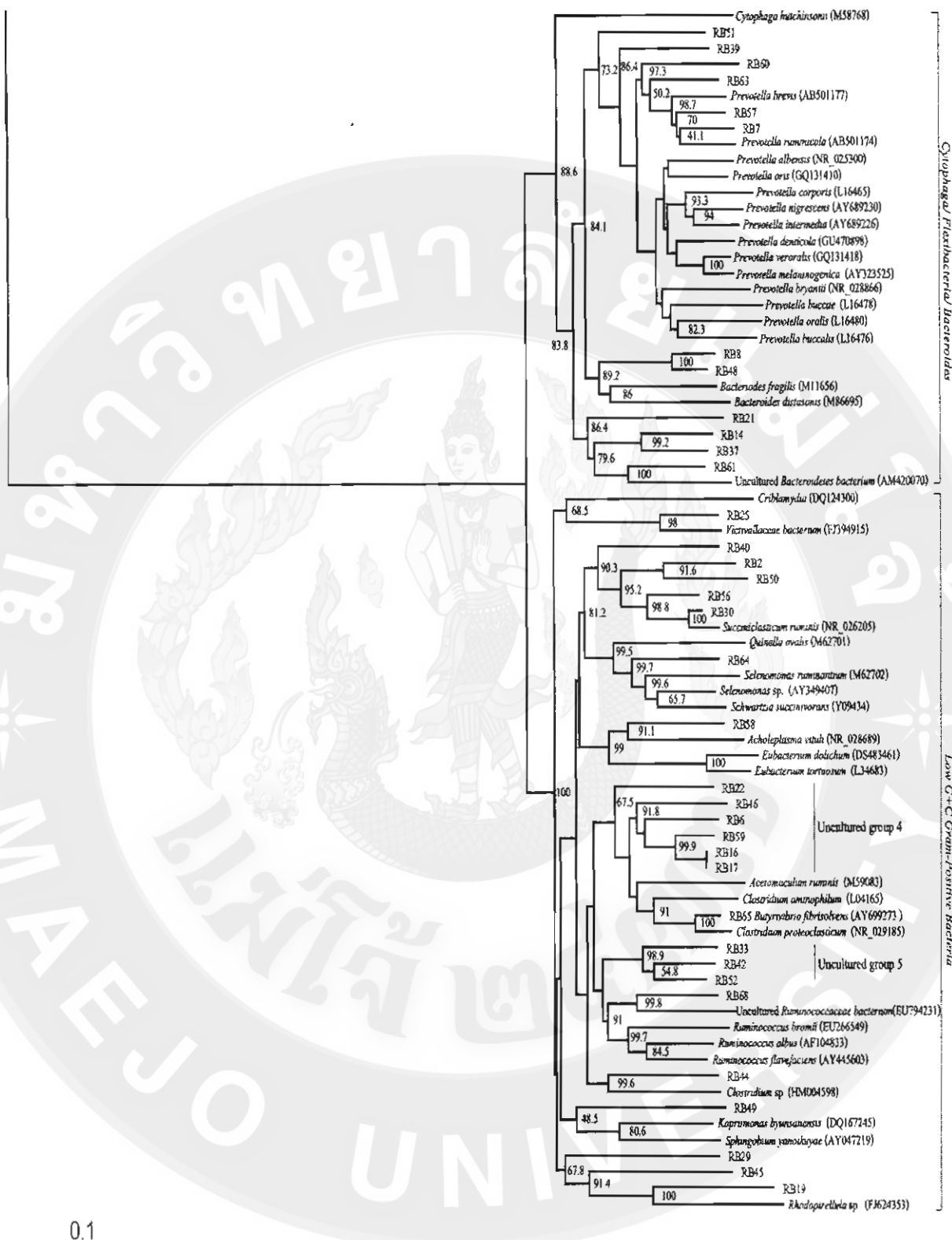
2. ผลการทำ Phylogenetic Tree ของลำดับเบสจากของเหลวในกระเพาะรูเมนโค

ผลจากการทำการวิเคราะห์ Phylogenetic Tree ดังแสดงในภาพที่ 10 ซึ่งเห็นได้ว่าลำดับเบสของแบคทีเรียในของเหลวที่ได้จากรูเมน จะอยู่ใน Phylum ของ low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB) เป็นส่วนมาก นอกจากนี้ยังมี Phylum ของแบคทีเรีย *Cytophage-Flexibacteria-Bacteroides* (CFB) , *Fibrobacter* (RB10) และ *Eubacterium* (RB12) และที่สำคัญจาก phylogenetic Tree ก็พบว่ามีกลุ่มของ Uncultured groups อยู่จำนวน 5 กลุ่ม ซึ่ง 3 กลุ่มแรกจะเป็น phylum โดยไม่ทราบชื่อแบคทีเรีย ซึ่ง Uncultured groups 3 เป็น Phylum ที่มีแบคทีเรียจำนวนโคลนของแบคทีเรียในรูเมนมารองจาก Phylum ของ low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB) ส่วนอีก 2 Uncultured groups คือ Uncultured groups 4 และ 5 จะเป็นกลุ่มของแบคทีเรียที่อยู่ใน phylum ของ low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB) ซึ่ง Uncultured groups ทั้ง 5 กลุ่มนี้ก็เป็นที่น่าสนใจโดยเฉพาะ 3 แรก ว่ามีหน้าที่อย่างไรในกระเพาะรูเมนของโค แต่ก็ต้องทำการศึกษาต่อไป และจาก Phylum ของ low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB) ก็พบว่าประกอบไปด้วยแบคทีเรียในกลุ่มของ *Victivallaceae* bacterium ที่ RB25 มีความเหมือน 98% , *Succinoclasticum ruminis* ที่ RB30 มีความเหมือน 100% , *Selenomonas* sp. ที่ RB64 มีความเหมือน 97% , *Achleplasma vituli* ที่ RB58 มีความเหมือน 91.1% , *Clostridium* sp.v ที่ RB44 มีความเหมือน 99.6% , *Rhodopirellula* sp. ที่ RB19 มีความเหมือน 100% และกลุ่มของ *Ruminococcus* sp. ที่มี RB68 อยู่ในกลุ่มนี้ นอกจากนี้ยังพบ Uncultured groups 4 (RB22, RB46, RB6, RB59, RB16 และ RB17), Uncultured groups 5 (RB33, RB42 และ RB52) ด้วย

ส่วนใน Phylum ของ *Cytophage-Flexibacteria-Bacteroides* (CFB) พบว่าแบคทีเรียส่วนใหญ่จะเป็นแบคทีเรียกลุ่มของ *Prevotella* sp. และ *Bacteroides* sp. โดยมีจำนวนโคลนที่อยู่ในกลุ่ม *Prevotella* sp. จำนวน 6 โคลน คือ RB51, RB39, RB60, RB63, RB57 และ RB7 ในกลุ่ม *Bacteroides* sp. มีจำนวนโคลนในกลุ่มนี้ 6 โคลน คือ RB8, RB48, RB21, RB14, RB37 และ RB61 ซึ่งจำนวนโคลนทั้งหมดที่อยู่ในแต่ละ phylum จะสรุปได้ดังแสดงในตารางที่ 2



ภาพ 10 Phylogenetic tree ของ 16S rRNA จากแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน (แต่ละโคลนแสดงโดยใช้อักษร RB ตามด้วยเลขที่โคลน) ใช้ลำดับเบสของ *Aspergillus niger* เป็นกลุ่ม Outgroup for rooting tree และเลขที่แสดงบนกิ่ง (%) มาจาก 1000 bootstrap tree



ภาพ 10 Phylogenetic tree ของ 16S rRNA จากแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน (แต่ละโคลนแสดงโดยใช้อักษร RB ตามด้วยเลขที่โคลน) ใช้ลำดับเบสของ *Aspergillus nigers* เป็นกลุ่ม Outgroup for rooting tree และเลขที่แสดงบนกิ่ง (%) มาจาก 1000 bootstrap tree (ต่อ)

สรุปผลการทดลอง (Summary)

จากผลการศึกษาแบคทีเรียในของเหลวกระเพาะรูเมนโดยใช้ชิ้นส่วน 16S rRNA มาทำ phylogenetic พบว่าลำดับเบสของแบคทีเรียในของเหลวที่ได้จากรูเมนโค จะอยู่ใน Phylum ของ low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB) 34.8% , *Cytophaga-Flexibacteria-Bacteroides* (CFB) 12% ,Uncultured groups 3 21.7%, Uncultured groups 1 14.4%, Uncultured groups 2 4.3%, *Eubacterium* 4.4% และ *Fibrobacter* (RB62) 3% ซึ่งจะเห็นได้ว่าแบคทีเรียในของเหลวกระเพาะรูเมนของโคส่วนใหญ่จะเป็นแบคทีเรียกลุ่มของ Phylum low G+C Gram-positive Bacteria (LGCGPB) และ *Cytophaga-Flixibacteria-Bacteroides* (CFB) (Satoshi Koike และคณะ (2003)) ซึ่งส่วนใหญ่ใน LGCGPB จะเป็นกลุ่มแบคทีเรีย *Ruminococcus* sp. และในCFB จะเป็นกลุ่มของแบคทีเรีย *Prevotella* sp. และ *Bacteroides* sp.

เอกสารอ้างอิง (References)

- เทอดชัย เวียรศิลป์. 2548. *โภชนศาสตร์สัตว์เคี้ยวเอื้อง*. พิมพ์ครั้งที่ 5. เชียงใหม่: ภาควิชาสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่. หน้า 74.
- พานิช ทินนิมิตร. 2512. *อาหารและการให้อาหารสัตว์*. วิทยาลัยเกษตรกรรมนครศรีธรรมราช. หน้า 98-106.
- เมธา วรรณพัฒน์. 2529. *โภชนศาสตร์สัตว์เคี้ยวเอื้อง*. ขอนแก่น: ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น. หน้า 11-12, 93.
- Amann, R.I., Ludwig, W. and Bryant, M.P. 1995. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological Reviews*. 59: 143-149.
- Hungate, R.E. 1966. *The Rumen and its Microbes*. USA. Academic Press, New York.
- Krause, D.O., Denman, S.E., Mackie, R.I., Morrison, M., Rae, A.L., Attwood, G.T. and McSweeney, C.S. 2003. Opportunities to improve fiber degradation in the rumen: microbiology, ecology, and genomics. *FEMS Microbiology Reviews*. 27: 663-693.
- Tajima, K., Aminov, R.I., Nagamine, T., Ogata, K., Nakamura, M., Matsui, H. And Benno, Y. 1999. Rumen bacterial diversity as determined by sequence analysis of 16S rDNA libraries. *FEMS Microbiology Ecology*. 29: 159-169.
- Satoshi Koike., Sayo Yoshitani., Yasuo Kobayashi and Keiichi Tanaka. 2003. Phylogenetic analysis of fiber-associated rumen bacterial community and PCR detection of uncultured bacteria. *FEMS Microbiology Letters*. 229: 23-30.
- Shinkai, T. and Kobayashi, Y. 2007. Localization of Ruminant Cellulolytic Bacteria on Plant Fibrous Materials as Determined by Fluorescence *In Situ* Hybridization and Real-Time PCR. *Applied Environmental Microbiology*. 73(5): 1646-1652.
- Whitford, M.F., Forster, R.J., Beard, C.E., Gong, J. and Teather, R.M. 1998. Phylogenetic analysis of rumen bacteria by comparative sequence analysis of cloned 16S rRNA genes. *Anaerobe*. 4: 153-163.

ภาคผนวก

ลำดับเบส ที่ได้จากการโคลนนิ่งส่วน 16S rRNA ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมน

>RB1

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCAGTCGCCAATCCTA
CCTTCGGCAGCGCTCTCCTTGCGGTTGAACCTGACTTCGGGTATTACCGGCTCCCATGGTGTGACGGGC
GGTGTGTACAAGGCCCGGAACGTATCACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCAATCCGACTTCAT
GCAGGCGGGTTGCAGCTTGCAATCTGAACTGGGACCGCTTTAGGGGTTTGCTCCACATCGCTGTTTCGCTT
CCCTCTGTTTACGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCGTCCC
CACCTTCCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCCTATTAGAGTGCTCTTGCGTAGCAACTAATAGCAAGGGTTGCGC
TCGTTGCGGGACTTAACCCAACTCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTTCGTGTCC
CGAAGGAAACATCCATCTCTGGATGCGTCACTCGATGTCAAGACCTGGCAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAA
TTAAACCACATACTCCACTGCTTGTCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTGCGGCCGTACTCC
CCAGGTGGATTACTTATTGTGTTAACTGCGGCACGGATGGGGTCAGTCCACCCACACCTAGTAATCATCGTTT
ACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTACCCACGCTTTCGTGCCTGAGCGTCAGTTAAAGCC
CAGCAGGCCGCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCCTATCTCTACGCATTTACCGCTACACAGGGAATTCCGCC
TGCTCTACTTCACTCAAGCCTGACAGTTTCAAGTGACGTTTCATGGGTTGAGCCCATGGATTTACACCTGAC
TTGCCAAGCCGCCTACGCACCCCTTACACCCAGTAAATCCGGACAACGCTTGCTCCCTACGTATTACCGCGG
CTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGAGCTTATTCATAAGGTACCGTCTTAGTTTCGTCCCTATANAAGGAGTTTAC
AATCCGAAAGCCGTCATCCTCCACGCGGCGTTGCTGCGTCAGGGTTTCCCCCATGGCGCAATATCCCCAC
TGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTCACCTCTCAGTCCGGCTAC
CGATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTACCTCACCAACTAGCTAATCGGACGCGAGTCCATCCTCGAGCAATAA
ATCTTTGGTACATCGATCATGCGGTCAATGTACATTATGCGGTATTAGCGTTCTTTTTCAGAACGTTATCCCCA
CTCGAGGGCAGGTTACTCACGCGTTACTCACCCGTCCGCCACTAAGTAAGACAAGGAAATCGAGTAGCAAG
CTACCATCAATCCAGCGTCTTACTCCGTTTCGACTTGTCATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTCGTCTGAGC
CAGGATCAAAC
CT3'

>RB2

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTGAACGGGGATTTTG
TTTCGGCAGAACTCTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGCCGGGACAACA
CGCCGAAAGGTGTGCTAATACCGGATACGAAGGATGTACCGCATGGTATATTTTGAAGACGGCCTCTGAA
TGTAAGCTGTGCGCGGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGGTTGGCGGGGTAAACGGCCACCAAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGGACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACG
GGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGGGTGAGGAA
GTTTTTCGGAACGTAAAGCCCTGTTGTTTATGACGAACGGCCCTTCTGTGAACAATGGAGGGGAATGACGGT
AATAGACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCC
GGAATTATTGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGTAATGTAAGTCTGTCTGAAACTGCGGGGCTCAGCCCCG
TATGGCGATGGAACTGGATTACTTGAGTGACGAGAGGAAAGGGGAACCTCCAGTGTAGCGGTGAAATGC
GTAGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCCTTTCTGGACTGTGTCTGACGCTGAGATGCGAAAGC
CAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCCTGGCCGTAAACGATGGGTACTAGGTGTGGGAGGT
ATCGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTTAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTGGTTAATTCGACGCAACGCGAAGAAC
CTTACCAGGTCTTGACATCGAGTGCAAGGTGTAGAGATACCCCTCTCTTCGGAGACATGAAGACAGGTG
GTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTGCGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTCTC
CAGTTGCCATCAGGTTAAGCTGGGCACTCTGGAGACACTGCCACCGTAAGGTGTGAGGAAGGTGGGGATG
ACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGAGTACAGAGAGTCAACC
GCCGGCAACGTGGTTTAAATCAATAAAGCTCTCCTCAGTTTCGATTGGGGTCTGCAACCCGACCCCATGAA
GCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCC
CGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGCGCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTGGCCTAGGGTGAACCGGT
GATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB3

5'AAGGAGGTGATCCAACCGCAGGTTCTCCTACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCCAATCATTGGCTCTAC
CTTCGACTGCTGCCTCTAAAGTTAGCTCACAGGCTTCGGGTATTCCAACCTCATGGTGTGACGGGCGGT

GTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACGGCAGTATGCTGACCTGCCATTACTAGCAATTCGACTTCGTGCA
 GGCGAATTTAGCCTGCAGTCCGAAGTACGACCGCTTTTGTAGTTTGTCTCATATCACTATGTTGCTGCTCTT
 TGTAACGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAAGACATAAAGGGCATGATGATTGACGTCATCCCCACCTT
 CCTCCGATTTATTACCGGCAGTCTTTCTAGAGTTCCACCATGATGTGCTGGCAACTAGAAATAGGGGTTGCG
 CTCGTTGCAGGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTGTATGAGCT
 CCGAAGAGCTACTTCTATCTCTAAAAGTATCCCATACATGTCAAGCCTTGTAAGGTTCTTCGCGTTGCGTC
 GAATTAACACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGGCCGTAC
 TCCCCAGGTGGATGACTTATTGTGTTAACTGCGGCACGGAAGGGTTCAGTCCCCCACACCTAGTCATCATC
 GTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGTGCCTCAGCGTCAGTAAA
 GGCCAGTAAGCCGCTTCGCCACCGATGTTCTCCTAATATCTACGCATTCACCGCTACACTAGGAATTC
 CGCTTACCTCTATCTCACTCAAGAGCCACAGTTTCAAATGCAGTTCATGGGTTGAGCCCATACATTTACATCT
 GACTTGCAGCCCCGCTACGCACCTTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTTGCCCCCTACGTATTACCG
 CGGCTGCTGGCAGTAGTTAGCCGGGGCTTCTAGTCAGGTACCGTCATTTTCTTCCCTGCTGATAGAGCTTT
 ACATACCGAAATACTTCTCACTCACGCGCGCTCGCTGCATCAGGGTTCCCCCATTTGTGCAATATTCCCCAC
 TGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTACCCCTCTCAGGCCGGGCTAC
 TGATCGTCGCTTGGTGGGCGGTACCTACCAACTAGCTAATAGCCCGCGGGCGGCTCTCTCGGTGTATC
 AAAAGATACTTTCCTGCATGGCCTCTAAATCCATGCAGCGTATTGGTATTATCTCCTGTTTCCAAGAGCTATC
 CCCATCCAAGAGGTACGTCACCCACGCGTACTCACCAGTCCGCCATTCTAGGATCAGTGCAAGCACCGAT
 CTTGCCATTGACTTGCATGCTTAAGACGCGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB4

5'AAGGAGGTGATCCAACCGCACCTTCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTAACCCCAATCATCAGACCCAC
 CTTGACTGCTGCCCCCTTTCGGTCAGCTCACAGGCTTCGGGTGTTTCCGACTTTCATGGTTTGACGGGCGG
 TGTGTACAAAGCCCGGGAACGTATTCACCGCAGCATGCTGATCTGCGATTACTAGCAATTCAACTTCATGC
 AGGCGAGTTGCAGCCTGCAATCCGAAGTGGACGCTTTTATGGATTGCTCCCCCTCGCGGGTTTCGCTT
 CCTTTGTTTTCGCCATTGTAGTACGTGTGTGGCCCGGAACATAAAGGGCATGATGATTGACGTCATCCCC
 ACCTTCCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCTGCCAGAGTGTCTTTCGCTAGCAACTGACGGTAAGGGTTGCGC
 TCGTTGCGGGACTTAACCCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTTTCGCGCT
 CCCCCGAAGGGGCACGGACCTCGTTATCGGTCTTCCGCAGATGTCAAGTCCCGGTAAGGTTTTTCGCGTT
 GCGTCGAATTAACACACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCTCCCGTCAATTCCTTIGAGTTTCAACCTTTCGCGC
 CGTACTCCCCAGGTGGAATGCTTATTGCGTTAGCTGCGGCACAGAGGATGACTCCCCCTACACCTAGCATTCA
 TCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGTGTCTCAGCGTCAGTTA
 TCGTCCAGTAATTCGCTTCGCCACCGGTATTCCTCCGATCTCTGCGCATTTACCGCTACACCGGGAATT
 CTCATTACCTCTCCGATCTCAAGAAAGACAGTTTCGGTGCACCTTTATGGGTTAAGCCCATATTTTCATC
 CGACTTGCTTCCCGCCTACACACCTTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTCGCCACCTACGTATTACC
 GCGGCTGCTGGCAGTAGTTAGCCGTGGCTTCCTCCACAGGTACCGTCATTGCTTCGCTCCCTGTTGACTAA
 GGTTTACAATCCGAAGACCTTCTTCCCTCACGCGCGCTCGCTGGGTGAGACTTCGTCATTGCCAATATT
 CCCCAGTGTGCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTATCTCAGTTCCAATGTGGCCGTTTCAGCCTCTCAGTCC
 GGCTACCGATCGTAGACTTGGTGGGCGGTTGCCCGCCCAACTATCTAATCGGACGCAAGCTCATCTTCGTG
 CGATAAATCTTTGGCAGAAAGACCATGCGATCCCTCTGCGTCATGCGGTATTAGCAACCGTTTCAGTTGTTA
 TTCCACACACAAAGGCAGATTGCTTACGCGTTACTCACCCGTCGCCACTCGCGTATTCTACGGCTCGTT
 CGACTTGAATGTGTTAGGCACGCCGCCAGCGTTTATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB5

