

CTCTGTTTTGTCAAACCTTAGACTAATGAACGAGGGCTCTCTATATAGTATATAGTATATAGAGTTTATT
 10 20 30 40 50 60 70

Hs-0 ----- 1
 Alc-0 ----- 1
 MNF-Che_2 CTCTGTTTTGTCAAACCTTAGACTAATGAACGAGGGCTCTCTATATAGTATATAGTATATAGAGTTTATT 70
 Col-0 CTCTGTTTTGTCAAACCTTAGACTAATGAACGAGGGCTCTCTATATAGTATATAGTATATAGAGTTTATT 70
 T1110 CTCTGTTTTGTCAAACCTTAGACTAATGAACGAGGGCTCTCTATATAGTATATAGTATATAGAGTTTATT 70
 Gr-5 CTCTGTTTTGTCAAACCTTAGACTAATGAACGAGGGCTCTCTATATAGTATATAGTATATAGAGTTTATT 70

GCAAATAAGGCATTTGTCTTAGATATATATTTTATTTTATTTTAGGCACCTTTTAAAATGATCTTTAGATTTAGGC
 80 90 100 110 120 130 140

Hs-0 ----- 1
 Alc-0 -----TCTTTAGATTTAGGC 15
 MNF-Che_2 GCAAATAAGGCATTTGTCTTAGATATATATTTTATTTTAGGCACCTTTTAAAATGATCTTTAGATTTAGAC 140
 Col-0 GCAAATAAGGCATTTGTCTTAGATATATATTTTATTTTAGGCACCTTTTAAAATGATCTTTAGATTTAGGC 140
 T1110 GCAAATAAGGCATTTGTCTTAGATATATATTTTATTTTAGGCACCTTTTAAAATGATCTTTAGATTTAGGC 140
 Gr-5 GCAAATAAGGCATTTGTCTTAGATATATATTTTATTTTAGGCACCTTTTAAAATGATCTTTAGATTTAGGC 140

ACTTCTTTCCTGGGAAAGTCGTTTTTACCCTTACAGAGAGATGATGTTGCTCTTTCTTTGTTGATGAAC
 150 160 170 180 190 200 210

Hs-0 ----- 1
 Alc-0 ACTTCTTTCCTGGGAAAGTTGTTTTTACCCTTACAGAGAGATGATGTTGCTCTTTCTTTGTTGATGAAC 85
 MNF-Che_2 ACTGCTTTCCTGGG-AAAGTCGTTTTTACCCTTACAGAGAGATGATGTTGCTCTTTCTTTGTTGATGAAC 209
 Col-0 ACTTCTTTCCTGGGAAAGTTGTTTTTACCCTTACAGAGAGATGATGTTGCTCTTTCTTTGTTGATGAAC 210
 T1110 ACTTCTTTCCTGGGAAAGTCGTTTTTACCCTTACAGAGAGATGATGTTGCTTTTTCTTTGTTGATGAAC 210
 Gr-5 ACTTCTTTCCTGGGAAAGTCGTTTTTACCCTTACAGAGAGATGATGTTGCTCTTTCTTTGTTGATGAAC 210

TTTTACGTTTTACTAGAAATCAAAAATACTTGCACCAACACCAACAACCTTTGGAGTCATTGATTACA
 220 230 240 250 260 270 280

Hs-0 ----- 1
 Alc-0 TTTTACGTTTTACTAGAAATCAAAAATACTTGCACCAACACCAACAACCTTTGGAGTCATTGATTACA 155
 MNF-Che_2 TTTTACGTTTTACTAGAAATCAAAAATACTTGCACCAACACCAACAACCTTTGGAGTCATTGATTACA 279
 Col-0 TTTTACGTTTTACTAGAAATCAAAAATACTTGCACCAACACCAACAACCTTTGGAGTCATTGATTACA 280
 T1110 TTTTACGTTTTACTAGAAATCAAAAATACTTGCACCAACACCAACAACCTTTAGAGTCATTGATTACA 280
 Gr-5 TTTTACGTTTTACTAGAAATCAAAAATACTTGCACCAACACCAACAACCTTTGGAGTCATTGATTACA 280

GAGTGATGTCAGCGACGATTGAAATTCAGACGATTAACAATTGGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT
 290 300 310 320 330 340 350

