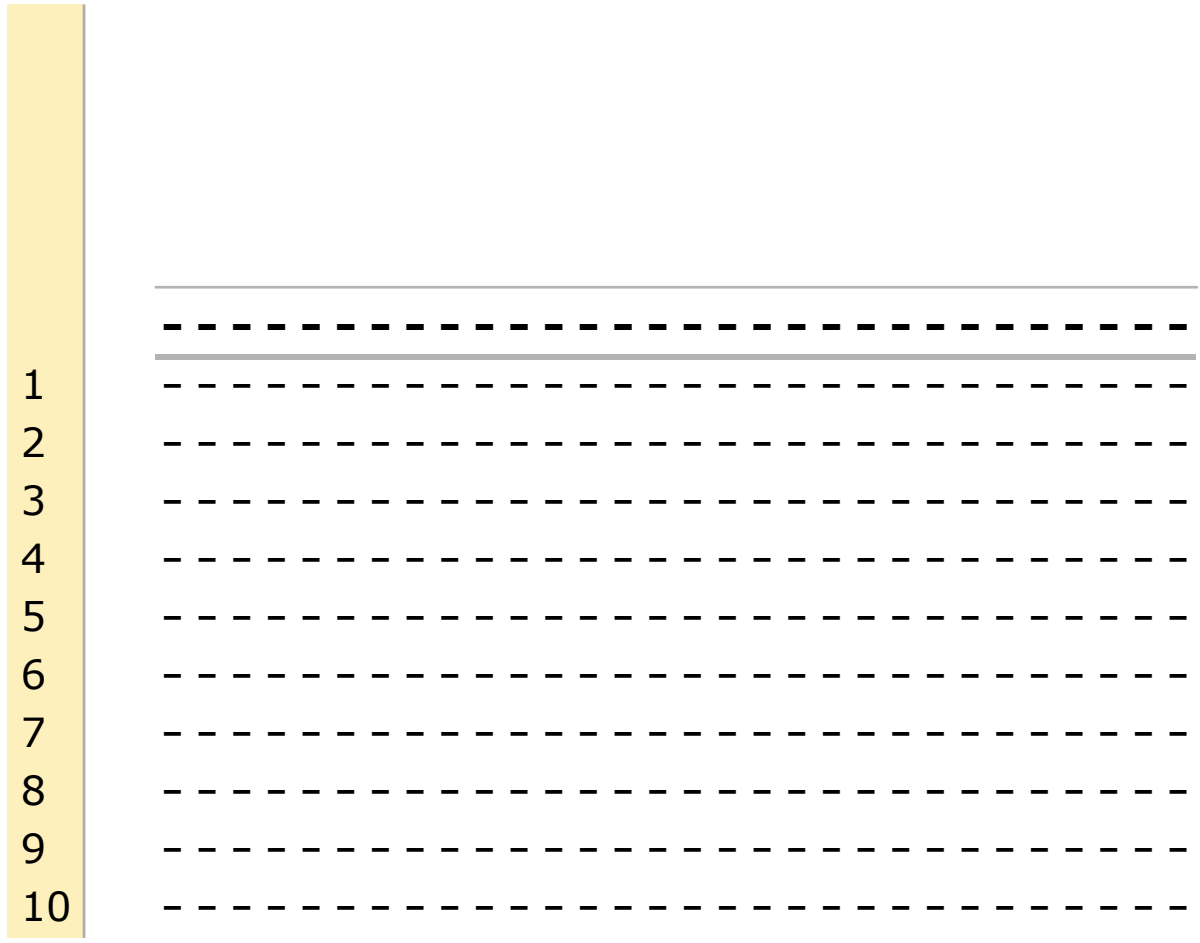
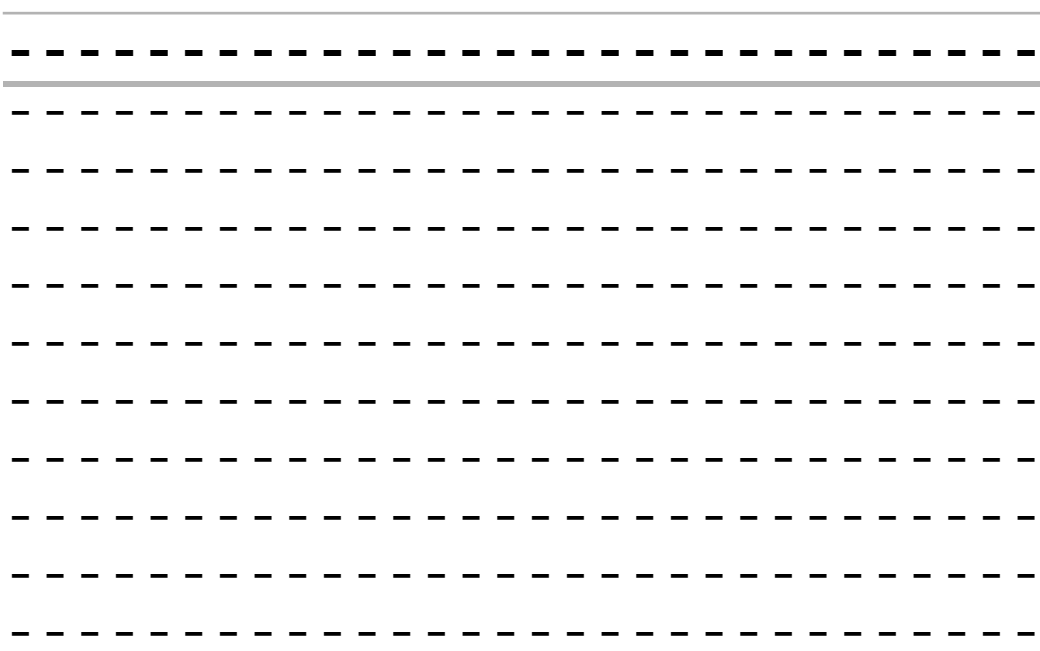