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCTGTTTCAC
 CCTAGGCCGACCTTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCAGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTAC
 AAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
 GGTTCAGACCCCAATCCGAAGTGGATGGCTTTTGTATTGATTGCTATTGCCAGCAACCCACTCTCTGT
 ACCACCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTGACGTCATCCCCACCTTCCT
 CACACCTTACGTTGGCAGTATCCGCAGAGTGCCAGCACTACCTGATGGCAACTACGGACAGGGGTTGCG
 CTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCAG
 CCCCCAAGGGCGTCAACATCTCTGTATCCTCCTGCTGAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTTCTTCGCGTATCAT
 CGAATTAACACACATGTTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTGTAGTTTACCGTTTTCGCGCGCT
 ACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGCTTTCGCTTGGCCGCTGACACTATATCGCCAACAGCGGGCATCCATC
 GTTTACCGTTCGCGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATAACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAA
 GGACTCGTCAGCTGCCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTC
 CGCTGACGTCGTACTCAAGACTGCCAGTTCGCGACGCAAGTGCAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACG
 TCACGCTTAACAATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCCAATAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGCTATTAC

CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCCTTATTCATACAGTACCTACAAAACACCACACGTGGTGCACCTT
TATCCCTGTATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTCAGGCTCG
CGCCCATGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGG
GACCTTCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTAGGCTAGGTGGGCCGTTACCCCGCCTACTGCCTAATCAGAC
GCATCCCCATCCCTTAGCGATCAATCTTTGTTCCAGCTCAGATGTCCTCATTGGAAAACATAGGGTATTAATC
CGACTTTCGCCGGGCTATGCCCTACTAAGGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTCACCCGTGCGCCGGTCGC
CATCAAAGTTTGCAAGCAAACTTCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCC
TGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB6

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAACCTTAAT
GAAACCTAGTGATTAAAGTTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACCTGCCGCATGCAGGGGGA
CAACAGAGGGAACTTCTGCTAATACCGCATAAGCGCACGGGGCCGCATGGCCTTGTGTGAAAAGATTTAT
CGGCATGCGATGGACCCGCGTCTGATTAGGCAAGTTGGTGAAGTAACGGCCCAACCACTACGATCAGTA
GCCGGCCTGAGAGGGCAAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGAGGAACTCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGAAGAAGTATTCGGTATG
TAAAGCTCTATCAGCAGGAAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGATTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGTTCTGCA
AGTCTGAAGTGAAAGCTCGGGGCTCAACCCCGAACTGCTTTGAAACTGTAGAACTGGAGTGCAGGAGAG
GTAAGCGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGAGGCGAAGGCGGCTT
ACTGGACTGTAACGTACGTTGAGGCTCGAAGGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAC
GCGGTAAACGATGATCACTAGGTGTTGGCAGGCATAGCCTGTCGGTGCCGCAGCAAACGCAATAAGTGATC
CACCTGGGGAGTACGTTTCGAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCA
TGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGAGATCCAGTTGAATAATGGGTAATGCCAT
TAGTCTTCGGACAACGTAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTC
CCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCCCTAGTAGCCAGCAAGTAAAGTTGGGCACTCTAAGGAGACTGCCCGG
GATAACCGGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCAGGGCTACACACGTGCTA
CAATGTCGTAACAAAGGGGAAGCAATGGAGCGATCCGAGCAAATCCCAGAAATAACGACTCAGTTCGGAT
TGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATGCTGCGGTGAATAC
GTTCCCGGGTCTTGATACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGATAATGCCCGAAGCTCGTGACCTAAC
TCGTGAAGGAGCGATCGAAGGCAGGATTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCT3'

>RB7

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCATGA
TCGAAGCTTGCTTTGATTGATGGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTCCCTATAGTAGA
GGATAGCCCGGCGAAAGTCGGATTAATACTCTATGTTTTCAATGCAGACATCTAAGATGGAACAAAGTTTA
CCGCTATAGGATGGGGATGCGTCTGATTAGATGGTAGGCGGGTAACGGCCACCTAGTCGACGATCAGTA
GGGGTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGAACTGAGACACGGTCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGCGAGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTATGGGTT
GTAAACTGCTTTTATATGGGGATAAAGTTCACCACGTGTGGTGTGTTTGTAGGTACCATATGAATAAGGACCGG
CTAATTCCGTCGACGAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTATTGGGTTAAAGGG
AGCGCAGGCCGGTGCTTAAGCGTGACGTGAAATGCCGCGGCTCAACCGTGGAAGTGCGTCGCAACTGG
GTGCTTGAGTGAGTTCGACGCCGCGGAATTCGTGGTGATGCGGTGAAATGCTTAGATATCACGAAGAAC
CCCGATTGCGAAGGCAGCCGCGGAGGCTTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACAGGA
TTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTATGCGATATATTGTATCGGGCCAAGC
GAAAGCGTTAAGCATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCC
GCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAGTGCAGCA
GAACGATTGAGAGATGATGAGGTCTTCGGGACTGCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGC
CGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTTCGTAGTTGCCATCAGGTGAGCTGGGC
ACTCTGGCGACACTGCCACCGTAAGGTGCGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACG
TCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGTGGTACAGAGAGTGGGTGTACGCAAGTACGCTCCAATCATGA
AAGCCATCCTCAGTTCGGACTGGGGTCTGCAACCCGACCCACGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCAT
CAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGATACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCTGGGGC
GCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTCGGCCTAGGGTGAACAGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGT
AGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTTAATCACTAGTGAATTCGCGGCCGCTGCAGGTGAC
CATATGGGAGAGCTCCCAACGCGTTGGATGCATAGCTTGAGTATCTATAGTTCACTAAAGC3'

>RB8

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGACAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCG
GGAGAAGCTTGCTTTTCTGGCGGCGACCGGCGCACGGGTGCGTAACAGGTGTGCAATCTGTCTATACCG
GGGCATAGCCAGCGAAAGTTGGATTAATTCTCCATGTGAGACGAAGCCGCATGGTTTTGTTTTGAAACGTA
AGGGTATAGGGTGAGCACGCTTCTGATTAGATAGTTGGTGGGGTAACGGCTCACCAAGTCGACGATCAGTA
GGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGAACTGAGACACGGTCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGCGAGAGCCTGAACACAGCCAAGTCGCGTGAAGGATGAAGGTTCTATGGATTG
TAAACTTCTTTGTCCGAGGGTAAAAAAGGCCACGTGTGGCTTCTTGCAAGTATCGGACGAATAAGCATCGG
CTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTATTGGGTTTAAAGGG
TGCGTAGGTGGTTTGTAAAGTTTGTGGTGAAGCGTGC GGCTCAACCGTACCAAGCCATGAAAACTGGCGAA
CTTGAGTGCAAACGAGGTAGGCGGAATGTGATGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGTCACAGAACCCCG
ATTGCGAAGGCAGCTTACCAGCATGCAACTGACACTGAGGCACGAAAGCGTGGGTATCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGAATACTAGCTGTTGGCGATATATGGTCAGCGGTACAGCGAAAG
TGTTAAGTATTCACCTGGGGAGTACGCCGGAACGGTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACA
AGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAGTTAGTGACGGA
CTGTGAAAGCGGTCTTCCCTTCGGGGCAGCAAACTAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAG
GTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTGCCGTTAGTTGCCAGCGGGTAATGCCGGGAACCTTA
GCGGGACTGCTACTGTAAGGTAGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGG
CGACACACGTGTTACAATGGTGAGTACAGAGGGTTGCTACCTGGTGACAGGATGCTAATCTCTAAACTCA
TCTCAGTTCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATG
GCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGGAAGCTGGGGGTACCTAAAG
TCTGCAACCGCAAGGAGCGGCCTAGGGTAAAAGTGGTAAGTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAC
CGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB9

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCAGTTTCGC
TCTAGGCCGATCCTTGCGGTACGGACTTCAAGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGGTGAGGAAGGCTTTAGGATTAGATGCATATTGCCATGCACCGACTCTCTG
TACCTCCCATTTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTGACGTATCCCCACCTTCC
TCACACCTTACGGTGGCAGTATCACCAGAGTGCCAGCATCACCTGATGGCAACTAATGAAAAGGGTTGCG
CTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACCAAGTGC
CCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTCACTGGCAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTCTCGCGTATCATC
GAATTAACACCATGTTCTCCTCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTACCCGTTGCCGGCGTA
CTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTTTGGCCGCTCACAGTATATCGCAAACAGCGGGCATCCATCGT
TTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAGG
CCTTGTGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCCGCTACACCACGAATTCGCG
CAACATCGAACTCACTCAAGATAACAGTTTCGCGACGCAGTTGAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACGTCAC
GCTTAATCATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCCGTATTACCGC
GGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCCCTTATTCATATGGTACCTACAAAAGGGACACGTCCCTCACTTTAT
CCCCATATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTGAGACTTCCGT
CCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGAC
CTTCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTGGGCTTGGTGGGCGGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCAT
CCCCATCCTATAGCGGTAAACCTTTGGTATTCTTCAGATGTCATCGAAATACAACATAGAGCATTAAATCCGACT
TTGCGCGGGCTATTCTCTACTACAGGGAAGGTTGGATACGCGTACTACCCGTCGCGCGGTGCGCCAGCAT
CAAAAGCAAGCTTTCGATCTGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGAGC
CAGGATCAAACCTCT3'

>RB10

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAGTCAAAGGTCTTG
CTTTAGGCGCTTGACGACTTAGAGCACTCCCTTCTCCCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGG
GAACGTATTCACCGTGGTGTGCTGACCCACGATTACTAGCGATTCCAGCTTCACGGAGTCGAGTTGCAGACT
CCGATCCGAAGTGAAGACGGCTTTGGGGATTGGCTCCATCTCGCGATGTTGCGACCCATTGTACCGACCAT
TGTAGCACGTGTGTAGCCAGGATGTAAGGGCCATGAGGACTTGACGTATCCACACCTTCTCCGGGTTG
TCCCCGGCAGTCTCTCAGAGGGCCCCCTCGCGGGTGGCAACTGGAAACGTGGGTTGCGCTCGTTGCGG
GACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGCGGAACGTTGCATTGCT
GCAAGACGGCGATCTCTCGCCGCGGCGTTCCCATGTCAAACCTGGTAAGGTTCTGCGCGTTGCTTCGAAT
TAAACCATATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCATACTTGGCTACGTAACCTCC

CAGGCGGCATACTTAACGCGTTGGCTACGGTACCCGGGGATACCCCGGACACCCAGTATGCATCGTTTAC
 GGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTACCCGCACCTTCGAGCCTCAGCGTCGATTAAGTCCCC
 AGCAGGCTGCCTTCGCCATCGGTGTTCTTCTGATCTCTACGCATTCCACCGCTACACCAGGAATCCGCCT
 GCCCCGAACTATCCAAGAGATCCAGTTCGGACTGCAGGTCCGGGGTTGGGCCCCGGGATTGTACAATCC
 GCTTGAATCTCCGCTACGCTCCCTTTACGCCAGTGATTCCGAACAACGCTTGACCCCTCGTATTACCGC
 GGCTGCTGGCACGAAGTTTGGCGGTGCTTCTTTGAGGTACATTCAATCCCGTCCGAAGGCGGGCCTTATT
 CCCTCACGACAGTGTTTACACACCGAAATGCTTCTTCCACACGTGGCGTTGCTGCATCAGGGTTCCCCC
 ATTGTGAATATTCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTATCTCAGTCCCAATGTGGCCGATCA
 CCCTCTCAGGCCGGCTACCGATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTTGCCCCGCCAACTAGCTAATCGGACGCAA
 GCTCATCCCGTACCGATAAATCTCTAGTCAACTCCCCATGCAGGGAGCCACTCTCCTGGACATTAACCGCGC
 GTTGGCACGGGTATTTCTGATACGGGGCAGATTGCTTACGCGTTACTCACCCGTTCCGCGCTCGGCATTGC
 TGCCTTGCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB11

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCGGTACTGCTACCTTGTTATGACTTAACCCCAATCACCATCCAC
 CGTAGGCGGCGTCCCCTTGCGTTAGACTACCGACTTTGGGTGAAATCGACTCTCATGGTTTGACAGGCGGT
 GTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACCGCTGCATTCTGATCAGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTC
 CTCGAGTTGCAGAGGGCAATCTGAAGTGGCGTTTAAAAAGGATTGGCTTTGCCCTGCGACATTGCGACCC
 ATTGTTAACGCCATTGTAGTACGTTGTAGCCCGACCCGTAAGAACCATGATGACTTGACGTATCCACACCT
 TCCTCCCGCTTGACGCGGGCAGTCCCCTAAGAGTTCCCGGCATTACCCGCTGGCAACATAGGGCGTGGGT
 GCGCTCGTTGACGAGCTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTCTCCG
 CACCAACCGAATTGAAGAAATCCATCTCTGAAATCGCGTGGCGGATGTCAAGGGTCGGTAAGGTTTCTCG
 CGTAGCATCGAATTAACAACATACTCCACCGCTTGTCGGGTCCCCGTCATTCCTTTAAGTTTTAATCTTGC
 GATCGTACTCCCCAGGCGGCATGCTTAACGCGTTAGCTTCGTCATGATCCCCGAAGGAAACCAACAACA
 AGCATGCATCGTTAGGGCGTGGACTACCAGAGTATCTAATTCTGTTTGTACCCACGCTTTCGTCCCTCAGT
 GTCAGCGACGATCCAGAAGACTGCCTTCGCCATTGGTGTCTATCTGATATCTACGGATTTACCCCTACACC
 AGATGTTCCATCTTCTCTATCGCGCTCCAGCTTGCCAGTATCAAAGGCAGTTCCAAGGTTGGGCCCTGGGA
 TTTCACCTCTGACTTAACAAACACCTACGGACGCTTTACGCCAGTAAATCCGAACAACGCTTGACCCCTTC
 GTATTACCGCGGTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGTGCTTTTTCTGTCGCTACTGTCATCATCTTCAGACTAA
 AAGAACTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTCATTACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCCAA
 TATTCTTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGCTCAGTTCCAACGTGGCTGATCGTCTCTCAGA
 CCAGCTATGGATCATTGCCCTGGTAGGCCATTACCCACCAACAAGCTAATCCAACGCGGGCACATCCATCA
 CCGATAAATCTTCCCGTTTCCGGCGTATGCGGTATTAGCGTTCTGTTTCAAACGTTATTCCCCAGTAATGGG
 CAGTTTCCACGCGTTACTCACTCGTGCGCCACTAACTAGGCGAAAGCAAGCTTTCGCTTCGTCCGTTTCGAC
 TTGCATGCCTAAGACCTGCCGCCAGCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB12

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCAGGTTCCCCTACGGCTACCTTGTTACGACTTCCCCCAATCATCGTCCCTA
 CCGTAGACGGCTGCCTCTATTGCTAGTTGACTACCGGCTTCGGGTAAACCGACTTTCGTGGTGTGACGG
 GCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGCAITCCCCCGGCATGCTGATCCGGAATTACTAGCGATTCCAACCT
 CAAGGAGTCGAGTTGCAGACTCCTATCCGGACTGGGACGCAGTTTTTGGGATTGCTTGGCCTCGCGGCTT
 CCCC GCCCTCTGTATGCGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCTAGGTGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCA
 TCCCCACCTTCTCCCGGTTGACCCGGGCAGTCTGCACAGAGTGCCACAGCCTTGCTGCTGGCAACTGTGC
 ATAGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTTACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC
 CTGTCTCGGAGCTCCCTTGCGGGCACCTCTGCTTTCACAGGAGTTCTCCGGATGTCAAACCTAGGTAAGGT
 TCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTCGGGTCCCCGTCATTCCTTTGAGTTTTAT
 TCTTGCGAACGTAATCCCCAGGTGGAATACTTATTGCGTTAGCTGCGGCACCGAGGAGCTTGTCTCCCAAC
 ACCTAGTATTATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGTGCCT
 CA₉TGTCAGTGTGAGTCCAGAAAGCCGCTTCGCCACTGGTGTTCTCCTAATATCTACGCATTTACCGCTA
 CACTAGGAATTCGCTTTCCTCTCTGTACTCTAGCTTGACAGTTTCAAATGCAGTTCCGGGGTTGAGCCCCG
 GCATTTACATCTGACTTGCCATGCCACCTACGCACCCCTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTTGACCC
 ATACGTATTACCGCGGTGCTGGCACGTATTAGCCGGTGCTTCTAGTCAGGTACCGTCATTTTCTTCCCTG
 CTGATAGAGTTTTACGTACCGAAATACTTCATCACTCACGCGGCGTCTGCTGCATCAGGGTTTCCCCCATTGTG
 CAATATTCGCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTTACCCTCT
 CAGGCCGGCTACTGATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTTACCTCGCCAACCTAGCTAATCAGACGCGGGTCCATC
 TCACACCACCGAGTTTTTCACTGTATCATGCGATACCGTGCCTTATGCGGTATTAACAGTCGTTTCCAA
 CTGTTATCCCCCTGTGTGAGGCAGTTACCCACGCGTTACTACCCGTCGCCCACTAAGATTACCTCCTGC

AAGCAGGTGGTAAATCTCCGTTGCACTTGCATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAGGATC
AAACTCT3'

>RB13

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTACGACTTCACCCCAATTATCGGGCCCTAC
CTTCGGCAGCGCCCTCCTTGCGGTTAGGCTACTGACTTCGGGTATTGCAGACTCTCATGGTGTGACGGGCG
GTGTGTACAAGGCCCGGGAGCGTATTACGGCAGTATGCTGACCTGCCATTACTAGCAATTCGACTTCGTG
CAGGCGGGTTGCAGCCTGCAGTCCGAACAGAGACAACGTTTGGGGATTGCTTGCCCTCGCGGGTTTGCTG
CCCTCTGTGCTTGCCATTGTATTACGTGTGTAGCCCAGGACATAAGGGGCATGATGACTTGACGTCATCCCC
ACCTTCCTCCGGCTTGTACCGGGCAGTCCCACCAGAGTGCCCAACTTTACTTGATGGCAACTGGTAGCAAG
GGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTC
ACTTATCCAGCCTAACTGAAAGAAATCATCTCTGATCTCCCCGATAAGGATGTCAAGAGTTGGTAAGGTTCTT
CGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAATCT
TGCGACCGTACTCCCCAGGCGGAATGCTTATCGCGTTAACTTCGTACCGACTTATCGCCGACAACCTAGCAT
TCATCGTTTACAGCATGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATCCCCATGCTTTCGTGCCTCAGTGTGAT
TGACAGCCAGATACTCGCCTTCGCCTCCGGTGTCTACCCAATATCTACGAATTCACCTCTACACTGGGTAT
TCCAATATCCTCTCTGTCACTCTAGATAAATAGTTATAACGGCAATTCCTAAGTTAAGCCCAGGTAATTCACCG
CTATCTTACTTATCCACCTACACACCCCTTACGCCCAGTAATCCGAACAACGCTCGCCCCCTTCGTATTACC
GCGGCTGCTGGCACGAAGTTTGC CGGGGCTTCTTTAGATGCTACCGTCACTCATCGTCACATCCGAAAGAGCT
TTACAAITCGAAAACCTTCTTCACTCACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCCAATATTCCTC
ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGCTGTTCTGCTCCTCTCAGACCAGCTA
TAGATCGTCGGCTTGGTAGGCCGTTACCCCACTACCTAATCTTCCGCGGGCCAATCTTTCGGCAATAA
ATCTTTCCTTTCAGGGCTTATGCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCCTCCCAAAAGGTATGTC
CCACGTGTTACTACCGAGTGCCTACTCTCATTATGATAGCAAGCTACCACCAATCCCGTTCAACTTGCAT
GTGTTAAGCCTGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB14