Hs-0 -----CAGACGATTAACAATTGGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT 43
 Alc-0 GAGTGATGTCAGCGACGATTGAAATTCAGACGATTAACAATTGGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT 225
 MNF-Che_2 GAGTGATGTCAGCGACGATTGAAATTAAGACGACTAACAATTAGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT 349
 Col-0 GAGTGATGTCAGCGACGATTGAAATTCAGACGATTAACAATTGGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT 350
 T1110 GAGTGATGTCAGCGACGATTGAAATTCAGACGATTAACAATTGGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT 350
 Gr-5 GAGTGATGTCAGCGACGATTGAAATTCAGACGATTAACAATTGGTCCTCATGAGATGTGAATGCGATCT 350

AGATTTTTAACATCCCACATTTTGGATCTGGAAAAAAAAAACAAGAAACAAAAAAGTCCCACGATTTGGT
 360 370 380 390 400 410 420

Hs-0 ----- 113
 Alc-0 AGATTTTTAACATCCCACAT-----GTCCCACGATTTGGT 260
 MNF-Che_2 AGATTTTTAACATCCCACATTTTGGATCTGGAAAAAAAAAACAAGAAACAAAAAAGTCCCACGATTTGGT 419
 Col-0 AGATTTTTAACATCCCACATTTTGGATCTGGAAAAAAAAAACAAGAAACAAAAAAGTCCCACGATTTGGT 420
 T1110 AGATTTTTAACATCCCACAATTTGGATTTGGAAAAAAAAAACAAGAAACAAAAAAGTCCCACGATTTGGT 420
 Gr-5q AGATTTTTAACATCCCACATTTTGGATCTGGAAAAAAAAAACAAGAAACAAAAAAGTCCCACGATTTGGT 420

ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC

430 440 450 460 470 480 490

Hs-0 ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC 183
 Alc-0 ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC 330
 MNF-Che_2 ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC 489
 Col-0 ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC 490
 T1110 ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC 490
 Gr-5 ATTACGATTTGCACGTTTTTTTTGTTTCAGTGATTTTTGTGCAGGTTAAGGAACTCAAGAAGTGATTGATAC 490

TTTGTGATTGCTCAATTGATGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT

500 510 520 530 540 550 560

Hs-0 TTTGTGATTGCTCAATTGATGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT 253
 Alc-0 TTTGTGATTGCTCAATTGATGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT 400
 MNF-Che_2 TTTGTGATTGCTCAATTGACGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT 559
 Col-0 TTTGTGATTGCTCAATTGATGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT 560
 T1110 TTTGTGATTGCTCAATTGATGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT 560
 Gr-5 TTTGTGATTGCTCAATTGATGTTTCATAATCATGTCTACAAGTACATTGATTTTTGTTTCATGTTAATGGT 560

GTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT

570 580 590 600 610 620 630

Hs-0 GTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT 323
 Alc-0 GTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT 470
 MNF-Che_2 TTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT 629
 Col-0 GTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT 630
 T1110 GTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT 630
 Gr-5 GTTTGATGATAATGAGGATGGTTGTAGTGTTGTGTTATTGTGTGTATGTAAGAATTGTAGACTGTATATT 630

TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACGTCGTTTCGTTACCCCTCG

640 650 660 670 680 690 700

Hs-0 TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACG----- 377
 Alc-0 TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACGCCGTTTCGTTACCCCTCG 540
 MNF-Che_2 TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACGTCGTTTCGTTACCCCTCG 699
 Col-0 TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACGTCGTTTCGTTACCCCTCG 700
 T1110 TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACGCCGTTTCGTTACCCCTCG 700
 Gr-5 TGACGGTTTTGGGTTTACAAGTCTAATTCTAGGGTATAGCGTTTACCATTGACGTCGTTTCGTTACCCCTCG 700

CCGTCAAAGCCGTGAACCACCACCAATCTTTGTGCTACCGTCAAAGCTTACAGTCTACCGTCAAGCTG

710 720 730 740 750 760 770

Hs-0 ----- 377
 Alc-0 CCGTCAAAGCCGTGAACCACCACCAATCTTTGTGCTACCGT-----ACCGTCAAGCTG 595
 MNF-Che_2 CCGTCAAAGCCGTGAACCACCACCAATCTTTGTGCTACCGTCAAAGCTTACAGTCTACCGTCAAGCTG 769
 Col-0 CCGTCAAAGCCGTGAACCACCACCAATCTTTGTGCTACCGTCAAAGCTTACAGTCTACCGTCAAGCTG 770
 T1110 CCGTCAAAGCCGTGAACCACCACCAATCTTTGTGCTACCGTCAAAGCTTACAGTCTACCGTCAAGCTG 770
 Gr-5 CCGTCAAAGCCGTGAACCACCACCAATCTTTGTGCTACCGTCAAAGCTTACAGTCTACCGTCAAGCTG 770