Consensus

- 1. J9-R
- 2. J8-R
- 3. J7-R
- 4. J5-R
- 5. J1-R
- 6. J2-R
- 7. J3-R
- 8. J4-R
- 9. J6-R
- 0. J10-R



1
2
3
4
5
6
7
8
9
10



AAGATGTTGCTACTTATAAGGCAAG

-----AAGATGTTGCTACTTATAAGGCAAG

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10

1	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
2	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
3	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
4	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
5	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
6	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
7	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
8	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
9	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25
10	-----	A	A	G	A	T	G	T	T	G	C	T	A	C	T	T	A	T	A	A	G	G	C	A	A	G	25

TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA

TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA

1	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
2	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
3	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
4	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
5	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
6	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
7	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
8	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
9	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55
10	TCCTTTAGGAGTACTGTCCGGTTTCTTTCA	55

TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA

TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA

1	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
2	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
3	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
4	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
5	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
6	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
7	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
8	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
9	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85
10	TTTTGATTACTCTTGGAAAAATTTATTGAA	85

TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT

TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT

1	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
2	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
3	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
4	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
5	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
6	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
7	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
8	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
9	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115
10	TAGC TTATTACCTAATCTCTGCTAGTATCT	115

TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT

TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT

1	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
2	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
3	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
4	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
5	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
6	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
7	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
8	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
9	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145
10	TTCTTCAATGTATGAACGAAGTTTTATTT	145

CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC

CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC

1	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
2	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
3	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
4	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
5	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
6	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
7	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
8	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
9	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175
10	CACC TTTT CATCCATT GAATAGCTTATTAC	175

GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT

GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT

1	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
2	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
3	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
4	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
5	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
6	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
7	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
8	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
9	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205
10	GTAATTGCC TTGCTCAATATCGTCTGTTCT	205

AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT

AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT

1	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
2	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
3	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
4	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
5	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
6	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
7	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
8	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
9	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235
10	AGTTAGGGGGTGTAGCCGAACCAAATAATTCT	235

AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC

AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC

1	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
2	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
3	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
4	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
5	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
6	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
7	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
8	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
9	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265
10	AAACTACTCGTTTTTGAATCGATTGCAAC	265

TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG

TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG

1	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
2	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
3	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
4	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
5	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
6	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
7	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
8	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
9	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295
10	TTGTTTCATGTTTCATTTTGGGAGCTTGAAAG	295

CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT

CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT

1	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
2	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
3	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
4	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
5	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
6	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
7	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
8	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
9	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325
10	CTTATCGAGCCGAGTTTGAGCAAAC TCCAT	325

AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA

AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA

1	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
2	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
3	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
4	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
5	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
6	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
7	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
8	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
9	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355
10	AACATTAAACGAGCCGAGTTTCGAACGGGAGA	355

TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT

TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT

1	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
2	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
3	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
4	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
5	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
6	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
7	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
8	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
9	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385
10	TGTTTTGAGTCGTTAATAATGGTTCGT	385

TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC

TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC

1	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
2	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
3	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
4	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
5	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
6	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
7	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
8	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
9	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415
10	TAACAATAGGGTATTAGCTCAAAAATAGTTC	415

GAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT

NAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT

1	AAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
2	AAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
3	AAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
4	GAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
5	GAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
6	GAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
7	GAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
8	GAAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
9	AAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445
10	AAAAATGGCTCGATAGTAACTTAAATAGCT	445

TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG

TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG

1	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
2	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
3	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
4	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
5	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
6	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
7	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
8	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
9	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475
10	TAGCTTTGATAGTGAGCTCGATTTCGAAGCAG	475

GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT

GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT

1	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
2	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
3	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
4	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
5	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
6	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
7	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
8	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
9	GTTcGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505
10	GTTTGGATCGATTATGAGCTTGATTAGCT	505

CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA

CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA

1	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
2	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
3	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
4	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
5	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
6	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
7	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
8	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
9	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535
10	CCATAATTAGCTCAGCTCGTGTAGATAACA	535

GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG

GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG

1	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
2	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
3	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
4	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
5	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
6	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
7	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
8	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
9	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565
10	GGCTTGAATCGGTTCAATCAGGCTAATGAG	565

CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA

CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA

1	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
2	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
3	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
4	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
5	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
6	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
7	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
8	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
9	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595
10	CCAAGTTGAGTTGAATATCAAATAGACTAA	595

TACCTTATCAATTGAGCTCAAGCAAAGGT

TACCTTATCAATTGAGCTCAAGCAAAGGT

1	TACCTTATCAATTTGAGCTCAAGCAAAGGT	625
2	TACCTTATCAATTTGAGCTCAAGCAAAGGT	625
3	TACCTTATCAATTTGAGCTCAAGCAAAGGT	625
4	TACCTTATCAATTCGAGCTCAAGCAAAGGT	625
5	TACCTTATCAATTCGAGCTCAAGCAAAGGT	625
6	TACCTTATCAATTCGAGCTCAAGCAAAGGT	625
7	TACCTTATCAATTCGAGCTCAAGCAAAGGT	625
8	TACCTTATCAATTCGAGCTCAAGCAAAGGT	625
9	TACCTTATCAATTTGAGCTCAAGCAAAGGT	625
10	TACCTTATCAATTTGAGCTCAAGCAAAGGT	625

TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC

TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC

1	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
2	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
3	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
4	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
5	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
6	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
7	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
8	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
9	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655
10	TTGAAAGTTCAATAAGAGCTCGGCTTAAAC	655

TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG

TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG

1	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
2	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
3	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
4	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
5	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
6	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
7	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
8	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
9	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685
10	TCGAGCTTGATAAGTCTCATCGAGATCGAG	685

TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G

TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G

1	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
2	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
3	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
4	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
5	TTC A A A A A A G G A T G T G C T T G G C T C G A T T C A	715
6	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
7	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
8	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
9	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715
10	TTC A A A A A A G G A G G T G C T T G G C T C G A T T C G	715

G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G

G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G

1	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
2	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
3	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
4	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
5	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
6	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
7	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
8	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
9	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745
10	G C T C A T T T A T C C C C T A G T T T T A G T G C T T C G	745

TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA

TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA

1	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
2	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
3	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
4	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
5	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
6	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
7	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
8	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
9	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775
10	TTGAGTAGTTGGACCTGAACTGGTCTTTGA	775

TTT

TTT

1	TTT	778
2	TTT	778
3	TTT	778
4	TTT	778
5	TTT	778
6	TTT	778
7	TTT	778
8	TTT	778
9	TTT	778
10	TTT	778

Sequence Logo: 50% GC base composition

Consensus Threshold: >50%

Compare to: the consensus

Bases that match the reference are marked with 4-color highlighting.

Created: 29 Dec 2019

Last Modified: 29 Dec 2019