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCG
GGGTAGCAATACCCTGGCGGCGACCGGCGAAAGGGTGC GTAACGCGTGAGCAACTTGCCCGTATCTGGGA
CATAAGCGGTGGAACGCCGTCTAATTTCCCATAAACAGAGGCCGCATGACCTTTGTTTGAAGATCCGT
CGGATACGGATGGGCTCGCGAGACATTAGCTAGTCGGCGTGGTAACGGCACACCGAGGCTACGATGTCTA
GGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCCACTGGAACAGAGACCGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGCGCAAGCCTGAACCAGCCATGCCGCGTGACGAATAAGGCCCTATGGGTC
GTAACTGCTTTTGTGGTGGAGCAATAAGGTGTACGTGTACCCGATGAGAGTACATCAGGAATAAGCATCG
GCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCAAGCGTTATCCGGATTATTGGGTTAAAGG
GTGCGTAGGCTGTGGGGAAAGTCAGGGGTGAAAGCCCGGCGCTTAACGCCGGAACCTGCCCTTGATACTTC
TCCGCTGGAATACGGATGCCGTGGGAGGAATGAGTAGTGTAGCGGTGAAATGCATAGATATTACTCAGAAC
ACCGATTGCGAAGGCATCTCACGAATCCGTCAATTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGGATCAAACAGGAT
TAGATACCCTGGTAGTCCACGCAAGTAAACGATGATAACTAACCGTCGGCGATACACAGTCCGTGGCCAAGC
GAAAGCGATAAGTTATCCACCTGGGGAGTACGTTCCGAAGAATGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCG
CACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTCGAACGGCAAGTG
AAGGATCAAGAGATTGTGACGCCCTTCGGGGCACTTGTGAGGTTGCTGCATGGTTGTGTCAGCTCGTGTG
GTGAGATGTTGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCTTGTGCGCAGTTACCAGCAAGTAAAGTTGGGGA
CTCTGGCGAGACTGCCACCGCAAGGTGTGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGT
CCGGGGCGACACAGTGTACAATGGCGACTACAGAGGGAAGCCACCTGGCGACAGGGAGCAGATCTCG
AAAAGTCGTCTCAGTTCCGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGCTGGATTCCGTAGTAATCGCGCAT
CAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGT
GCCTGAAGTCCGTGACCGAAAGGAGCGGCCTAGGGCAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGT
AGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCT3'

>RB15

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACTGCTACCTTGTATGACTTAACCCCAATCACCAATCCCAC
CGTAGGCGGCGCCCTCTTGCGTTAACTACCGACTTTGGGTGAAATCGACTCTCATGGTTTGACAGGCGGTG
TGTAACAAGACCCGGGAACGTATTCACCGTTGCATTCTGATCAACGATTACTAGCAATTCAACTTCATGTCCT
CGAGTTGCAGAGGGCAATCTGAACAGAGCGGTTTTAAGGATTGGCTTGCCTTGCGACATTGCGACCCAT
TGTTACCGCCATTGTAGTACGTTTGTAGCCCCAGCCGTAAGAACCATGATGACTTGACGTCATCCACACCTTC
CTCCCGCTTGACGCGGGCAGTCCCCTAAGAGTTCCCGGCATTACCCGCTGGCAACATAGGGCGTGGGTTG
CGCTCGTTGCAGGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTCTTTGGT

CCAACCGAATTGAAGACAACCATCTCTGGAAGTCGCGACCAAGATGTCAAGGGTCGGTAAGGTTTCTCGCG
TAGCATCGAATTAACAACATACTCCACTGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCCTTAAAGTTTAACTCTTGCGA
TCGTAGTCCCCAGGCGGCATGCTTAACGTGTTAACTCCGTCATGATCCCCGAAGGAAACCAACAACAAG
CATGCATCGTTTAGGGCGTGACTACCAGAGTATCTAATTCTGTTTGTACCCACGCTTTCGTCCTCAGTGT
CAGCAACGATCCAGAAGACTGCCCTCGCCATTGGTGTCTATCTGATATCTACGGATTTCACCCCTACACCAG
ATATTCATCTTCTCTATCGCGCTCCAGCTTGCCAGTATCAAAGGCAGTTCAGGGTTGGGCCCTGGGATTT
CACCCCTGACTTAACAACACCTACGGACGCTTACGCCAGTAAATCCGAACAACGCTTGACCCCTTCGT
ATTACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTAGCCGGTGCTTTTCTGTCACTACTGTATCATCTTCATGACTAAAA
GAACCTTACAACCCGAAGGCCCTTCTTATTACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCAATAT
TCTTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGCGTGGCTGATCGTCTCTCAGACC
AGCTATGGATCATTGCCCTGGTAGGCCATTACCCACCAACAAGCTAATCCAACGCGGGCACATCCATCACC
GATAAATCTTCCCCTTGCGGGCGTATGCGGTATTAGCGTTCGTTTCCAAACGTTATCCCAGTGAAGGGCA
GTTTCCACGCGTTACTCACTCGTGCGCCACTGACTTCAGAGAGCAAGCTCTCTGTCATCCGTTGACTTGC
ATGCCTAAGACCTGCCGCCAGCGTTGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB16

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTGAACGGAGTTTACA
TGAAACCTAGTGATTGTAACTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACCTGCCTTATCCAGGGG
GATAACAGTGAGAAATTACTGCTAATACCGCATAAGCGCACAGAATCGCATGATTCAAGTGTGAAAAGATTAT
CGGGATAAGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAAACGGCCCAACAGGCGACGATCAGTA
GCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGGGAAACCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGATGAAGTATTCGGTATG
TAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGATTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGCATGGC
AAGTCTGAAGTGAATGCGGGGGCTCAACCCCTGAAGTCTTTGAAACTGTTAAGCTAGAGTGTGCGAGA
GGTAAGTGAATTCTAGTGAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGCT
TACTGGACGATGACTGACGTTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCA
CGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGGGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTCGCAAACGCATTAAGTAAT
CCACCTGGGGAGTACGTTGCAAGAATGAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGC
ATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAAAACCTACCAAATCTTGACATCTGGATGACCATATATGTAATGTAT
ATTCTCTTCGGAGCATCCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTGTCGTAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAG
TCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCCTTTAGTAGCCAGCGGTTCCGGCCGGGCACTCTAGAGGGACTGCCAG
GGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTGGGCTACACACGTGCTA
CAATGGCGTAACAAAGGGAAGCGACCCCTGTGAAGGTGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTTCGGATT
GTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGGAATCAGCATGTGCGGGTGAATACGT
TCCCGGGTCTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAATGCCGAAGTCAGTGACCTAACCG
CAAGGAAGGAGCCGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB17

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTGAACGGAGTTTACA
TGAAACCTAGTGATTGTAACTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACCTGCCTTATCCAGGGG
GATAACAGTGAGAAATTACTGCTAATACCGCATAAGCGCACAGAATCGCATGATTCAAGTGTGAAAAGATTAT
CGGGATAAGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAAACGGCCCAACAGGCGACGATCAGTA
GCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGGGAAACCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGATGAAGTATTCGGTATG
TAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGATTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGCATGGC
AAGTCTGAAGTGAATGCGGGGGCTCAACCCCTGAAGTCTTTGAAACTGTTAAGCTAGAGTGTGCGAGA
GGTAAGTGAATTCTAGTGAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGCT
TACTGGACGATGACTGACGTTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCA
CGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGGGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTCGCAAACGCATTAAGTAAT
CCACCTGGGGAGTACGTTGCAAGAATGAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGC
ATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAAAACCTACCAAATCTTGACATCTGGATGACCATATATGTAATGTAT
ATTCTCTTCGGAGCATCCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTGTCGTAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAG
TCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCCTTTAGTAGCCAGCGGTTCCGGCCGGGCACTCTAGAGGGACTGCCAG
GGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTGGGCTACACACGTGCTA
CAATGGCGTAACAAAGGGAAGCGACCCCTGTGAAGGTGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTTCGGATT

G TAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGCATGTGCGGGTGAATACGT
TCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAAATGCCCGAAGTCAGTGACCTAACCG
CAAGGAAGGAGCCGCGCAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB18

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCAAGTTTCGC
TCTAGGCCGATCCTTGCGGTACGGACTTCAAGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTATGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGCTTTAAGGATTAGAATGTACTTACGTACATCCGACTCTCTG
TACCTCCCATTTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTATCCCCACCTTCC
TCACACCTTACGGTGGCAGTATCACAGAGTGCCGACGATTACCTGATGGCACTAATGAAAAGGGTTGCG
CTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCTACCAGCGC
CCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTCGCTGGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCGCGTATCATC
GAATTAACCCACATGTTCCCTCCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTACCGTTGCCGGCGTA
CTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTTGGCCGCTCACAGTATATCGAAACAGCGGGCATCCATCGT
TTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAGG
CCTTGTTGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCTGATATCTAAGCATTTCACCGCTACACCACGAATTCGCG
CAACATCGAACTCACTCAAGATAACCAAGTTGCGGACGCGAGTTGAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACGTAC
GCTTAATCATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGCTATTACCGC
GGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTCATACAGTACCTACAAAAATCTACACGTAGATCACTTTATC
CCTGTATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTGAGACTCTCGTC
CATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGCTCAGTTCCAATGTGGGGGACC
TTCCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTGGGCTTGGTGGGCCGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCATC
CCCATCCTATACCGATAAATCTTTGATTCAACTTAGATGTCCGCATTGAATAACATAGAGTATTAATCCGACTTT
CGCCGGGCTATCCTCTAGTATAGGGAAGGTTGGATACGCGTACTCACCCGTGCGCCGGTCGCCATCATT
GTAGCAAGCTACCAATATGCTGCCCTTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTCATCCTGAGCCA
GGATCAAACCTCT3'

>RB19

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAATGAACGTTGGCGGCGTGATTAGGCATGCAAGTCGAACGGTAAGGTTA
CTTAGCTTGCTTTGTAACCCCTAGAGTGGCGAAAGGGATAGTACAATGTAGATCATATACCCTCAGGTTGGGG
ATAGCGTCTGGAAACGGGCGGTAATACCCGATAATATCTCCGGATCAAAGGTGAGATTCCGCCTGAGGATTA
GTTTACACACTATTAGCTTGTGGCGGGGTAATGGCCACCAAGGCGACGATGGTTACCGGGCGTGAGAGC
GTGACCCGGATCACTGGGACTGAGACACTGCCGAGACACCTACGGGTGGCTGCAGTCGAGAATCTTCGGC
AATGGACGAAAGTCTGATCGAGCGACGCCGCGTGTATGATGAAGGCCTTCGGGTTGTAATACTGTCGATT
AGGCGGAAATGTGTAGGGGTTATCCTTTACATTTGACCTATCATTTGAGGAAGGACGGGCTAAGTTCTGTGCC
AGCAGCCGCGGTAAGACGAACTGTCCAAACGTTATTCGGAATCACTGGGCTTAAAGGGTGCGTAGGCGGAC
TTGCAAGTGGGATCTGAAATCCCTCGGCTCAACCGAGGAAGTGGGTCCCAAACCTGCGAGACTAGAGTGAGG
CAGGGGTAAGTGGAACTTGCGGTGGAGCGGTGAAATGCTTTGATATCGCAAGGAACACCGGIGGCGAAGG
CGACTTACTGGGCCTTAACTGACGCTCAAGCACGAAAGCTAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTA
GTCCTAGCCGTAAACGCTGGGTACTTGGTCGGAGGAGCCTCCATACTTTCCGGCCGTAGCGAAAGTTTAA
GTACTCCGCCTGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCTCACACAAGCGGT
GGAGGATGTGGCTTAATTCGAGGCTACGCGAAAAACCTTATCCTAGGCTTGACATGCATGGATACCCCTCCCT
GAAAGGGGAGTAAGTTGCCTTCGGGTGAAACTTGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTGAGCTCGTGTCTGTG
AGATGTGCGGTTAAGTCCCTTAACGAGCGAAACCCCTGTCACCAAGTTGCCATCGAGTAATGTCGGGGACTCT
GGTGAGACTGCCGAAGTTAATGAGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCCTCATGGCCTTTATGTCTAGG
GCTGCACACGTCTACAATGGCATCCACAAAGGGAAGCGAGACTGTGAAGTGGAGCTAATCCCAAAAAAGG
TGTCTCAGTTTCGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGGTCATCAT
ACCGCGGTGAATATGTTCTGAGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCACGAAAGCAGGGGGCATCCGAA
GTCGCCGAAGCAACTTTATAGAGCTAAGCGCCGAAGTGAAGTTTGATTGGGACTAAGTCGTAACAAGGT
AGCCGTAGGGGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB20

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCGGTTTCA
CCCTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGACTTCAAGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTA
CAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTC
GGGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGATGGCTTTAAGGATTGGATGCACATTGCCATGCACCGACTCTCT

GTACCAACCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTGACGTCATCCCCACCTTC
CTCACACCTTACGGTGGCAGTATCCGCAGAGTGCCAGCATCACCTGATGGCAACTACAGACAAGGGTTGC
GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCAGGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACCAGA
GCCCCGAAGGGCCTCATCATCTCTGAATCGTTCTCTGGCAGTTCAAGCCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTATCA
TCGAATTAACACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGT
ACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTTGGCCGCTACACTATATCGCAGACAGCGGGCATCCATCG
TTTACCGTGGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAG
GACTCGTCAGCTGCCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTCACCGCTACACCACGAATTCC
GCTGACGTCGTACTCACTCAAGACTGCCAGTTCGCGACGCAGTTCAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACGT
CACGCTTAACAACCCGCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCCGTATTAC
CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTACATACGGTACCTGCAAAAAACACACGTGGCTCACTT
TATCCCCGTATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTCACTCTC
GACCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCGAATGTGGGG
ACCTTCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTCGGCTTGGTGGGCCGTTACCCCGCAACAACCTAATCAGACG
CATCCCCATCCCTTAGCGATAAATCTTTATTCAGCTCAGATGTCCTCATTGGAAAACATAGGGTATTAATCCG
ACTTCGCCGGGCTATGCCCTACTAAGGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTGCGCCGGTCCGCAT
CAATCAAAGCAAGCTTTGATCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGA
GCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB21

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCCTAATACATGCAAGTCGAACGGGATGGGGT
CCTTCGGGACCCCCGAGAGTGCGGCACGGGTGCGCAACGCGTATGCAACCAACCCCCGACAGGCGGATA
GCCGGTGGAAACGCCGGATAATACGCCATGGTCCGCGAGGGAGGCATCTCCAAGCGGATAAAGCTGAGGC
GGTCGGGGACGGGCATGCGTCCCATTAGATAGTCGGCGGGGTGACGGCCCCACCGAGTCCACGATGGGT
GGGGATCTGAGAGGACGGTCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTGCGGGAGGCAGCAG
TAAGGGATATTGGTCAATGGTCGGAAGACTGAACCAGCCATGCCGCGTGAGGGAATGAGGCCCTACGGGT
CGTGAACCTCTTTATTTCGGGGACAAGGACGCGCACGAGATGCGTGTTGAGGGTACCGAAGGAATAAGCA
TCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTCAATGGGTTTAA
AGGGTGCGCAGGCGGCCGTGCAAGTCAGCGGTGAAAGCCCCGGGGCCCAACCCCGGAAGTGCCGTTGATA
CTGTGCGGCTGGAATGCGGTGAGGCGGGCGGAACGTGGCGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGCCAC
AGAACGCCGATAGCGAAGGCAGCTCGCCAGGCCTGCATTGACGCTCGGGCACGAAAGCGTGGGGATCGA
ACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGGACGCTCGTCTCGGCGACAGATGGTCGGC
GGCCAAGCGAAAGCGATAAAGCGTCCCACCTGGGGAGTACGGTCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGAC
GGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGA
ACTGGAGGGGAACGACCGGGAGACCGGAAGGCCAGCAATGGCCCCCTCAGAGGTGCTGCATGGTTGTCG
TCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTGGGTCAAGTCCCATACGAGCGCAACCCCTGCGTCCAGTTGCCAGCGG
TTTGGCCGGGCACTCTGGACGGACTGCCACGCAAGTGGAGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCAGC
ACGGCCCTTACGTCCGGGGCGACACAGTGTCTACAATGGCCGGCACAGAGGGAAGCCACGCGGCAACGC
GGAGCGGATCCCGAAAGTCGGTCACAGTCCGGATCGGGGGCTGCAACCCGCCCCCGTGAAGCTGGAATC
GCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGC
CATGGGAGCCGCGGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTGGCCTAGGGTGAAACCGGTGATTGGGG
CTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB22

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGAGAGAGAG
AGGTGCTTGCACTTTTCAATCGAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACCTGCCTCATACAGGGGG
ATAACAACCTGGAAACGGTTGATAATACCGCATAAGCGCACAGCATCGCATGATGCAGTGTGAAAACTCCGG
TGGTATGAGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGCAGGGTAGCGGCCTACCAAAGCGACGATCAGTAG
CCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGGATATTGCAATGGGGGAAACCTGATGCAGCGACGCGCGTGAGCGAAGAAGTATCTCGGTATG
TAAAGCTCTATCGGCAGGGAAGAAGATGACGGTACCTGACTAAGAAGCTCCGGCTAAATACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTATGGAGCAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGTGCGGCA
AGTCTGATGTGAAAGGCGGGGGCTCAACCCCCGAACCTGCATTGGAAACTGCCGTGCTGGAGTGTGCGAGG
GGTAAGCGGAATTCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGCGGCGAAGGCGGC
TACTGGACGATCACTGACGTTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCC
ACGCCGTAAACGATGAATACTAGGTGTGGGTGGACTGACCCCATCCGTGCCGCGAGTTAACACAATAAGTAAT
CCACCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGTGGAG
TATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCGAGTGACGTACCCAGAGGTGG

GTATTTCTTCGGGACACGAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTAA
GTCCCCGAACGAGCGCAACCCCTTGCTATTAGTTGCTACGCAAGAGCACTCTAATAGGACTGCCGTTGACAAA
ACGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTAATAATGG
CCGTCAACAGAGGGAAGCAATATGGTGACATGGAGCAAACCCCTAAAAGCGGTCTCAGTTCAGATTGCAGG
CTGCAACCCGCCTGCATGAAGTCGGAATTGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCC
GGGCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGCCGGTAATACCCGAAGTCAGTAGTTCAACCGCAAG
GAGAGCGCTACCGAAGGTAGGATTGGCGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGC
GGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB23

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCTGTTTCAC
CCTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCAGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTAC
AAGGCCCGGGAACGTAATCACCGCGCCATGGCTGTTGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
GGTTGCAGACCCCCAATCCGAACTGAGGATGGCTTTATTGATTGGACCGCAATTGCGTACGGCCGACTCTCTG
TACCACCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTGACGTATCCCCACCTTCC
TCGCACCTTACGGTGGCAGTATCCACGGAGTGCCCGACATCACCTGATGGCAACCGGGGACAGGGGTTCG
GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGGA
GCCCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTCTCCTGCAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTCTCGCGTATCA
TCGAATTAACACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTACCAGTTGCCGGCGTA
CTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGGTTTCCCTTGGCCGCCGGCAGTCTGTGCGCGACAGCGGGCATCCATC
GTTTACCCTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTTAAG
GCCTCGCTGGCTGCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTCC
GCCAGCGTCGTAACCTCAAGGAAACAGTTCGCGACGCACTTCCACGGTTGAGCCGCGGCATTTACGCT
CACGCTTAATCTCCGGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCAGGACCTCCGCTATTAC
CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCCCTATTCTCAGGGTACATACAAAACACCACGCTGGCGCACT
TTATTTCCCTGCAAAAGAGTTTAAACCCATAGGGCCGTATCCCTCACGCTACTTGGCTGGTTCAGCCTC
GCGGCCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCTCCCGTAGGAGTTTGACCGTGTCTCAGTACCAATGTGGG
GGACCTTCTCTCAGAACCCTACCGATCGTTGCCACGGTGGGCCGTTACCCCGCCGTCAAGCTAATCGGA
CGCATCCCCATCCCTTAGCGATGAATCTTTGTTCCCTTCAAATGCTCTCATGGGAAAACATAGGGTATTAAT
CCGACTTTCGCGGGGCTATCCCTACTAAGGGCCAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTGCGCCGGTGC
CATCGGTCTTAGCAAGCTAAGACCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATC
CTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB24

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTACCCCCAATCATCGGCCCA
CCTTAGACGGCTGGCTCCCTAAGGTTACCCACCGGCTCCGGGTGTACCAACTTTCGTGGTGTGACGGGC
GGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTAATCACCGCAGTATGCTGACCTGCGATTACTAGCGATTCCGACTTCAC
GCAGGCGGGTTGCAGCCTGCGATCCGAACTGGGACCGGGTTTTTGGGGTTCGCTCCGCTCGCGGCTTCG
CTTCCCTCTGTGCGCGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCAGGACATAAGGGGCATGATGACTTGACGTAT
CCCCGCCTTCTCCAGGTTGTCCCTGGCAGTCTCCTATGAGTCCCCAATTAATGATGGTAACATAGGATAG
GGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCACCACCTGT
CTTCTGTCTCCGAAGAGAGGGATACATCTCTGCATCTTTCAGTCGATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGC
GTTGCGTCAATTAACACATACTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTAAGCCTTGC
GGCCGTAACCTCCAGGCGGGGTAATTTGCGTTAACTCCGGCACGGAAGGGGTGATACCTCCACACCT
AGTACCCATCGTTTACGGCCAGGACTACCGGGTATCTAATCCCGTTGCTACCCCTGGCTTTCGATCTCAG
CGTCAGACACAGTCCAGAAAGGCGCTTCGCCACCGGTGTTCTTCCCAATATCTACGCATTTACCGCTACA
CTGGGAGTTCCCTTTCTCTCTGCACTCAAGTAACCCAGTTTCCATCGCCATACGGGGCTGAGCCCCGCA
GTTTACGACAGACTTAATTACCGCTACATGCGCTTACGCCCAATAATTCCGGACAACGTTGCCACCTA
CGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTCTCGTTCCCTACCGTCAGTCCCTCCGTTGT
TGATAGAGGGGAGGTTGTCAGGAACAACAGAGCTTTACGTTCCGAAGAACTTCTCACTCACGCGGCGTT
GCTCCGTGAGGCTTGCGCCAATTGCGGAAGATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCT
CAGTCCCAATGTGGCCGTTTCATCCTCTCAGACCGGCTACCGATCGTCGCTTGGTAGGCCGTTACCCACC
AACCAGCTAATCGGACGACGAGGCCATCCCCCGCGATAGCTTATAAATAGAGGCCATCTTCAAATCCGTAC
CATGCGGCACAGACTTCGTATCCGGTATTAGCACCCCTTCCGGAGTGTTGTCCCCGGCCGAGGGCAGGTT
GCCTACGCGTTACTACCCGTTCGCCACTAGGATTCTGCCGAAACAAAATCCCCGTTCGACTTGCATGTGTT
AGGCACGCCGCCAGCGTTCGTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB25

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGCATGGATTAGGCATGCAAGTCGAACGAGGTAGCAA
TACCGAGTGGCGGAAGGGTGAGGAACACGTGAGTAATCTGCCCCAAGTTGGGAATAACAGTTGGAAACG
ATTGCTAATACCGAATGTGGCTTTTTTCCGCATGGAAGAACAGTTAAAGATTTATCGCTTGGGGATGAGCTC
GCGTCCCATTAGTTAGTTGGTGAGGTAACGGCCCCACCAAGACAATGATGGGTAGCTGGTCTGAGAGGATGG
TCAGCCACACTGGGACTGAGACACTGCCAGACTCCTACGGGAGGCTGCAGTCGAGAATCTTGGGCAATG
CGCGAAAGCGTGACCCAGCAATGCCGCGTGTATGATGAAGGTCTTCGGATTGTAAAATACTGTCTCCCGGG
ACGAAAGATGACGGTACCGGGGAAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAG
GTGGCGAGCGTTGTTCCGATTTATTGGGCGTAAAGGGTCTGTAGGAGGTTTGCTAAATACGAGGTGAAATCC
GGGAGCTCAACTCCCGAATTGCCTGTAGACTGGCAGACTGGAGTACTGGAGAGGTAAGCGGAATACCGAG
GTGTAGCGGTGGAATGCGTAGATATCTGGTAGAACACCAAGAGCGAAGGCAGCTTGCTGGACAGTTACTGA
CTCTCAAAGACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGGTGTCA
ACTTGATGTAGGGCGGTTCACTCCGTTCTGTATCGAAGCTAACGCGTTAAGTTGACCGCCTGGGGACTACGG
CCGCAAGGCTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCCGACAAAGCGGTGGAGCATGTGGCTTAATTCGAG
GCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGAATATAAGTGCCAGTCTGTGAAAGCAGATCTCTCTTCGGAGCG
CTTATACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTGAGTCTGTGCTGTGAGGTGTTCCGTTAAGTCCGGCAACGAGCGC
AACCCGTGTCAATTAGTTACCAGCGGTCAAAGCCGGGGACTCTAATGAGACTGCCCGTGTAAAGCGGGAGGA
AGGCGCGGATGACGTCAAGTCAGTATGGCCCTTACGCCCAGGGCTGCACACGTGCTACAATGGTCGGTAC
AATGAGACGCAAAGCCGCGAGGTGGAGCAAATCTACAAAACCGATCTTAGTTCGGATTGTAGTCTGCAACTC
GACTACATGAAGTTGGAATCGCTAGTAAAGGCGTATCAGCTACGACGCCTGAATACGTTTCCGGGCCTTGT
ACACACCGCCCGTACATCATGGGAGTTGATTGCACCCGAAATCGCTGATCTGACCTGCAAAGGAGGAAGG
CGCCTAAGGTGTGGTGCATGACTGGGATGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCTGCGGCTGGAT
CACCTCCTT3'

>RB26

5'AAGGAGGTGATCCAACCGCAGGTTCTCCTACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCCAATCATTGGCTCTAC
CTTCGACTGCTGCCTCTAAAAGTTAGCTCACAGGCTTCGGGTATTTCCAACCTCTCATGGTGTGACGGGCGGT
GTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACGGCAGTATGCTGACCTGCCATTACTAGCAATTCGACTTCGTGCA
GGCGAATTTACGCCTGCAGTCCGAACCTGAGACCGCTTTTGTAGTTTGTCTCATATCACTATGTTGCTGCTCTT
TGTAACGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAAGACATAAAGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTT
CCTCCGATTTATTACCGGCAGTCTTTCTAGAGTTCCACCATACGTGCTGGCACTAGAAATAGGGGTTGCG
CTCGTTATTGGACTTAACCAAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCTGCC
CCGAAGGGAAACTGTATCTCTACAGCTGTGAGAGGATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGA
ATTAAACCATATAATCCACTGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCGACCGTACTC
CCCAGGCGGAATGCTCAAAGCGTTAGCTGCGCTACTGCGGTGCAAGCACCCCAACAGCTGGCATTTCATCGT
TTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCAACGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTAATGG
TCCAGTTGGCCGCTTCGCCACCGGTGTTCTTGCGAATATCTACGAATTCACCTCTACACTCGCAGTTCAC
CAACCTCTACCATACTCAAGCGTCCAGTATCGAAGGCCATTCTGTGGTTGAGCCACAGGCTTTCACCCCCG
ACTTAAAACGCCGCTACGCGCCCTTACGCCCAGTGATTCCGAGCAACGCTAGCCCCCTTCGTATTACCG
CGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGGGCTTATTCTTTGGGTAGGTCAATTTGTTCTTCCCAATTAAGAAGT
TTACAATCCGAAGACCGTCATCCTTCACGCGGCGTGTGCTGGGTGAGGCTTTCGCCCATTCGCCAATATCCC
CACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGATCAACCTCTCAGTTCGGC
TACCGATCGTAGACTTGGTGGGCCGTTACCTACCAACTATCTAATCGGACGCGAGGCCATCCTTCAGCGAA
TAAATCCTTTGGTCGGAATGTATGCGGCTCTCCGACATTATGCGGTATTAGCAACCATTTCTAGTTGTTGTT
CCCCTGAAGGGCAGGTTCTCAGCGTTACTCACCCGTCCGCCACTAGGTTTAAATGAAAGCAAGCTTCC
TTCTTAAACCCCGTTGCACTTGATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB27

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTGACGCTCTATCCCCCTTGCGGGTGAATCAACGGCTTTGGGTGCAA
TCGGCTCCCATGATGTGACGGGCGGTGTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACGGCGTCTAGCTGATACG
CCGTTACTAGCGATTCCGGCTTCATGGAGTCGGGTTGCAGACTCCAATCCGAACCTGGGGCCGGCTTTGGGG
ATTGGCTCCGCCTCGCGGCATTGCTTCCTTCTGTACCGGTCAATTGTAGCACGTGTGCAGCCCTGGACATAAG
GACCATACTGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGCTTATCACCGGCAGTCTGGCTAGAGTGCCTAACT
GAATAAGGGCAACTAACCACAGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACACCTCACAGCACGAGCT
GACGACAGCCATGCAGCACCTGTGCAAGGCTCCGTATTGCTACGGTCTGCTCCTTTTCGGGATCCTACCACCT
GCATGTCAAGTCCAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAAGCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTC
CCCGTCAATTCCTTGTAGTTTAACTTTCGACCGTACTCCCCAGGCGGTACACTTAACGCGTTGGCTACGG
CGCGCAAAGGGACAATTCCTCGCACACCAAGTGTACACCGTTAAGGTTAGGACTACCAGGGTATCTAATCC

TGTTTGCTCCCCTAACTTTAGAGCCTCAGCGTCAGTATCTGGCCAGAGAGCCGCCTTCGCCACCGGTGTTCT
TCTCGATATCTACGCATTTACCGCTACACCGAGAATTCCGCTCTCCTCTCCAGTACTCCAGCCGGGCAGTTT
TGAATGCAATTCATCGTTGAGTTTTGGGCTTTCACATTCAACACACCCGACCGCCTACGCTCCCTTTACGCC
CAGTAAATCCGAACAACGCTCGAGACCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGTCTCTTCCT
CCTGTGGTACTATCACTTCTCGGCGTTGTTGCGGCCAAGACCGTTTATCCACATGACAGGAGTTTACAATCC
GAAGACCTTCGTCTCCACGCGGCGTCGCACCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGAATGATTCTCGACTGCAG
CCTCCCGTAGGAGTCTGGGCAGTATCTCAGTCCCAGTGTGGCTGACCATCCTCTCAGACCAGCTAACCGTC
ATCGCCTTGGTGGGCGGTTACCTCACCAACTAGCTGATAGTGACGGGCTCGGCTCCAAGCGGCAGGCCTT
GCGGTCCCCGCTTTAGTTTCGCCAAGATGCCTTGGCTCACCACATTCGGGATTATCTCCCTTTTCGGGAAG
TTATACCCAACCTTGAGATGGATTGCCCATGTTGTAATCACCCTTCGCGCGCTTTCCTCCGGAAGTTCTTGTC
CGAAAACCTGAACTCCAGATTCTCGCTCGACTTGCATGCCTAATCCGCGCCGCCAGCGTTCTGTTCTGAGCC
AGGATCAAACCTCT3'

>RB28

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCCAATTATCAAGCCAC
CTTCGGCCGCGCCCTCCTTGCGGTTAGACTACGGACTTCGGGTGTTCCCGACTCTCATGGTGTGACGGGCG
GTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCAATTCGACTTCAC
GTGGGCGGGTTGCAGCCACGATCCGAACCTGAGACGACTTTGGGGATTGCTCCTCCTTACGGATTGCTT
CCCTTTGTTGATCGCCATTGTATTACGTGTGTAGCCCAGGACATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCGTCCCC
GCCTTCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCTCGCTAGAGTGCTCTTGCGTAGCAACTAACAATAAGGGTTGCGC
TCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCAACTTTC
CCCGAAGGGCACCTAATGCATCTCTGCCTCGTTAGTTGGATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCG
TCGAATTAAACCACATAATCCTGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTTCGGGCCGT
ACTCCCCAGGTGGAATACTTATTGTGTTAACTCCGGCACGGAGGGGGTCAGTCCCCCACACCTAGTATTCA
TCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCTCCACGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTT
GTCGTCCAGTAAGTCGCCCTTCGCCACTGGTGTCTCCCAATCTCTACGCATTTACCGCTACACTGGGAATT
CCACTTACCTCTCCTGCACTCAAGCCCGACAGTATCCAAAGCAATTCACCTTAAAGCAGGACTTTCACCTC
CAGACTTACCGGGCCGCTACGCGCCCTTACGCCCAATCATTCCGGACAACGCTCGCCCCCTACGTATTA
CCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGGGCTTCTCCTTGGCTACCGTCTCTTCTCTTACCAAGGACA
GAGGTTTACGATCCGAAAACCTTCTCCCTCACGCGGCGTTGCTGGGTGAGGTTTCCCCCATTCGCCAATA
TTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCGGTGCTCAGTCCAATGTGGCCGATCACCTCTCAGGT
CGGCTACCGATCGTCGACTTGGTGGGCGGTTACCTCACCAACTATCTAATCGGACGCGAGCCACCCCTTA
CCGATTGCTCCTTTGACCCCTGTGAGATGTCTACCGTGGTCTCATGCGGTATTAGTACAATTTTCGTGTG
TTATCCCCCTGTAAGGGACAGGTTGCTCACGCGTTACTACCCGTCCGCGCTAGAACAATACATCTTTCCTT
CCAACCGAAATCTTCTGGTCCGTGCGATGTCCCCGCTCGACTTTCGTGTGTTAGGCACGCCGCCAGCGTTC
GTCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB29

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCATGCTTCATACATGCAAGTCGAACGAGAAGCTGA
CTTCGGTCAGTGGAAGTGGCGGACGGGTGAGTAATATGTAGGAAATCTGCCCTAGAGAGGGGGACAACA
GAGGGAAACTTCTGCTAATACCCCATATGAGCTTGGCTGCAATGCCAATCTTGAAAACCTCCGGTGCTCTAGG
ATGAGCCTGCATCTGATTAGCTTGTGGTGGTGAATGGACTACCAAGGCGACGATCAGTAGCTGGTTGAG
AGGATGATCAGCCACAATGGGACTGAGACACGGCCCATACTCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATTTTG
CGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCAATGCCGCGTGAAATGATGAAGCCCTTCGGGGTGTAAGTTCTGTC
AGTGGGGACGAAACTTGACGGTACCCACAGAGGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAAT
ACGGAGGGTGCAAGCGTTGTTCCGAATCATTGGGCGTAAAGAGTTCGTAGGCGGTATGTAAAGTCCGGTGT
TAAATCCCGAAGCTCAACTTCGGCATGGCACTGGATACTTGCAAACCTAGAATGCGGTAGAGGTAAAGGGAAT
TCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCAGGAGGAACATCGGTGGCGAAAGCGCTTTACCGGGCCGTT
ATTGACGCTGAGGAACGAAAGCCGGGGTAGCAAATGGGATTAGTACCCAGTAGTCCCGGGCCGTAAACG
ATGGATACTAGGTGTTGCGGGTATCGACCCCTGCAGTGCCGTAGCTAACGCGATAAGTATCCCGCCTGGGG
AGTACGCACGCAAGTGTGAAACTCAGAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAACATGTGGTTTAA
TTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGGCTTGACATCTGAGGAACTTTGTGAAAGCAGAAGGTGCTCTT
CGGAGAGCCTCAAGACAGGTGGTGCACGGTTGTCGTGAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGC
AACGAGCGCAACCCCTCGTCGTTAGTTGCACATATCGGTATACTGATATGATGCTCTCTAGCGAGACTGCCGG
TGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATATGCCCTTATGCTCTGGGCTACACACGTGTT
ACAATGGCTATGACAACGAGCAGCCAACCCGCGAGGGTGAGCAAACTCTTAAACATAGTCTCAGTTCGGAT
TGCACTCTGCAACTCGAGTGCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAACCGCAGATCAGCACGCTGCGGTGAATAC
GTTCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCAACCATGGAAGTCGACCACGCCCGAAGTACGTGAGCTAACC

ATTGAGGCAGCGTCCTAAGGCAGGGTTGGTACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAA
GGTGGCGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB30

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGGGATTTG
TTTCGGCAGAATCCTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGATTGGGACAACA
CCCCGAAAGGGGTGCTAATACCGGATACGAAGACAGCACCGCATGGCGCTGTTTTGAAAGATGGCCTCTAT
TTATAAGCTATCGCCGGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGGTTGGGGGGGTAACGGCCCAACAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGGGTGAGGAAG
TCCTTCGGGACGTAAAGCCCTGTTGTTATGACGAACGGTCCCTCTATCAACAACGGAGGGGAATGACGGTA
ATAGACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG
GAATTATTGGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGCGGTTAAGTCTGTCGTGAAACTGCGGGGCTCAGCCCCGT
ATGGCGATGAAAAGTGGTCTGTTGAGTGCAGGAGAGGAAAGGGGAAGTCCAGTGTAGCGGTGAAATGC
GTAGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCCTTCTGGACTGIGTCTGACGCTGAGATGCGAAAGC
CAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGGTACTAGGTGTGGGAGGT
ATCGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTTAAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGGTCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTGGTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACC
TTACCAGGGCTTGACATCGACTGAAAGGAGCAGAGATGTTCCCTCTCTTCGGAGACAGGAAGACAGGTGG
TGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATCCCA
TGTTACCATCATGAGTTGGGACTCATGGGAGACTGCCAGGGACAACCTGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCTGGGCTACACACGTACTACAATGGCCGGCAACAGAGGGAAGCGAAG
CCGCGAGGCGGAGCGAACCAGAAACCCCGTCCAGTTCGGATCGCAGGCTGCAACCCGCTGCGTGA
AGTCGGAATCGCTAGTAATCGCAGGTCAGCATACTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCC
CGTCACACCACGAAAGTTGGTAACACCCGAAGCCGTGGGGTAACCGTAAGGAGCCAGCCGTCTAAGGTG
GGGCCGATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB31

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCAAGTTTGC
CTTAGGCCGATCCTCGCGGTGACGGACTTCAGGCACCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCGTGGAGTCG
GGTTGCAGACTCCAGTCCGAAGTGAAGGGGATTTCACGATTCGCATCCCGTCGCCGGGTAGCGGCGCGC
TGTGCCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTT
CCTCACATCTTGCGATGGCAGTCCCATCAGAGTGCCACCCCTAAGTGATGGCAACTGACGGCAAGGGTTGC
GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACACCA
GCCCCGAAGGGAACAGGCATCTCTGCCTGGGTCTGGCGCAGTTCAAGCCCGGTAAGGTTCTCGCGTAT
CATCGAATTAACACATGTTCTCCGCTTGTCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTACCGTTGCCGG
CGTACTCCCCAGGTGGAATGCTTAATGTTTTCCCTAGGTCCCGGACATTATATCGCCAGAACGAGCATTCA
TCGTTTACTGTGCGGACTACCAGGTATCTAATCCTGTTGATCCCCGCACTTTCGAGCCTCAGCGTCAATCG
CACCCAGACGGCTGCCTTCGCAATCGAGTTCTTCGTATCTAAGCATTTACCGCTACACAACGAATTC
CACCGTCCTTGTTGATTCAAGACCCCGAGTTCCAACGGCATGCCAAGGTTGGGCCATGACATTTGACCGC
TGGCTTAAAGGCCCGCCTACGCTCCCTTTAAACCAATAAATCCGGATAACGCTCGCATCTCCGTATTACC
GCGGTGCTGGCACGGAATTAGCCGATGCTTATTCGTAAGGTACATACAAAATCCCAACAGTGGGACACTT
TATCCCAAACAAAAGAGGTTTACAACCCGTAGGGCCGTATCCCTCACGCTACTTGGCTGGTTACGGCTCT
CGCCCGTTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGG
GACCTTCTCTCAGAACCCCTACCGATCGTCGGCTAGGTGGGCCGTTACCCCGCCTACTACCTAATCGGAC
GCATCCTCATCCATCGCCGACAAGTCTTACTCAAGAAAAGATGTCTTAAGTTGAGACCATCAGGTATTAATCT
TTCTTTGAAAGGCTATCCCTGAGCCATGGGTAGATTGGATACGTGTTACGCACCCGTGCGCCGGTTCGCCAT
CTGAAATAGCAAGCTATCTCAATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTCATCTGA
GCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB32

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCTGTTTCGC
CCTAGGTGCTCCTTGCGGTACGAACCTCAGGCGCCCCAGACTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCACGGAGTCG
GGTTGCAGACTCCGATCCGAAGTGAAGGGGCTTTTGAATTCACATCCTGTCACCAGGTAGTTTCCCTTTGT
AACCGCCATTGTAACACGTGTGTGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCCCCCCTCC
TCTACCTTGCGGTGGCAGTCCCGCCAGAGTCCCCACCACGACGTGCTGGTAAGTACGCGCAAGGGTTGC

GCTCGTTATGGCACTTGAGCCGACACCTCACGGCAGGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCGACAGGT
 GTCCCGAAGGACGTCACCATCTCTGGATCTCTTACCTGCCGTTGAGCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTAT
 CATCGAATTAACACATGTTCTCCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGTC
 GTAATCCCCAGGTGGATGGCTTATCGCTTTGCTTGGCCACTGATCCGATGAACAGCGGTTAGCCATCAT
 CGTTTACTGCGTGGACTACAGGGTATCTAATCCTGTTTGATCCCCACGCTTTCGTGCCTCAGCGTCAATCAC
 CCCTTCGTGAGATGCCTTCGAATCGGTGTTCTGTGTGATCTCTATGCATTTACCCGCTACACCACACATTCC
 TCCCACGGCAGGGGCATTCAAGCCAGCCAGTTCGCGAGGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGACATTTACC
 TCACGCTTAACAAGCCGCTGCGCACCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCGAGGGTACTCTCATCGTATTACAGTAATACTTATT
 GCTCCCTACAAAAGCGGTTTACAACCCATAGGGCCGTCTCCCGCACGCGGCATGGCTGGTTCAGCCTCT
 CGGCCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGG
 GACCTTCTCTCAGAACCCCTAACCATCGTCGCCATGGTGGGCCGTTACCCCGCCATCTAGCTAATGGTAC
 GCGAGCCGATCCGGTATCAATGAATCTTTCAAACATGGACCATGCGATCCTCGTTGTTATGGGGTATTACGC
 ATCGTTTCCAATGACTATCCCCAATACCGGGCACGTTGCTCACGCGTACTACCCCTTCGCCGGTCGCCG
 CCAGATATTGCTACCCGCGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGCCGCTAGCGTTCATCTGAGCCA
 GGATCAAACCTCT3'

>RB33

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCATAACACATTCAAGTCGAACGAAGCGTGCG
 GAACGAGACCTTCGGGTCAAGAGAAGTACGACTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGGAACCTGC
 CCTTCAGTGGGGAACAACAAGTAGAAATGGTTGCTAATACCGCATAATGTCGGATTGCCGCATGACAGACCG
 ACCGAAGGATTATTGCTGAAGGATGGCCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGTGAGGTAACGGCCCCACCAA
 GTCTACGATCGGTAGCCGAAGTGAAGAGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGGCCAGACTCCTAC
 GGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCAACGCCGCGTGAAGGATGA
 CGGTCTTCGGATTGTAACTTCTTAATTGGGGAAGAACAATAATGACCTACCCAAAGAATAAGTCACGGCTAA
 CTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGACAAGCGTTATCCGGATTACTGGGCGTAAAGGGCGTG
 TAGGCGGTCTTGCAAGTCAGAAGTGAAATTCCTGAGCTCAACTCGGGCGCTGCTTCTGAACTGCAGGACTT
 GAGTGCTGGAGGGGATAGCGGAATTCCTAGTGGAGCGGTAAATGCGCAGATATTAGGAAGAACACCGGTG
 GCGAAGGCGGCTATCTGGACAGTAAGTACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGATTAGATA
 CCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAATACTAGGTGTAGGGGGTATCGACTCCCTCTGTGCCGCAGTTA
 ACACAATAAGTATTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGC
 ACAAGCAGTGGATTATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGGCTTGACATCCTCTGACC
 GCTCTAGAGATAGAGTTTCCCTTCGGGGCAGAGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTG
 AGATGTTTGGTTAAGTCCAATAACGAGCGCAACCCCTATGGTCAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTGG
 CAAGACTGCCGCGGACAACGCGGAGGAAGGAGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTCTCTGGG
 CTACACACGTAATACAATGGCAACGACAGAGGGCAGCAAAACCCGCGAGGGCAAGCAAATCCCCAACGTT
 GTCTCAGTTCGGACTGCAGGCTGCAACCCGCTGCACGAAGTCGGAATTGCTAGTAATGGCAGGTGAGCAT
 ACTGCCGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTCTGCAATACCCGAAG
 TCAGTAGCCTAACCGCAAGGAGGGCGCTGCCGAAGGTAGGGCCGATAATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGG
 TAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB34

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGACCTTCCGGTACGACTACCTTGTTACGACTTCACCCCCCTCACGGAACGTA
 CCTTCGGCATGGTCTCTCTCGGTTAGACTCACGACTTCGGGTACCCCCACTCGGATGGTGTGACGGGC
 GGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTAATCACCGCACCGTGCTGATGTGCGATTACTAGCGATTCCAACCTCAA
 GGAGTCGGGTTTCAGACTCCTATCCGGAAGTGGGAGGCTTTCTGCGTTTCGCTCCAGGTACCCCCCTCGC
 ATCACTCTGTACCTGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTGGACATAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCC
 CCACCTTCTCCGTTTGTACCGGCAGTTCGCGCAGAGTCTCAGCATTACCTGCTAGTAAGTGGCAGTAG
 GGGTTCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTG
 TTCACAGGCGCATTGCTGCGCTTACTTATCTCTAAATAATTCTGTGTATGTCAAACCCAGGTAAGGTTCTCG
 CGTACCATCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTACCCCTTG
 CGGGCATACTCCCCAGGCGGTACACTTATCGCGTTTGTTCGGCACCCACTCTCATGAGCGGACACCCAGT
 GTACATAGTTGACTGTGCGGACTACAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCTCGACCTTCGCACCTCAGCGT
 CAATCATCTGCTGGCAGCCTGCCTTCGCCATTGGTATTCTTCAGATATCTACAGATTACCCCTACACCTG
 GAATTCTGGCTGCCCCCTCAGCGATTCAAGTTCTGCAGTTTCCAACGAGTTCCGGGGTTGAGCCCCGGCATT
 TCACACCAGACTTGCAAGAACCGCTACATGCCCTTACGCCCAATAATTCCGAACAACGCTCGCAACTTACG
 TGTTACCGCGGCTGCTGGCACGTAATTAGCCGTTGCTTATTCATGACCTACAGTCACCACAAAGCGTCTCTCT
 CACTCTGCTTATCCTCAGTCATAAAAGGATTTACAACCTTCCGGCCTTCATCATCCACGCGGCGTCTGCTCC

GTCAGACTTTTCGTCCATTGCGGAATATTCTTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTATCTCAGTCC
CAATGTGCCCCGATCACCCCTCTTAGGCCGGGTAACATATCGTCGCCCTTGGTGGGCCGTACCTCACCAACTAG
CTAATAGTACGCGGGCCGCTCTCTGTGCGAATCAAAAGATCCTTTCTGCATGTCTCTGACAACATGCAGC
GTATCCGGTATTATCTCCTATTCTAGGAGCTGTCCCCGTACAAAGGTACGTACCCACGCGTTACTCACCA
GTCCGCCGCTCTAGGATAGAAGCAAGCTTCCATCTTACCGCTCGACTTGCATGCTTAAGACGCGCCGCCAG
CGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB35

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACTGCTACCTTGTATGACTTAACCCCAATCACCAATCCCAC
CGTAGGCCGGCGCCCTCTTGCGTTAACTACCGACTTTGGGTGAAATCGACTCTCATGGTTTGACAGGCGGGTG
TGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACCGCTGCATTCTGATCAGCGATTACTAGCAATTCCAGCTTCATGCCCT
CGAGTTGCAGAGGACAATCCGAAGTACGACGGTTTTTAGGATTGGCTTTGCCCTTGCGACATTGCGACCCAT
TGTTACCGCCATTGTAGTACGTTGTAGCCCCGACCCGTAAGAACCATGATGACTTGACGTCATCCACACCTTC
CTCCCGCTTGACGCGGGCAGTCCCCTAAGAGTTCCCGGCATTACCCGCTGGCAACATAGGGCGTGGGTTG
CGCTCGTTGCAAGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTCTTTGGT
CCAACCGAATTGAAGACAACCATCTCTGGAAGTCGCGACCAAGATGTCAAGGGTCGGTAAGGTTTCTCGCG
TAGCATCGAATTAAACAACATACTCCACTGCTTGTGCGGGTCCCCGTCATTCCTTTAAGTTTTAATCTTGCGA
TCGTAGTCCCCAGGCGGCATGCTTAACGCGTTAGCTACGTCACTGATCCCCGAAGGAAACCAACAAG
CATGCATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGAGTATCTAATTCTGTTTGTACCCACGCTTTCGTCCCTCAGTGT
CAGCGACGATCCAGAAGACTGCCTTCGCCATTGGTGTCTATCTGATATCTACGGATTTACCCCTACACCA
GATATTCCATCTCCTCTATCGCGCTCCAGTTTGCCAGTATCAAAGGCAGTTCAGGGTTGGGCCCTGGGATT
TCACCCCTGACTTAACAAACCACCTACGGACGCTTACGCCAGTAAATCCGAACAACGCTTGACCCCTTCG
TATTACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGTGCTTTTTCTGTCACTACTGTATCATCTTCATGACTAAA
AGAAGTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTATTACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCCAAT
ATTCCTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGCGTGGCTGATCGTCTCTCAGA
CCAGCTATGGATCATTGCTTTGGTAGGCCATTACCCACCAACTGGCTAATCCAACGCGGGCACATCCATCA
CCGATAAATCTTTCCCTTGCGGGCGTATGCGGTATTAGCGTTGTTTCCAAACGTTATCCCCAGTGAAGGG
CAGTTTCCACGCGTTACTCACTCGTGCGCCACTGACTTCAGAGAGCAAGCTCTCTGTATCCGTTGACTT
GCATGCCTAAGACCTGCCGCCAGCGTTGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB36

5'CAGACCCCAATCCGAAGTGAAGACGGCTTTCAAGATTGGAGCGCACTCGCGTACGCCCGACTCTCTGTAC
CGCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAAGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCA
CACCTTACGGTGGCAGTATCACAGAGTGCCCAGCATTACCTGATGGCAACTAATGAAAAGGGTTGCGCTC
GTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCGGCC
CGAAGGGCGTCAACATCTCTGTATCCTCCGCTGCAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTCTCGCGTATCATCGA
ATTAACACCATGTTCTCCTCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTACCGTTGCCGGCGTACTC
CCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTTTGGCCGCTCACAGTATATCGAAACAGCGGGCATCCATCGTTA
CCGTGCGGACTACCAGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAGGCCT
TGTTGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTCGCCAA
CATCGAAGTCACTCAAGATAACAGTTTCGCGACGCAGTTACGCCGTTGAGCGGCTACATTTACGTCACGCT
TAATCATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGTTATACCGCGGC
TGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCCTTATTCATACAGTACCTACAAAACACTACAGTAGTGCACTTTATCCCT
GTATAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTGAGACTCTCGTCCATT
GACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGACCTTCC
TCTCAGAACCCCTACTGATCGTAGGCTTGGTGGGCCGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCATCCCC
ATCCTATACCGGTAAACCTTTGGTATTATTCAGATGTCTCGAAATACAACATAGAGTATTAATCCGACTTTCG
CCGGGCTATCCTCTAGTATAGGGAAGGTTGGATACGCGTTACT3'

>RB37

5'GATGAGCTCGCGAGACATTAGTTAGTTGGCGGGTAACGGCCCCACCAAGACCGCGATGTCTAGGGGAAC
TGAGAGGTTGGTCCCCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGAGGAAT
ATTGGACAATGGCCGGAAGGCTGATCCAGCCATGCCGCGTGAAGGATAAGGTCCTATGGATTGTAACTTCT
TTTGTAGTGGGAGCAATAAGGATGTCGTGACATCCGATGAGAGTACCATTCGAATAAGCATCGGCTAACTCCG
TGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGGTGCGTAGGC
GGTTTGTCAAGTCAGCGGTGAAACGCAAGGGCTCAACCCCTGACCTGCCGTTGAAACTGATTGACTAGAATG
CGGATGCTGTGGGAGGAATGTGTGGTGTAGCGGTGAAATGCATAGATATCACACAGAACACCGATTGCGAA
GGCACCTCACAAATCCGTGATTGACGCTGAGGCACGAAAGTGTGGGGATCAAACAGGATTAGATACCTGG

TAGTCCACACTGTAAACGATGATGACTCGCTGTCGGCGATATACAGTCGGTGGCCAAGCGAAAGCGATAAG
TCATCCACCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAAGCGGAG
GAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTCGAACGGCAAGTGAAGGATCTAGA
GATAGTGACGTCCTTCGGGACACTTGCCGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTCC
GCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTGCCATTAGTTACCAGCACGTAAAGGTGGGGACTCTAGTGGGA
CTGCCACCGTAAGGTGAGAGGAGGGGGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCGAC
ACACGTGTTACAATGGTGGGTACAGAGGGCAGCTACCTGGCGACAGGATGCAAATCTCGAAAACCCATCTC
AGTTCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCG
CGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCTGGGGGTGCTTGAAGTCC
GCGACCGAAAGGAGCGGCCTAGGGCAAACCTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGG
AAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB38

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCGGTTTCA
CCCTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTA
CAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTC
GGGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGAGCTTTAAGGATTGGATCGCAATTGCTGACGACCGACTCTC
TGTACTCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTATCCCCACCTT
CCTCACACCTTACGGTGGCAGTATCCGCAGAGTGCCACGACTACCTGATGGCAACTACGGACAGGGGTTG
CGCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACCAG
CGCCCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTGCTGGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCGCGTAT
CATCGAATTAACCACATGTTCCCTCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGG
CGTACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGCTTTCGCTTGCCGCTGACATTGTATCGCCAACAGCGGGCATCC
ATCGTTTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTA
AAGGACTCGTCAGCTGCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTCACCGCTACACCACGAATT
CCGCTGACGTGCTACTCACTCAAGACTGCCAGTTCGCGACGAGTTTACGCCGTTGAGCGGGCTACATTTAC
GTCACGCTTAACAATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCCGTATT
ACCGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCCCTTATTCATGCGGTACCTACAAAAAGGGACACGTCCCTCA
CTTTATCCCCGCATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTTCAGGC
TCGCGCCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTG
GGGGACCTTCCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTTGGCTCGGTGGGCCGTTACCCCGCCGACTACCTAATCA
GACGCATCCCCATCCTATAGCGGTGAACCTTTGCTTCTCGTCAGATGCCATCAAAGAAGACATAGAGCATT
AATCCGACTTTGCGCGGGCTATTCTCTACTATAGGAAGGTTGGATACGCGTTACTCACCCGTGCGCCGGTC
GCCATCAAAGTTGTGCAAGCACATCTTCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTC
ATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB39

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGAGATTTAA
CGCTGATGAAGCTTCGGCAGAATCTTGTTAAATCTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGCAACCTG
CCTCATACTGGGGGATAACAGCTGGAACGACTGTTAATACCGCATAAGCGCACGGTATCGCATGATACAGT
GTGAAAAACTCCGGTGGTATGAGATGGGCCCCGCTCAGATTAGCCAGTTGGCAGGGTAACGGCCTACCAAA
GCGACGATCTGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGGACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAAACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGAGGAATATTGGTCAATGGGCGTGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGA
CGGCCCTATGGGTTGTAAACTGCTTTTATGCGGGGATAAAGTGAGGGACGTGTCCCTTTTGTAGGTACCGC
ATGAATAAGGACCGGCTAATTCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATT
ATTGGGTTTAAAGGGAGCGCAGGCGGGTTATTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAACGT
CGTCGCGAACTGGTTATCTTGAGTGAGTTGATGTTGGCGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGAT
ATCACGAAGAACTCCGATTGCGAAGGCAGCCAACAAGGCCTTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGT
ATCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTTTGCGATATACTGTG
AGCGGCCAAGAGAAATCGTTAAGCATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATT
GACGGGGGGCCCGCACAAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCT
TGAAGTGCAGGTGAACGATACAGAGATGTTGAGGTCTTCGGGACACCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTC
GTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTTATTAGTTGCCATCAGG
TAAAGCTGGGCACTCTGGTGATACTGCCACCGTAAGGTGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCAC
GGCCCTTACGTCCGAGGCTACACACGTGTTACAATGGGAGGTACAGAGAGTCGGTTCGTACGCAAGTACGAT
CTAATCCTAAAAGCCTTCCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACCCGACCCCATGAAGCTGGATTGCTAGTA
ATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAA

GCCGGGGGCGCTTGAAGTCCGTGACCGCAAGGATCGGCCTAGAGCGAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCG
TAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB40

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGAGGTTTTG
TTTCGGCAGAACCTTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGCCGGGGAACA
CGCCGAAAGGTGTGCTAATACCGGATACGAAGGCGGCATCGCATGGTGCTGTTTTGAAAGATGGCCTCTAT
GTATAAGCTATCGCCGGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGGTTGGTGGGGTAACGGCCCAACGAAGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAGGAAG
TTTTTCGGAACGTAAAGCTCTGTTGTACCCGACGAACGTGCCCTCTATGAACAACGGAGGGTAATGACGGTA
GGGTACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG
GAATTATTGGGCGTAAAGAGTGAGCAGGCGGCATGGTAAGTTGAAGTGAAAGCGTGGGGCTTAACCCCAT
ACAGCTTCGAAAACCTGCCAGGCTAGAGTACGGGAGAGGTAAACGGAACCTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGATATATGGAAGAACCCAGTGGCGAAGGCGGTTTACTAGCCCGATACTGACGCTCAGTCACGAAAGCG
TGGGGAGCAAAATAGGATTAGATACCCTAGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCTACTAAATATTGCAGTGATG
CAGTGTTGAAGCTAACGCATTAAGTAGACCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTGAAACTTAAAGGAATT
GACGGGGACCCGCACAAGCAGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCTACGCGAAGAACCTTACCAGGACTT
GACATGGATACAAATGTTTCAGAGATGAAAAGATAGTTATGGATCACACAGGTGGTGCATGGTTGTCTGTCAG
CTCGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCTTAGTTACCATCATTTAGTTG
GGGACTCTAAGGAGACTGCCGATGTAAGTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTTAT
GTCTTGGGCGACACAGTGCTACAATGGCCGGTACAAAGGGATGCCAAGCCGCGAGGCGGAGCAAACT
CACAAAGCCGGTCTCAGTTCAGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATTGCTAGTAATCGCA
GAACAGCCATGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCAAACCATGAGAGCTGGTA
ATACTCGAAGTCGTTATCCTAACCAGCAAGGGGGGAGACGCTAAGGTAGGACTGGTGATTGGGGTTAAGTC
GTAACAAGGTATCCCTACGGGAACGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB41

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACGTTCCCGTAGGGATACCTTGTACGACTTCACCCAGTCGCTAATCCTA
CCTTCGATGGCCCCCTCCTAAAAGGTTAGGCTACCAGCTTCGGGTATTATTAACCTCCCATGGCGTGACGGGC
GGTGTGTACAACACCCGGGAACGTATTCACCCCAACATTCTGATTGGGATTACTAGCGATTCTAACTTCATG
AAGTCGAGTTGCAGACTTCAATCCGGAAGTGAAGTGGCTTTGAGTTTGTCTCATGTACCATTTTGCGTCTT
TTTATACCAGCCATTATAGCACGCTGTTGCCCTGGACGTAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACC
TTCTCCCGGTTATCACCGGCAGTATCTTAAAGTTCTCAACTTAATGTTAGCAATTAAGATAGGGGTTGCGC
TCGTTATTGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACCAATGTC
CCCGAAAGGAGGGTTCTGTGTTCCACAACTTTTATTGGGATGTCAAGCCCAGGTAAGGTTCTTCGCGTATC
TTGCAATTAACAGCATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTGCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAGCCTTGCGACC
GTACTACTCAGGTGGAATACTTAATGTGTTAACTTCAGCACCGAATAAATCCGACACTTAGTATTCATCGTTA
CGGCGTGGACTACTAGGGTATCTAATCCTATTGCTCCCCACGCTTTCGTGTCTCAGCGTCAGTTTGGCCCA
GCAATCGCCTTCGCCACTGGTGTTCTTCTAATATCTACGCATTTTACCGCTACACTAGAAATTCATTTGCC
TCTACCATACTCAAGAAATACAGTTTCTAAGGCGAACTGGAGTTGAGCTCCAGGCTTAGACCTTAGACTTATA
TTCCCGCCTACACACGCTTTACACCCAATAATTCCGGATAACGCTCGCATCCTACGTATTACCGCGGCTGCT
GGCACGTAGTTAGCCGATGCTTTCTTGAAGGTACCGTCACTCCATACTCATTTCTAATATGGTCGTTCTTCC
CTAACAACAGAAGTTTACAATCCAGAGGACCGTCATCCTTCACGCGGCATTGCTCGTTCAGGGTTTCCCCCA
TTGACGAATATTCTAAGTGTCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGACCCT
CCTCTCAGAACCCCTACTGATCGATGGCTTGGTGGGCGGTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCATCC
CCATCCCTTAGCGGTAAACCTTTATTCAGCTCAGATGTCCTCATTGAAAACATAGGGTATTAATCCGACTTT
CGCCGGGCTATCCCTACTAAGGGCCAGGTTGGATACGCGTACTCACCCGTGCGCCGGTGCAGCAAG
GTTAGCAAGCTAACCTCTCGCTGCCCTCGACTTGATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGAGCC
AGGATCAAACCTCT3'

>RB42

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGGGTTAAG
AAGGAAGCTTGCTTTCAATTTAAACCTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGGAACCTGCCCTCAGTG
GGGAACAACAAGTAGAAATGGTTGCTAATACCGCATAATGTCGGAGAGCCGCATGACATTCAGACCAAGG
ATTTATTGCTGAAGGATGGCCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGTGAGGTAACGGCCCAACGAAGTCTACGAT
CGGTAGCCGAAGTGAAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCACTCCTACGGGAGGCA
CGAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCAACGCCGCGTGAAGGATGACGGTCTTCG

GATTGTAACTTCTTTAATTGGGGAAGAACAAAATGACCTACCCAAAGAATAAGTCACGGCTAACTACGTGCC
 AGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGACAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGCGTAAAGGGCGTGTAGGCGGTC
 TTGCAAGTCAGAAGTGAAATTCCTGAGCTCAACTCGGGCGCTGCTTCTGAACTGCAGGACTTGAGTGCTGG
 AGGGGATAGCGGAATTCCTAGTGGAGCGGTAATGCGCAGATATTAGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGC
 GGCTATCTGGACAGTAACTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATAACCTTGTA
 GTCCACACTGTAAACGATGATTACTAGGTGTGGGGGTCTGACCCCTCCGTGCCGCAGCAAACGCAATAA
 GTAATCCACCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCAGT
 GGATTATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGCACTTGACATCCAATAACGAAATAGAG
 ATATATTAGGTGCCCTTCGGGGAAAGTCGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTACAGCTCGTGTCTGTGAGATG
 TTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTGCCATTAGTTGCTACGCAAGAGCACTCTAATGGGACCGC
 TACCGACAAGGTGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTGCTGGGCTACACACGT
 AATACAATGGCCGTTAACAAAGGGGAAGCAATCTCGCGAGAAGGAGCAAAACCCCAAAAACGGTCCAGTTC
 GGACTGCAGGCTGCAACCCGCTGCACGAAGTTGGAATTGCTAGTAATCGTGATCAGCATGCCACGGTGA
 ATACGTTCCCGGGTCTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTCGGTAATACCCGAAGTCAGTAGTCTA
 ACCGCAAGGAGGACGCTGCCGAAGGTAGGATTGACGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGA
 GAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB43

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCTGTTTTAC
 CCTAGGCCGCTCCTCTCGGTCACGGACTTCAGGTACCCAGACTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
 AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAATTCACGGAGTGA
 GTTGACAGACTCCGATCCGAAGTGAACCGGCTTCGAGATTGCTCCCTGTCACCAGGTGGCTGCCCTCTG
 TACCGGCCATTGTAGCACGTGTGTCGCCCTGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTC
 CTCTCGGCTTGCGCCGGCAGTCCCTCCAGAGTCCCCGGCTTTACCCGCTGGCAACTGGACGTAGGGGTTG
 CGCTCGTTATAGGACTTAACCTGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTTGCTAAGC
 GCCCCGAAGGGAAGATTCAATTCGAAATCGGTCGCTCAACATTTGAGTCCAGGTAAAGTTCCCTCGCGTATCA
 TCGAATTAAACCACATGCTCCTCCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTCAACCTTGCGATCGT
 ACTCCCCAGGTGGATAACTTATCGCTTTGCTTTGTACCGACTGTCTATCGCCGACAACAAGTTATCATCGT
 TACTGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGATCCCCACGCTTTCGTGCCTGAGCGTCAGTCCCGG
 CCTCGCCAGCTGCCTTCGCGATCGGTGTTCTGTGGCATATCTAAGCATTTCACCGCTACATGACACATTCCG
 CCGGCGCGCTCCGTAAGTCTAGCACGCCAGTATCAATGGCAGTTCCCCGGTTGAGCCGGGAGATTTACCAC
 TGACTTAACGCGCCGCTGCGCACCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTTGATCCTCCGTATTACC
 GCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCGCCCCGATACTCTCATCGGTCTACGCATAGACCTTATT
 ACTCTCGGACAAAAGGAGTTTACAACCCATAGGACCTTCTTCTCCACGCGGCATGGCTGGTTTACAGCTTCC
 GTCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTGGGGG
 ATAAGCCTCTCAGTCCCTAGACATCGTCGCCCTTGGTGGGCGGTTGCCCGCCAACTAGCTAATGTACAG
 CATGCCCATCCGTAACCAACCGAAGCTTTCGTTATCCTAACATGCGAAAGAATAACAATATGGGGTATTAGTGG
 AAATTTCTCTCCGTTATCCCCCTGTTACAGGTAGGTTGCATACGCGTTACGCACCCGTGCGCCGGTGTGAG
 CAGAGTATTGCTACTCCCTGTTACCCCTCGACTTGATGTGTTAAGCCTGCCGCTAGCGTTCATCCTGAGCCA
 GGATCAAACCTCT3'

>RB44

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAGACATG
 CGACGGACCGGAAGTTTCGGATGGAAGGGAAGACGCATGTTTACGCGCGGACGGGTGAGTAACGCGTG
 AGCAACCTGTCTTCACAGGGGGATAACACAGCGAAAGTTGTAATAACCGCATAAGACCACAGGGTCAC
 ATGATCGAGGGGTCAAAGGAGCAATCCGGTGAAGGGTGGGCTCGCGTCCGATTAGGTAGTTGGTGAGGTA
 ACGGCCACCAAGTCGACGATCGGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACG
 GCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGGGAAACCTGACCCAGCAACGC
 CGCGTGAGGGAAGAAGGTTTTCGGATCGTAAACCTCTGTCTTGGTGAAGAGAAAGAGACGGTAGCCAAGG
 AGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCGAGCGTTGTCCGGAATGAT
 TGGGCGTAAAGGGCGCGTAGGCGGCCCGGTAAGTCTGGAGTGAAAGTCCTGCTTTAAGGTGGGAATTGCT
 TTGGATACTGTCCGGCTTGAGTGACGAGAGGTAAGTGGAAATCCAGTGATGCGGTGAAATGCGTAGAGA
 TTGGGAGGAACACAGTGGCGAAGGCGACTTACTGGACTGTAACGACGCTGAGGCGCGAAAGTGTGGGG
 AGCAAACAGGATTAGATAACCTGGTAGTCCACACTGTAAACGATGAATGCTAGGTGTAGGGGGTATCGACC
 CTTTCTGTGCCGAGTCAACACAATAAGCATTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAACTCAAAGG
 AATTGACGGGGGCCCGCAAGCAGCGGAGCATGTGGTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAG
 GTCTTGACATCCAGGTAAAGCCGTAGAGATACGGTGTGTGCTTGCACAATCTGAGACAGGTGGTGCATGGTT
 GTCGTACGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTTTCAGTTACTAACA

CGTAGAGGTGAGGACTCTGAAGAGACTGCCGGGGACAACCTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCAT
CATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCACCACAGAGAGGAGCGAACCTGCAAGGG
GGAGCGGATCTCAAAAAAGTGGTCCCAGTTCGATTGTGGGCTGCAACCCGCCACATGAAGTCGGAGTTG
CTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCCGTCACACCAT
GGGAGTTGGGAGTGCCCAAAGTCGGTGAGGTAACCGCAAGGAGCCAGCCGCTAAGGCAAGACCAATGA
CTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB45

5'AGCGTTACTCGGAATTACTAGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGAATGTTAAGTCTGTTGTGAATCTCTGGG
CTCAACCCAGAACTGCAACAGAACTGGCGTTCTTGAGTGAGGCAGAGGAAATCGGAATTCCTAGTGTAG
CAGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGGCGAAAGCGGATTTCTGGGCCTTACTGACGCTCA
AGTGCGAAAAGCTAGGGGAGCAAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTAGCCGTAAACGATGATAACTAGT
TGTGGGAGGTATCGACCCCTTCCGTGACGCCGCTAACGCATTAAGTTATCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCA
AGGTTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGAGGTGGAGTATGTGGTTTAATTGACGCTACG
CGAAAAACCTTACCTGGGCTCGAACGACTGGTGGTAGTCTTTATGAAAGTAGAGGCGACCCGCAAGGGAGC
CAGCCGAGGTGCTGCATGGTTGTCTGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
ACCCCTATCCTGTGTTGCCTAGCAATAGGATCTCTCAGGAGACCGCCGCGGATAACGTGGAGGAAGGTGGG
GATGACGTCAAATCATCATGGCCCTTATGTCCAGGGCTACACACGTACTACAATGGTATAGACAGAGGGCAG
CAATACCGTAAGGTGGAGCCAATCCCTAACTATGCCCCAGTTCAGATTGTGGGCTGCAATTCGCCCACATG
AAGCCGGAATCTCTAGTAATCGCAGATCAGCACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGTCTGTACACACCGC
CCGTACACCACGAAAGTCAATGGCAACAGAAGTATCCAGGTCGTCTGGGTCCTAAGTTGTGATTGGTGATT
GGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB46

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATAAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAGTGGTCC
TCCCGAAGACCTGACGAGCTTGCTCTGATGGAATTCATTTGGATCACTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGC
GTGGGTAACTGCCCTATACTGGGGGATAGCAGTTGGAAACGACTGATAATACCGCATAAGCGCACAGCAT
CGCATGATGCAGTGTGAAAACTCCGGTGGTATAGGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAA
CGGCCACCAAGGCGACGATCAGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGTACGGCCACATTGGGACTGAGACACGG
CCCAAACCTACGGGAGGCGAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGGGAAACCTGATCCAGCGACGCCG
CGTGAGTGAAGAAGTATCTCGGTATGTAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGATAATGACGGTACCTGACTAAGAA
GCACCGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGGTGCAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTG
TAAAGGGTGCGTAGGTGGCATGGTAAGTCAGATGTGAAAACTATGGGCTCAACCCATTAGACTGCATTTGAA
ACTACCGAGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAAGTGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGA
GGAACACCAAGTGGCGAAGGCGGCTTACTGGACGATTACTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAATACTAGGTGTTGGCTTCCACAGGGAGTCGGT
GCCGCAGCTAACGCAATAAGTATTCACCTGGGGAGTACGTTGCAAGAATGAACTCAAAGGAATTGACG
GGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTTGACA
TCCTCTTGACAAAGTATGTAATGTACTCTTCCTTCGGGACAAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCTGTCAGC
TCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCTTAGTAGCCAGCAAGTCAAGT
TGGGCACTCTAGGGAGACTGCCCGGGATAACCGGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCGTGCCCC
TTATGACCAGGGCTACACACGTGCTACAATGTCGTAAACAAAGGGAAGCAATGGAGCGATCCGGAGCAAAT
CCCAGAAATAACGACTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATC
GCAGATCAGCATGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGTCTG
GGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGAGAGGAGCGGCCTAGGGCGAAACAGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAAC
AAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB47

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCAGTTACCACCCCTG
CCTTAGGACGCTGCCTCCTTACGGTTAGCTCACGTACTTCGGGCGTGGACGACTCCCATGGTGTGACGGGC
GGTGTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCAACGCAGCGTGCTGATCTGCGTTTACTAGCGATTCCGACTTCAT
GGAATCGAGTTGCAGAGTCCAATCCGAACCTGAGACTGGGTTTAAGAGATTTGCTTGTCTCTCGCGAGTTTGCT
GCTCGTTGTACCAGCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCAGAAGCTAAGGGGCATGATGATTTGACGTCGTCT
CACCTTCCTCCGGTTTATCACCGGCAGTCTCGTAGAGAGGTTACTATAAGTATACCGATAGCACCAACTAAC
GACGAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACATGAGCTGACGACAACCGTGACCA
CCTGTTTTCAAGTTCCCCGAAGGGCACTCCCGACTTTCATCAGGATTCTATCAATGTCAAGTCTGGTAAGGT
TCTTCGCGTTGCTTGAATTAACCACATGTTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCGCTCAATTCTTTAAGTTTAC

ACTTGCGTGCGTACTCCCCAGGCGGAACACTTATCGCGTTAGCTGCGGCACTGCAGGGGTGATACCCGC
AACACCTAGTGTTTCATCGTTTACGGCCGGGACTACTGGGGTATCTAATCCCATTGCTCCCCCGGCTTTCGTT
CCTCAGCGTCAATAATGGCCAGTTAAGCGCTTTCGCCACCGATGTTCCCTCCTGATATCTACGCATTTACCG
CTACACCAGGAATCCCTTAACCTCTACCACATTCTAGTTAGATAGTATCAAATGCCGACCGGAGTTGAGCC
CCGGGCTTTAACATCTGACTTATCTTACCGCCTACGAACGCTTACGCCCAATGATTCGGGACAACGCTTGCA
CCCCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCCTTTGTAGGTACAGTCATTTGTTCTT
CCCTACTGACAGAACTTTACACCCCGAAGGGCTTAACATTACGCGGTGTTGCTGCGTCAGGGTTTCCCCCA
TTGCGCAAAATCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTATGGGCCGTGCTCAGTCCCATTGTGGCTGATCAT
CCTCTCAAACCAGCTACTGATCGTCGCTTGGTAGTCCATTACACCACCACTAGCTAATCAGGCACAGGCT
CATCCTAAACCGCCGGAGCTTCAAGATTAGTATTTCAACTAAGCTCGTATGGGGTATTAGCAGAAGTTCCC
TCTGTTGTCGCCCAGTTTAGGGCAGATTTCTATGTTGTACTACCCGTCCGCCACTTATGTATTCCCGAAGG
AACCTTATCGTTTCGACTTGCATGTATGAGGCACACCGCCAGCGTTCGTCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB48

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCATGA
GATTAGCTTGCTAATCTTGATGGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTTCCCCTTAGTAGG
GCATAGCCCGGTGAAAAATCGGATTAATACCTATGTTGTCAATAGAGGACATCTGAAGCTGACCAAAGATTTA
TCGCTAAGGGATGGGGATGCGTCTGATTAGATAGTAGGCGGGTAACGGCCACCTAGTCGACGATCAGTA
GGGGTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGGAAGTGAACACGGTCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGCCAATGGGCGAGAGCCTGAACCAGCCAAGTCGCGTGAAGGATGAAGGTTCTATGGATTG
TAACTTCTTTTGTCCGAGGGTAAAGAAGGTCACGTGTGACTTCTGCAAGTATCGGACGAATAAGCATCGGC
TAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGT
GCGTAGGTGGTTTGTAAAGTTGTGGTGAAAGCGTGCGGCTCAACCGTACCAAGCCATGAAAAGTGGCGAA
CTTGAGTGCAAACGAGGTAGGCGGAATGTGATGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGTCACAGAACCCCG
ATTGCGAAGGCAGCTTACCAGCATGCAACTGACACTGAGGCACGAAAGCGTGGGTATCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCCACGCAAGTAAACGATGAATACTAGCTGTTGGCGATATATGGTCAGCGGTACAGCGAAAG
TGTTAAGTATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACA
AGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAAGTTAGTGACGGC
GGATGAAAGTCTGCTTCCCTTCGGGGCACGAACTAGGTGCTGCATGGTTGTGCTCAGCTCGTGCCGTGAG
GTGTGCGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCTTGCCGTTAGTTGCCAGCGGGTAATGCCGGGAACCTCTA
GCGGGACTGCTACTGTAAGGTAGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGG
CGACACACGTGTTACAATGGTGAGTACAGAGGGTTGCTACCTGGTGACAGGATGCTAATCTCCTAAACTCA
TCTCAGTTCCGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATG
GCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGGAAGCTGGGGGTACCTAAAG
TCTGCAACCGCAAGGAGCGGCCTAGGGTAAACTGGTAACTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAC
CGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCT3'

>RB49

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGCAGGTCTTAGGCATGCAAGTCGAACGGGTGAAGC
AGGGCTTGCCCTGTGAATCTAGTGGCGCACGAGTGAGTAACGCGTGGGAACTGCCACCACTGGGGAAT
AACGTTTGGAAACGAACGCTAATACCGCATACGCCGGAACGGGAAAGATTTATCGGTGGTGGATGTGCC
GCGTTGGATTAGCTTGTTGGTGGGGTAATGGCTACCAAGGCGATGATCCATAGCTGGTCTGAGAGGACGA
TCAGCCACGTTGGAAGTGAACACGGTCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAGCTAAGAATATTGGGCAATGG
AGGAACTCTGACCCAGCCATGCCGCGTGAATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTTCTTTAATCGTGAA
GATGATGACAGTAGCGATAGAAAAAGCACCGGCTAATTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGTG
CAAGCGTTGTTGCGATTTACTGGGCGTAAAGCGTCCGTAGGTGGTTTGTAAAGTCAGGGGTGAAATCCCGGG
GCCCCAACCTCGGAAGTGCCTTTGATACTGGCAAGCTGGAGCGCGATAGAGGAAGATGGAATATCTGGTGTA
GGGGTGAAATCCGTAGATATCAGATAGAACACCAATGGCGAAGGCAGTCTTCTGGATCGTTGCTGACACTGA
GGGACGAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGAAATTAGATACTCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGCCTGCTTGT
GTTGGTTTCTTCGGGGAATCAGTGACGAAGCTAACGCGTTAAGCAGGTGCGCTGGGGACTACGATCGCAA
GATTAAACTTAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTTGTTTAATTCGATGCTACGCG
AGAAACCTTACCGACCTTGACATCTTGGTCGCGATTTCCAGAGATGGATTTCTTCAATTCGGTTGGACCAA
GACAGATGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTAGGTAAAGTCTGCAACGAGCGCAACC
CCTATCCTATGTTACCAGCACGTAATGGTGGGGACTCATAGGAGACTGCCGGGGACAACCTGGAGGAAGG
CGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCTGGGCTACACACGTAATAATGGCCGGCAACAGA
GGGAAGCGAAGCCGCGAGGCGGAGCGAACCCCAAAAACCGGTCCAGTTCGGATCGCAGGCTGCAACC
CGCCTGCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCAGGTGAGCATACTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTG
TACACACCGCCCGTCACACCAGGAAAGTTGGTAACACCCGAAGCCGGTGGGGTAACCGCAAGGAGCCAGC

CGTCTAAGGTGGGGCCGATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGAT
CACCTCCTT3'

>RB50

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAGCAGAG
ACGCTGACGAGTGGAGGGCTTGCTCAAAGCAAATCTTGTCGGTGCTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGC
GTGAGCAACCTGCCCTAGAGTGGGGAATAACACCGAGAAATCGGTGCTAATACCGCATAATGTCAGAGGAC
CGCATGATCCACTGACCAAAGGATTATTGCTTTAGGATGGGCTCGCGTCCGATTAGGCAGTTGGCGGGGT
AACGGCCCAACAAACCGACGATCGGTAGCCGAACCTGAGAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACG
GCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGC
CGCGTGAGTGAGGAAGTTCTTCGGAACGTAAAGCTCTGTTGTTCTGACGAACCTCCCTTCTATCAACAACG
GAGGGGACTGACGGTAGGGAACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAG
GTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGTAATTTAAGTCTGTCGTGAAACTG
CGGGGCTCAGCCCCGTATGGCGATGGAACCTGGGTACTTGAGTGCAGGAGAGGAAAGGGGAACTCCAG
TGATGCGGTGAAATGCGTAGATATTGGGAAGAACCCGGTGGCGAAGGCGCCTTTCTGGAAGTGTCTGAC
GCTGAGATGCGAAAGCCAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGGT
ACTAGGTGTGGGAGGTATCGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCTGGGGAGTAC
GGCCGCAAGGCTTAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTAATTTCG
ATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAGTGCAGCAGACGGATCTAGAGATAGTGAAGTCCCTTCGGG
GCTGCTGTGGAGGTGCTGCATGTTGTCTGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGCATAACGAG
CGCAACCCCTTTTATTAGTTGCCATCAGGTAATGCTGGGCACTCTGGTGATACTGCCACCGTAAGGTGTGAG
GAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGTGGTA
CAGAGAGTCGGGTGTATGCAAATACATTCTAATCAAGAAAGCCATCCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACC
CGACCCCATGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGCGCTTGAAGTCCGTGACCGCAAGGATCGGCCTAGA
GCGAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB51

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGCAGGCTTAACACATGCAAGTTGAACGGGATTTGTAT
GGTGCTTGCACTAGACAATGAGAGTAGCGCACTGGTGAGTAACACGTGGGAACGTGCCTTTTAGTGGGGGA
CAACAGTTGGAAACGACTGCTAATACCGCATAACGCCCTAAAGGGGAAAGATTTATCGCTAAAGATCGGCC
GCGGAAGATTAGATAGTAGGCGGGGTAACGGCCACCTAGTCGACGATCGGTAGGGGTTCTGAGAGGAAG
GTCCCCCACACTGGAAGTGAACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGAAGGAATATTGGTCAAT
GGTCGCGAGACTGAACCAAGTAGCGTGCAGGATGACTGCCCTATGGGTTGTAACTGCTTTTGTACG
GGAATAAAGTACCCACGTGTGGGTGTTTGCATGTACCGTACGAATAAGCACCGGCTAATCCGTGCCAGCA
GCCGCGGTAATACGGAAGGTGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGGAGCGTAGGCGGAACCTC
AAGTCAGCTGTGAAATCTGCGGCTCAACCGTAGGCCCTGCAGTTGAACTGTGGTTCTTGAGTGCACATGAG
GATGGTGAATTTGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCAGGAAGAACTCCGATTGCGAAGGCAGCTGT
CTGGGGTGCAACTGACGCTGAGGCTCGAAAGTGCGGGTATCAAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCGCA
CAGTAAACGATGGATACTCGTGGTTGGCGATACACTGTCAGTACCCAGCGAAAGCGTTAAGTATCCACCT
GGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGAGGAACATGTG
GTTTAATTGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAGTGCAGTGGACCGGTGCAGAGATGCACTTT
CTCTTCGAGCCGCTGTGGAGGTGCTGCATGTTGTCTGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGC
CATAACGAGCGCAACCCCTGTCTCGGTTGCCATCGGGTAATGCCGGGCACTCCGCAGATACTGCCATCGC
AAGATGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACA
ATGGGAGGTACAGAAGGCAGCTACCCCGGAGGGGATGCGAATCCCAAAATCCTCTCCAGTTCGGACCG
GAGTCTGCAACCCGACTCCGCGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATAC
GTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGTAA
GGAGCGGCCTAGGGTGAACTGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGC
TGGATCACCTCCTT3'

>RB52

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGGGTTAAG
AAGGAAGCTTGCTTTCAATTTAAACCTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGGAACCTGCCCTTCAGTG
GGGAACAACAAGTAGAAATGGTTGCTAATACCGCATAATGTCGGAGAGCCGCATGACATCCGACCAAAGG
ATTTATTGCTGAAGGATGGCCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGTGAGGTAAACGGCCCAAGTCTACGAT
CGGTAGCCGAACCTGAGAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCAACGCCGCGTGAAGGATGACGGTCTTCG

GATTGTAACTTCTTTAATTGGGGAAGAACAAAATGACCTACCCAAAGAATAAGTCACGGCTAACTACGTGCC
 AGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGACAAGCGTTATCCGGATTACTGGGCGTAAAGGGCGTGTAGGCGGTC
 TTGCAAGTCAGAAGTGAAATTCCTGAGCTCAACTCGGGCGCTGCTTCTGAACTGCAGGACTTGAGTGCTGG
 AGGGGATAGCGGAATTCCTAGTGGAGCGGTAAATGCGCAGATATTAGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGC
 GGCTATCTGGACAGTAACTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGTA
 GTCCACGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGGGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTGCGAAACGCATTAA
 GTAATCCACCTGGGGAGTACGTTCCGAAGAATGAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGT
 GGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCCGAAAAACCTTACCAAATCTTGACATCTGGATGACCATATATGA
 ATGTATATTCTTTCGGAGCATCCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTGAGCTCGTGCTGAGATGTTGG
 GTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCTTGCCTTTAGTAGCCAGCGGTTCCGGCCGGGCACTCTAGAGGGACT
 GCCAGGGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACACAC
 GTGCTACAATGGCGTAAACAAAGGGAAGCGACCTGTGAAGGTGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTT
 CGGATTGTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGCATGTCGCGGTGA
 ATACGTTCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAAATGCCCGAAGTCGGTGACCT
 AACCAGCAAGGAAGGAGCCGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATC
 GAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB53

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTACCCCAAGTCACCGGCTCTG
 CCTTCGACGGCTCCTATCTTGCATTTCGGCCACCGGCTTCGGGCATTTCGACTCCCATGGTGTGACGGGC
 GGTGTGTACAAGACCCGGAACGTATTCACCGCAGCATGCCGATCTGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCAC
 GCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGAACCTGGGACGTTATTTTGGGATTGCTCCGGATCGCTCCCTCGCT
 TCCCTTTGTTACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCCGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCC
 GCCTTCCTCTCCGCTTGCAGCGGGCAGTCCGTCCAGAGTGCCCGGCCTGACCGCTGGCAACTGGACGCAG
 GGGTTGCGCTCGTTATGGGACTTGACCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCT
 GTGGGAGTCCTTGCAGGACTCCGGGTCTCCCCGTCGTTCCCCACAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCG
 CGTATCATCGAATTAAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTGTAGTTTCAGCCTTG
 CGACCGTACTCCCCAGGTGGGGCGCTTATCGCTTTCGCTTGGCCGCCGACCGTCTGCCGCCGACGACGAG
 CGCCCATCGTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATCCCCACGCTTTCGTGCCCGAGC
 GTCAATGCAGGCTGGCGAGCTGCCTCCGCTACCGGCGTTCTGTGGCATATCTACGCATTTACCGCTACA
 CGCCACGTTCCGCCCGCCCCGACCGCATTCAGCCCGCCAGTATCAACGGCACTTCCGGGGTTGGGCC
 CGGGATTACCGCTGACTTGACGGGGCCGCTGCGCACCTTTAAACCCAATGAATCCGGATAACGCTCG
 CGTCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGACGCTTATTCGCCAGGTAATCTCATCGTATT
 ACTCGTAATACTTATTGCCCCCTGACAAAAGCGGTTTACAACCCATAGGGCCGTCCTCCCGCACGCGGCAT
 GGCTGGTTCAGCCTCTCGGCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCT
 CAGTTCCAATGTGGGGGACCTTCTCTCAGAACCCTATCCATCGTCGCTTGGTGGGCGGTTACCCCGCC
 AACTAGCTAATGGAACGCGAGCCAATCCGGTAGCGATAAATCTTCAACAAAGAACCATGCGACCCCTTGTA
 TTACGAGGTATTACGCGACGTTTCCATCGACTATCCCTCTTACCGGGCATGTTGCTCACGCGTACTACCC
 TTTCGCCGGTGCAGGCCAGAGTATTGCTACCCCGCGCTGCCCTCGACTTGATGTGTTAAGCCTGCCGCT
 AGCGTTCATCTGAGCCAGGATCAAACCT3'

>RB54

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTAACCCCAATCATCGGACCCA
 CCTTCGGCAGCTGCCTCCTTGCAGTTAGCTCACTGACTTCGGGTGTTTCGACTTTCATGGTTGACGGGCG
 GTGTGTACAAAGCCCGGAACGTATTCACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCAATTCCAACCTTCGTG
 CAGGCGAGTTGCAGCCTGCAGTCCGAACCTGGGACGATTTTATGGGTTTGCTCTACCTCGCGGTGTTGCTT
 CCTTTGTTTTCGCCATTGTAGTACGTGTGTGGCCAGAACGTAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCA
 CCTTCCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCCGGCTAGAGTGCTCTTGCGTAGCAACTAACCGTAAGGGTTGCGCT
 CGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCCGGATT
 CCCGAAGGGCACCCCGGCCATTACGCCGGGTTCGGGGATGTCAGTCCGTGTAAGGTTCTTCGCGTTGC
 GTCGAATTAAACACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCTCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCAGGCGG
 TACTCCCCAGGTGGAATGCTTATTGTGTTAACTGCGGCACGGAAGCTTGCAGCCCCACACCTAGCATTCATC
 GTTACGGTGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACTTTCGTGTCTCAGCGTCAGTAATC
 GTCCAGTAACCTCGCTTCGCCACCGGTGTTCTCCCGATATCTACGCATTTCACTGCTACACCGGGAATTC
 AGTTACCCCTCCGATCCTCAAGAAAAACAGTTTCAAATGCAAGTTATGAGTTGAGCCATAATTTTACATCTG
 ACTTGCTTCCCCGCTACACACCTTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTCGCCACCTACGTATTACCGC
 GGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTATTCATATGGTACCGTCATTTGTTTCGTCCCATATAAAAGAACTT
 TACAACCCGAAGATCTTCTTCAATCACGCGGCGTGCCTGGGTGAGGCTTCGCCCATTGCCCAATATTCCCC

ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTATCTCAGTTCCAATGTGGCCGTTCAACCTCTCAGTCCGGCTA
CTGATCGTCGACTTGGTGAGCCGTTACCTCACCACTATCTAATCAGACGCGAGCCCATCTCTGAGTGATAA
ATCTTTGATATCAAAATCATGCGGTTTCGATATGTTATAGGGTATTACCATCCGTTTCCAGAAGCTATCCCCCT
CTCAGAGGCAGGTTGCTCACGTGTTACTACCCGTCGCCACTAAGAATTTCCAGTAAACCAAAAATCTCC
GTTGACTTGCATGTGTTAAGCGTGCCGCCAGCGTTCGTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB55

5'AGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCGTCAATTAAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTC
AATTCCTTTGAGTTTCATTCTTGCGAACGTAATCCCCAGGTGGAACACTTAATGCGTTTGCTTCGGCACCGAG
GACTGTCCGTCCCCAGCACCTGGTGTTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCT
CCCCACGCTTTCGAGCCTCAGCGTCAGTCTCAGTCCAGCAGGCCGCTTCGCCACCGGTGTTCTTCCTAAT
ATCTACGCATTTACCCGCTACACTAGGAATTCACCTTTCCTCTCCTGCACTCTAGCTCGGCAGTTTCAAATGC
AGTCTATGGGTTGAGCCCATAGTTTTACATCTGACTTGCCATGCCACCTACGCACCCCTTACACCCAGTAAA
TCCGGATAACGCTTGACCATACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTATTTAGCCGGTGCTTCTTAGTCAGG
TACCGTCATTATCTTCCTGCTGATAGAACTTTACATACCGAGATACTTCATCGCTCACGCGGCGTCGCTGGA
TCAGGGTTTCCCCATTGTCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCC
AATGTGGCCGTACACCTCTCAGGCCGGCTACTGATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTTACCTCACCAACTAGC
TAATCAGACGCGGGTCCATCCTATACCACCGGAGTTTTTACACCGTACCATGCGGTACTGTGCGCTTATGC
GGTATTATCAGTCGTTTCCAATGCTATCCCCCAGTATAGGGCAGGTTACCCACGCGTACTACCCGTCGG
CCACTAAGTGATTCAAATGAATTCATCAGAGCAAGCTCGTCAGGTCTTCGGGAGAACCACTCCGTTGACT
TGCATGTGTTAAGCATGCCGCCAGCGTTCATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB56

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGGGATTTTG
TTTCGGCAGAATCCTAGTGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCGCCGGCCGGGACAACA
CGCCGAAAGGTGTGCTAATACCGGATACGAAGGCGGCATCGCATGGTGCTGTTTGAAGATGGCCTCTGT
TTACAAGCTATCGCCGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGGTGGTGGGGTAACGGCCACCAAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGGGTGAGGAAG
TTTTTCGGAACGTAAAGCCCTGTTGTCTATGACGAACGGACTTTCTGTGAAGAATGGGAAGTAGTGACGGTAA
TAGACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCGG
AATTATTGGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGTGCCTTAAGTCTGTCGTGAAACTGCGGGGCTTACCCCGTAT
GGCGATGGAACTGTGGCACTTGAGTGCAGGAGAGGAAAGGGGAAGTCCAGTGATGCGGTGAAATGCGT
AGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCCTTTCTGGAAGTGTGCTGACGCTGAGATGCCAAAGCCA
GGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGGTACTAGGTGTGGGAGGTAT
CGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTTAACT
CAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGTATGTGGTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTT
ACCAGGTCTTGACATCGACTGTAAGGGACAGAGATGTCCCCCTCTCTTCGAGACAGGAAGACAGGTGGTG
CATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCTATTAGT
TGCTACGCAAGAGCACTCTAATAGGACTGCCGTTGACAAAACGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCAT
CATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTAACAATGGCCGTAAACAGAGGGAAGCGAAACGGCGATGT
GGAGCAAAACCCCTAAAGCGGTCCAGTTTCAATTGACAGGCTGCAACCCGCTGATGAAGTCGGAATTGC
TAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCACACCATG
GGAGCCGGTAATACCCGAAGTCAGTAGTTCAACCGCAAGGAGAGCGCTGCCGAAGGTAGGATTGGCGACT
GGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB57

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCATCATTG
AGATAGCTTGCTATTTAGATGGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTTCCCTTAGTAG
GGCATAGCCCGGCGAAAGTCGGATTAATACCCTATGTTATCCGAAGAGGACATCTGAATTGGATCAAAGATT
CATCGCTAAGGGATGGGGATGCGTCTGATTAGGTAGTAGGCGGGTAACGGCCACCTAGCCGACGATCA
GTAGGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGAGGAATATTGGTCAATGGGCGTGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTATGG
GTTGTAACTGCTTTTATGCGGGGATAAAGTGAGGGACGTGTCCCTTTTGTAGGTACCGCATGAATAAGGAC
CGGCTAATTCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTATTGGGTTTAAA
GGGAGCGCAGGCGGGTTATTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAAGTGCCTGCGGAACT
GGTAGTCTTGAGTGAGTACGACGCGGACGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCACGAAGA
ACTCCGATTGCGAAGGCAGTCCGCGAGTCTTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACAGG

ATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCCGTGTTGGCGATACATTGTCAGCGGCCAA
GCGAAAGCGTTAAGCATCCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGC
CCGCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGCTTGAACGTCAG
CCGAACGATAGAGAGATCTTGAGGTCTTCGGGACGGCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTAGCTCGT
GCCGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTTCCTTAGTTGCCATCAGGTTAAGCTGGG
CACTCTGGGGACACTGCCACCGTAAGGTGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTAC
GTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGGTACAGAGAGTCGAGTGCCGGTAACGTCACTCCAATCAA
GAAAGCTCTCCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACCCGACCCCATGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGC
ATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGG
GCGCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTCGGCCTAGGGTGAAACCGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACAAG
GTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB58

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAACGCTAATCTTC
GGTTTAGTGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTAGGTAACCTGCCATAAGACGAGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACTGGATAGTATATGAAGTCGCATGACTTTATTTAAAGGTGCTCTCAAGCATCACTTATGGA
TGGACCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGGACTGA
GAGGTTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCACTCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATTTT
CGGCAATGGACGCAAGTCTGACCGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTCTTCGGAACGTAAATCTTTT
ATTTGGAAAAACGTATAGTGTAGGAAATGACATTATAGTGATGGTACCAAATGAATAAGCCCCGGCTAACTA
TGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACATAGGGGGCGAGCGTTATCCGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGCGTAG
GCGGTAGATTAAGTCTAAGGTTAAAGTGCAAGGCTCAACCTTGATGTCCTTAGAAACTGGTTTACTTGAGTT
TGGTAGAGGTAAGTGGAACCTCATGTGTAGCGGTAAAAATGCGTAAAAATATATGGAAGAACACCACTGGCGA
AGGCGGCTTACTGGGCCACAACCTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTT
GGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTACTAAGTGTTGGAAAAATCCAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGTACT
CCGCTGAGTAGTACGTACGCAAGTATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGC
ATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTTGACATCCTCTTGACAAAGTATGTAATGTAC
TCTTCCTTCGGGACAAGAGTGACAGGTGGTGATGGTTGTCGTAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAG
TCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCTCTTAGTAGCCAGCAATTCGGTTGGGCACTCTAGGGAGACTGCCCGG
GTGAACCGGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACACACGTGCTA
CAATGGCGTAAACAAAGGGAAGCAATTGGGTGACCATGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTTCGGATT
GTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGAATGTCGCGGTGAATACGT
TCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGGGAATGCCCGAAGTCTGTGACCCAACCGT
AAGGAGGGAGCAGCCGAAGGCAGGCTCGATAACTGGGGTGAAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB59

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAGTATAGA
CGCTGCAGAGATTTCCGTGCAAGCTTGTTTACTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACTG
CCGTATGCAGGGGGACAACAGTTGGAACGACTGCTAATACCGCATATGCGCACAGTACCGCATGGTACAG
TGTGGAAGATTTATCGGCATACGATGGACCCGCGTTTGATTAGATAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAG
TCGACGATCAATAGCCGGCCTGAGAGGGCAATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCTAC
GGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGGGAAACCCGTATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGAAGA
AGTATTTCCGTATGTAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTACTGGGTGTAAGGGAGCGT
AGACGGTTTTTTAAGTCTGATGTGAAAGCTGGGGGCTCAACCCCAAACTGCATTGGAACTGGGGAAGTAG
AGTGTCGGAGAGGTAAGTGGAATTCCTAGTGAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGG
CGAAGGCGGCTTACTGGACGATGACTGACGTTGTGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATAC
CCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGATTACTAGGTGTTGGAGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTGCGAAAC
GCATTAAGTAATCCACCTGGGGAGTACGTTTCGCAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACA
AGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAAACCTTACCAAATCTTGACATCTGAGTGACCAT
TCGGGTAATGCCGAACCTCTTCGGAGCACTCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTGCTG
AGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTGCCTTTAGTAGCCAGCGGTCAAAGCCGGGCACTC
TAGAGGGACTGCCAGGGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTTG
GGCTACACACGTGCTACAATGGCGTAAACAAAGGGAAGCGACCCGTGAAGGTGAGCGAATCTCAAAAATA
ACGTCTCAGTTCGGATTGTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGCA
TGTCGCGGTGAATACGTTCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAATGCCCGAA

GTCCGTGACCTAACCGTAAGGAAGGAGCGGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAG
GTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB60

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGCGGGGCATCGCAT
GGGGCGGCAACGTCCCTGGCGGCGACCGGCGGATGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTGGCCCCCTCTC
CGGGACAGCCCCCGAAAGAGGGATTAATACCGGATGTTCCCTTTATGCCGCATGGCGTGATGGGCAAAGG
CGTGAGTCGGAAGGGGATGGGGATGCGTTCATTAGGCAGCCGGCGGGGTAAACGGCCCACCGGGCCTTC
GATGGATAGGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGAGGAATATTGGTCAATGGGCGAGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCC
TATGGGTTGTAACTGCTTTATATAGGGATAAAGTGCACCACGTGTGGTGTGTTGTAGGTACTATATGAATAA
GGACCGGCTAATTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTATTGGGTT
TAAAGGGAGCGCAGGCTGATTGTTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAAGTGCCTCGCGA
ACTGGCAGTCTTGAGTGAGTACGACGTCAGCGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCACGAA
GAACCCCGATTGCGAAGGCAGCTGACGAGTCCCTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACA
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTTGGCGATATAGTGTACGCGGCC
AAGCGAAAGCGTTAAGCATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGG
GCCCCGACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTCGAACGG
CAAGTGAAGGAACAAGAGATTGTGACGCCCTTCGGGGCACTTGTGAGGTGCTGCATGGTTGCTGCTCAGCT
CGTGTGCTGAGATGTTGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCTTGTGCGCAGTTACCAGCAAGTCAAGTT
GGGGAAGTCTGGCGAGACTGCCACCGCAAGATGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCAGGGCCC
TTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGGTACAGAATGCTGCTGGGTGGCGACACCCGGCCAA
TCATAAAACCCCTTCTCAGTTCGGACTGGAGTCTGCAACCCGACTCCACGAAGCTGGATTGCTAGTAATCG
CGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCG
GGGGTGCCTAAAGTACGTCACCGCAAGGAGCGTCCTAGGGCAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACA
AGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB61

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCG
GAGTAGCAATACTCTGGCGGCGACCGGCGCACGGGTGCGTAACGCGTATGCAACCTACCCGTAACAGGGG
TATAACGGAGTGAAAATTCCACTAATCCCCCATATTGTCATTGATCCGCATGTTTCGATGACGAAAGGTTTTTC
TGGTTACGGATGGGCATGCGTGACATTAGCTAGTTGGCGGGGCAACGGCCCACCAAGGCGACGATGTCTA
GGGGAGCTGAGAGGCTTATCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGAGGAATCCTGAACCAGCCATGCCGCGTGGGGGAAGAAGGTCCATGGGTT
GTAAACCCCTTTTGTCTCCGGAGTAATAAGTCGTTTGCGAACGACGATGAGAGTACGGGGCGAATAAGCATC
GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCAAGCGTTATCCGGATTATTGGGTTTAAAG
GGTGCGCAGGCGGCGCGTAAAGTCAGCGGTGAAATGTCCCGGCTCAACCGGGGCCCTGCCGTTGATACTG
GCGTGCTGGAGTACGGACGGCGCCGCGGAATGTGTCATGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGCCACAGA
ACACCGATCGCGAAGGCAGCTGGCGAGGCGGGTACTGACGCTCAGGCACGAAAGCGTGGGGATCAAACA
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCAAGTAAACGATGATAACTTGTGTCGGCGATAGAATGTCGGTGACAA
AGCGAAAGCGATAAGTTATCCACCTGGGGAGTACGATCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGC
CCGCACAAGCGGAGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCTGGACTCAAATGTTGAC
TGACCGATTGAGAAATGGATCTTCCCTTCGGGGCAGTCAGCAAGGTGCTGCATGGTTGCTGCTCAGCTCGTGC
CGTGAGGTGTCAGGTTAAGTCCTATAACGAGCGCAACCCCTACGTCCAGTTGCCAGCGGGTAAAGCCGGG
GACTCTGGAGGGACTGCCGGCGCAAGCCGAGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGGCCCTTA
CGTCCAGGGCGACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAGAGGGCAGCCACCTGGCGACAGGGAGCGAATC
TCGAAAGCCGGCCTCAGTTCGGATCGGAGTCTGCAACCCGACTCCGTGAAGTTGGATTGCTAGTAATCGC
GCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGTCCG
GGGTACCTGAAGTCCGTGACCGAGAGGAGCGGCCTAGGGTAAACGGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACA
AGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB62

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCTGTTTCGC
CCTAGGCCGCTCCTTTCCGTCACGGACTTCAGGCGCCCCAGACTTTCATGGCTTGACGGGCGGTTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGAGCACTTTCATGATTGAACGGACGTTGCCGGCCGCTGACACTCT
GTATGCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTC
CTCACACCTTACGGTGGCAGTACTGGCAGAGTGCCCACCATCACGTGATGGCAACTACCAGAAGGGGTTGC

GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCA
 GCCCCGAAGGGAGTCAACATCTCTGGATCCGTCTGCTGCAGTTCAAGCCCCGGTAAGTTCCCTCGCGTATC
 ATCGAATTAACCACATGTTCCCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCCTTGAGTTTCACCGTTGCCGGC
 GTACTCCCCAGGTGGGATGCTTAATGGTTCCCTAGGTCCCGGACAATATATCGCCCAGAACGAGCATCCAT
 CGTTTACTGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATACCCGCACTTTCGAGCCTCAGCGTCAATCG
 CACCCCAAGAGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCCTTCGTATATCTAAGCATTTCACCGCTACACGACGAATT
 CCATCTTCCTTGTGTGATTCAAGCCCCGACAGTTCCAACGGCATGCCAAGGTTGGGCCATGACATTTGACCG
 CTGGCTTAACGGGGCCGCTACGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTCGCATCTTCCGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGATGCTTATTCGTAAGGTACATACAAAACCGCACGCGTGCGGCACT
 TTATTTCCAAACAAAAGAGGTTTACAACCCGTAGGGCCGTGCTCCCTCACGCTACTTGGCTGGTTCAGGCTC
 TCGCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGGG
 GGACCTCCTCTCAGAGCCCCCTACCGATCGAAGCCTTGGTGGGCCGTTGCCCCGCCAACAAGCTAATCGG
 ACGCATCCCCATCCAACGCCGATGAATCTTACTCATAACAGGATGTCCTGAAATGAGACCATCGGGTATTAA
 TCTTCTTTCGGAAGGCTATCCCCGGGCCATGGGTAGGTTGGATACGTGTTACGCACCCGTGCGCCGGTCG
 CCAGCAAATCTAGCAAGCTAGATCCCTGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCAT
 CCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB63

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGAGA
 GGAAAGCTTGCTTTCTTGTGCGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTGGCCCTTAGTAG
 GGGATAGCCCCGGCGAAAGTCGGATTAATACCCTATGTTTCCAATGCAGACATCTAAATGGAATAAAGGTTT
 ACCGCTAAGAGATGGGGATGCGTCTGATTAGGTTGTTGGCGGGGTAACGGCCCACCAAGCCTTCGATCAGT
 AGGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGGAACCTGAGACACGGTCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TGAGGAATATTGGTCAATGGACGAGAGTCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTATGGGTT
 GTAACTGCTTTATGCGGGGATAAAGTGAGGGACGTGTCCCTTTTGTAGGTACCGCATGAATAAGGACCG
 GCTAATTCGCTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTATTGGGTTAAAGG
 GAGCGCAGGCTGAAGGTTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAACTGCGTCGCGAACTGG
 CTTTCTTGAGTGAGTACGACGTACGCGGAATTCTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGACGAAGAAT
 CCGATCGCGAAGGCAGCTTGCCGGGCCGCAACTGACGCTGAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACAGGA
 TTAGATACCCTGGTAGTCCGCACAGTAAACGATGGATACTCGCTGTGCGCGATATACGGTCCGTGGCCAAAG
 CGAAAGCGTTAAGTATCCACCTGGGGAGTACGCCGCAACGGTGAAGCTCAAAGGAATTGACGGGGGCC
 CGCACAAGCGGAGGAACATGTGTTTAATTGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAATTGCTGG
 TGACGGTACTGGAGACAGTTTCTTCTTCGGGACGCCAGTGAAGGTGCTGCATGTTGTGCTCAGCTCGT
 GCCGTAAGGTGTCGGCTCAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCTTGCCGTTAGTTGCCATCAGGTACGCTGG
 GCACTCTATCGGGACTGCCATCGTAAGATGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTAT
 GTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGGTACAGAGGGAAGCCACCTGGCGACAGGGCGCGGATCC
 CGAAATCCCTTCTCAGTTTCGATTGGAGTCTGGAACCCGACTCCATGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGC
 ATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGG
 GCGCCTGAAGTCCGTAACCGCGAGGATCGGCCTAGGGCGAACCTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAG
 GTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCT3'

>RB64

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGGGTCTATT
 AGCTTGCTAAGACGACCTAGTGGAACCGGGTGAAGTAACGCGTGGGCAACCTGCCGAAAGATGGGGACA
 ACATCCCGAAAGGGGTGCTAATACCGAATGTTGTACGAGGGACGCATGTTCCATGTACTAAAGGATTCTATC
 CGCTTTCGATGGGCCCGCGTCCGATTAGCTGGTTGGTGAGATAACGGCCCACCAAGGCGACGATCGGTA
 GCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TGGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAAGAAGGCCTTCGGGC
 CGTAAAGCTCTGTTGCCGGGAAGAGTGCTATGGGGGAACCTGTAGAGGGACGGTACCCGGCGAGGAAG
 CCGCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGCGGCAAGCGTTGTCGGGAATCATTGGGCG
 TAAAGGGGGCGCAGGCGGGAACATAAGTCTTCTGAAAGTTCGGGGCTCAGCCCCGTGATGGGAAGGAA
 ACTGTGTTTCTTGAGCGCGGGAGAGGGAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCAGGA
 AGAACACCAAGTGCGGAAGGCGGCTTCTGGACCGCGGCTGACGCTGAGGCCCGAAAGCCAGGGGAGCG
 AACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGATGCTAGGTGTGGGAGGTATCGACCCCTT
 CCGTGCCGGAGTCAACGCAATAAGCATCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAACTCAAAGGAAT
 TGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTGTTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGGC
 TTGACATTGAGTGAAGGCATGGAACATGTCCCCCTTTCGAGGCGACGAAAACAGGTGGTGCATGGCTG
 TCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTGCCCGTGTGCCAG

CAGGTAAAGCTGGGGACTCGCGGGGACTGCCGCGGAGAACGCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAG
 TCATCATGCCCTTATGTCTGGGCTACACACGTACTACAATGGGATGGACAGAGGGAAGCGAAACCGCGA
 GGTAGAGCGGAACCCCTAAAAGCATCCCCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAACCCGCCCTGCATGAAGTCGGA
 ATCGCTAGTAATCGCAGGTCAACATACTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACA
 CCACGGAAGCCGTTACGCCCCAAGCCGGGTCAAACCTGTCGAAGGCAGGGGCGGTGACTGGGGTGAA
 GTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB65

5'AGAGTTTGATCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGAGAATTTA
 CGCTGACGAGACTTCGGTCAAATCTTGTAATCTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGCAACCTG
 CCTCATACTGGGGTTAACAGCTGGAAACGACTGTTAATACCGCATAAGCGCACGGTATCGCATGATACAGT
 GTGAAAACTCCGGTGGTATGAGATGGGCCCGCGTCAGATTAGCCAGTTGGCAGGGTAACGGCCTACCAAA
 GCGACGATCTGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGGACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACTCCTA
 CGGGAGGCAGCAGTGGGGGATATTGCACAAATGGAGGAACTCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGAAG
 AAGTATTCGGTATGTAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAGACTCGTAAGTGAGATGACGGTACCTGACTAA
 GAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTACTG
 GGTGTAAAGGGAGCGCAGACGGCTTAGCAAGTCTGAAGTGAAACCCACGGCTCAACCGTGGGCTTGCTTT
 GGAAACTGTTAAGCTAGAGTACTGGAGAGGTAAAGCGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTA
 GGAGGAACATCGGTGGCGAAGGCGGCTTACTGGACAGCAACTGACGTTGAGGCICGAAGGCGTGGGGAG
 CAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAAACGATGAATACTAGGTGTTGGGTGTCATAGACATT
 CAGTGCCGTCGCTAACGCAATAAGTATTCCACCTGGGGAGTACGTTCCGAAGAATGAAACTCAAAGGAATTG
 ACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGATCTTG
 AGATCCGGATGAATACATGGTAATGCATGTAGCTCTTCGGAGCATCCGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGT
 CAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTGTCCATAGTAGCCAGCAGTA
 AGATGGGAACCTCTATGGAGACTGCCAGGGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCC
 CCTTATGATCTGGGCCACACACGTGCTACAATGTGCTAACAAGGGACGCGACCCCGCGAGGGTGAGCAA
 ATCTCAAAAATAACGACCCAGTTCGGAAGTGTAGGCTGCAACCCGCCCTGCACGAAGCTGGAATCGCTAGTAAT
 CGCAGATCAGCATGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCG
 GAAATGCCCCAAGCCGGTGACTTAACCGTAAGGAGAGAGCCGTGCAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGA
 AGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB66

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCAGGTTCTCCTACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCAGTTATAAGTCCTAC
 CTTCCGGCCGCTCTCTCCTTACGGTTAAGTCACGGACTTCGGGTATTACCTACTCCCATGGTGTGACGGGCGG
 TGTGTACAAGACCCGGGAACGTATTACCCGCAGCATTCTGATCTGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCGTGT
 AGTCGAGTTGCAGACTACAGTCCGAACCTGAGACGTTATTTTGGGATTTGCTCGGCCTCAGCACTCTGCTTCC
 CTTTGTTTACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGATCATAAGGGGCATGATGATTGACGTATCCCCACC
 TTCTCCAGGTTATCCCTGGCAGTCCCTCTAGAGTGCCACCTTGACGTGCTGGCTACTAAAGGCAAGGGTT
 GCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCAA
 CTGCTCCGAAGAGATATAGGCGTTACCTATAGGTCAGTTGGATGTCAAGATCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTG
 CTTGCAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTATTCTTGCGAAC
 GTACTCCCCAGGTGGATTACTTAATGCGTTTGCGGCGGCACCGAGGACCTTTGGTCCCCAACACCTAGTAAT
 CATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGAGCCTCAACGTCAAT
 TACAGTCCAGTAAGCCGCCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCTAATATCTACGCATTTACCGCTACACTAGGAAT
 TCCGCTTACCTCTCCTGCACTCTAGCCTGGCAGTTTCAAAGCAGTTCCATGGTTAAGCCATGGGATTTCACT
 TCAGACTTGCTATGCCGTCTACGCTCCCTTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTTGCTCCATACGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGTATTTAGCCGGAGCTTCTTAGTCAAGTACCGTCATTTTCTTCTTGCTGATAGAGCT
 TTACATACCGAAATACTTCTTCACTACGCGGCGTCTGCTGGATCAGGGTTTCCCCCATTTGTCCAATATTTCCC
 ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTACCCCTCTCAGGCCGGCT
 ACTGATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTTACCTCACCAACAAGCTAATCAGACGCGGGTCCATCGTATGCCGAT
 AAATCTTTTCACTGTACCATGCGATACTGTGCGCTTATGCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCGCC
 CTGCATACGGCAGGTTACCCACGCGTTACTACCCGTCCGCCACTAAGTATAAACAAGAATTGACCGAAATC
 GCTTCAGCGTTTACACTCCGTTGACATTGCATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAGGATC
 AAACCT3'

>RB67

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCGGTTTCG
 CCTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGAAGTTCAGGCGCCCCCAGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTA

CAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTC
GGGTTGCAGACCCCAATCCGAACCTACGAGACATTTTCATGATTAGATGCGCGTTGCCGCACACCGACTCGCT
GTATGCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCAACCTTC
CTCACACCTTGGCGTGGCAGTCCCTCCAGAGTGCCCAGCTCTACCTGATGGCAACTAAAGGCAGGGGTTGC
GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCA
GCCCCGAAGGGCGTCAACATCTCTGTATCCTTCTGCTGCAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTCTCGCGTATCA
TCGAATTAACACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGT
ACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGCTTTCGCTTGGCCGCTGACTGTATATCGCCAACAGCGGGCATCCATC
GTTTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGCACCTTCGAGCCTTAGCGTCAGTAAT
GCCCTGGAAGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTCACCGCTACACCACGAATTC
CGCCTTCTCGTGACACTCAAGCCCCGCGAGTTGCGGACGCACTTCACCGTTGAGCCGCGGCATTTCACG
TCACGCTTAACAGGCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGGTATTA
CCGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTACATACGGTACCTGCAAAAAACACACGTGGCTCAC
TTATCCCCGCATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTACAGGCT
CGCGCCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTGG
GGGACCTTCTCTCAGAACCCCTACCGATCGAAGGCTCGGTGGGCGGTACCCCGCCGACTACCTAATCG
GACGCATCCCCATCCCTTAGCGGTAAACCTTTGCTTCATTTCAGATGTCTTACGAAGAACATAGGGTATTA
ATCCGACTTTCGCGGGGCTATGCCCTACTAAGGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTGCGCCGGTC
GCCATCAAACCTTAGCAAGCTAAGTTATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTAT
CCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB68

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCATAACACATTCAAGTCGAACGGACTGATTTG
GTAGCTTGCTACGGATGAAAGTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGCAACCTGCCCTATGTGCG
GGATAACGTTTGGAACGGACGCTAATACCGCATAATCCAATTGGATCGCATGGTCCGATTGGCAAAGATT
ATTGCATAGGGATGGGCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGCGGGGCAACGGCCACCAAGTCTGCGATCGG
TAGCCGGACTGAGAGGTTGAACGGCCACATTGGAAGTGAAGAACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCGACGCCGCGTGAAGGAAGACGGTCTTCGGAT
TGTAACCTTCTTTATGTAGGACGAAAAATGACGGTACTACATGAATAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGC
AGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCGAGCGTTATCCGGATTACTGGGTGTAAAGGGTGTGTAGGCGGGATTG
CAAGTCAGATGTGAAATTATGGGCTCAACTCATAACCTGCATTGAAACTGTGATTCTTGAGGGTCCGAGAG
GTAACCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGT
TACTGGACGATTACTGACGCTGAGACACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCA
CGCTGTAAACGATGAATGCTAGGTGTGGGGGCGATAGCTTCCGTGCCGCACTTAACACAATAAGCATTCCA
CCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGAGCCCGCACAAAGCAGTGGAGTATG
TGGTTAATTTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGATTGACATCCCGAGAAGTCTGCGTAATGGCGGAT
GTGCCCTTCGGGAATTTCGGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTA
AGTCCCGCAACGAGCGCAACCTTACGTTTCTGCTACGCAAGAGCACTCTGGACGAGTCCCGTTGACA
AAACGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTACATTCTGGGCTACACACGTACTACAAT
GGCGAAAAACAAAGGAAGCAATACCGCGAGGTGGAGCAAATCCCATAAAAGTCGTCCAGTTTCGGATTGTA
GTCTGCAACTCGACTGCATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCAAATCAGAATGTTGCGGTGAATACGTTCC
CGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGGATATGCCCGAAGTCAGTGACCTAACGCAAGG
AGGAGCTGCCGAAGGTGGAGCCAATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGG
CTGGATCACCTCTT3'

>RB69

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAGTTACCAGTTTAC
CCTAGGCCGCTCCTTGCGGTTGCAGACTTTAGGTACCCCCAGCTTCCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCACGGAGTCG
AGTTGCAGACTCCGATCCGAACCTGAGATGGGTTTTATGAGATTAGCATCCACTCGCGTGGTAGCAACCTCT
GTACCCACCATTTGAACACGTGTGTGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTT
CCTCTACCTTACAGTAGCAGTCCCGCTAGAGTTCCCGCATGACCCGCTGGCAACTAACGGCAAGGGTTGC
GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTAGTTTCGTG
CCCCGAAGGGAAGACCGCTTTCACAGTCCGTCACTAATTTCAAGCCCCGGTAAGGTTCTCGCGTATCATC
GAATTAACACCATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTA
CTCCCCAGGTGGAATACTTAACACTTTCGCTGTACCGCTGACCATATATCGCCAACAGCTAGTATTCATCGT
TACTGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGATACCCACGCTTTCGTGCCTCAGTGTCAAGTTCATGC
TGGTAAGCTGCCTTCGCAATCGGGGTTCTGTGACATATCTAAGCATTTCACCGCTACACATCACATTCCGCT

ACCTCGTTTGCACCTCAAGTTCGCCAGTTTTTCATGGCTTGGTACGGTTGAGCCGCACGCTTTCACCACAACTT
 AACAAACCACCTACGCACCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTCGCATCCTCCGTATTACCGCGGCT
 GCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCGTCCGATACTTGCAAGAAGCCACACGTGGCCTTTTTTACCCTC
 GGACAAAAGAAGTTTACAATCCATAGAACCTTCATCCTTCACGCGACTTGGCTGGTTCAGGCTCTCGCCCAT
 GACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCGAATGTGGGGGACCTTCC
 TCTCAGAACCCCTACTGATCGTCGACTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAACTATCTAATCAGAAGCGTGCTCA
 CCCTATACCCCTTACGTCTCAAGTGATCGTCATGCGGCGTTCACTCACATGGAGAATTAATCCAACCTTTCGCTG
 GGCTATGCCCCGGTATAGGACAGATTGCACACCTGTACGCACCCGTGCGCCGGTCGCCACCAAAGAAAG
 CAAGCTTCCTTCGTGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGTCGCTAGCGTTCATCCTGAGCCAGGAT
 CAAACTCT3'