CAAATCCACTATCTAAGCCATATATCTCTGAATGTCAAAGAACTTAAAATTGAATCAGAGATGGGGAT

780 790 800 810 820 830 840

Hs-0 ----- 377
 Alc-0 CAAATCCACTATCTAAGCCATATATCTCTGAATGTCAAAGAACTTAAAATTGAATCAGAGATGGGGAT 665
 MNF-Che_2 CAAGTCCACTATCTAAGCCATATATCTCTGAATGTCAAAGAACTTAAAATTGAATCAGAGATGGGGAT 839
 Col-0 CAAATCCACTATCTAAGCCATATATCTCTGAATGTCAAAGAACTTAAAATTGAATCAGAGATGGGGAT 840
 T1110 CAAGTCCACTATCTAAGCCATATATCTCTGAATGTCAAAGAACTTAAAATTGAATCAGAGATGGGGAT 840
 Gr-5 CAAATCCACTATCTAAGCCATATATCTCTGAATGTCAAAGAACTTAAAATTGAATCAGAGATGGGGAT 840

GCATTTTTTAGAAGATAAACGCATTCTTTTCACCTCATTCTCAACTCCAGCTCATAGTTTAAGGGCAAAA
 850 860 870 880 890 900 910

Hs-0 377
 Alc-0 735
 MNF-Che_2 909
 Col-0 910
 T1110 910
 Gr-5 910

ATGTCCGTAACAATGAAAATTGGAGTTATTATATGCTTTTACTGTTGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX
 920 930 940 950 960 970 980

Hs-0 377
 Alc-0 771
 MNF-Che_2 979
 Col-0 980
 T1110 958
 Gr-5 980

XXGAGTAGAAGAACTTACA
 990 1000 1010 1020 1030 1040 1050

Hs-0 377
 Alc-0 771
 MNF-Che_2 1049
 Col-0 1050
 T1110 974
 Gr-5 1050

TGGGAAAAAATAGAAXCTCGTGCTCTTGCCTTCTTACCAAGACAATCAGCACGGACATTGTTTAGAGTXX
 1060 1070 1080 1090 1100 1110 1120

Hs-0 377
 Alc-0 771
 MNF-Che_2 1119
 Col-0 1120
 T1110 1044
 Gr-5 1120

CTGTTTTGAAAGAAATGTTTTCAAAATGCTTGTTTAGAATATAAGCTCTATATAGTATACCTACACATGT
 1130 1140 1150 1160 1170 1180 1190

Hs-0 377
 Alc-0 771
 MNF-Che_2 1189
 Col-0 1190
 T1110 1114
 Gr-5 1190

TATCGTGGGTCCAAATAGAAGAGAAAAACTATATTTAAAAAATTTAAAATTATATGAGATATTTATTTTCA
 1200 1210 1220 1230 1240 1250 1260

Hs-0 394
 Alc-0 771
 MNF-Che_2 1259
 Col-0 1260
 T1110 1184
 Gr-5 1260

ATGAAAAGGAAAAAATAAAAAATAAAGAAGGAAAAAATATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTXXGC

1270 1280 1290 1300 1310 1320 1330

Hs-0 ATGAAAAGGAAAAAATAAAAAATAAAGAAGGAAAAAATATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTATGC 464
Alc-0 -----AAAAAAAAATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTATGC 808
MNF-Che_2 ATGAAAAGGAAAAAATAAAAAATAAAGAAGGAAAAAATATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTATGC 1329
Col-0 ATGAAAAGGAGAAAAAATAAAAAATAAAGAAGGAAAAAATATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTGGC 1330
T1110 ATGAAAAGGAAAAAATAAAAAATAAAGAAGGAAAAAATATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTGGC 1254
Gr-5 ATGAAAAGGAGAAAAAATAAAAAATAAAGAAGGAAAAAATATAAAGTTTCCTTTCCCTCTCGTTCGTGGC 1330

TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG

1340 1350 1360 1370 1380 1390 1400

Hs-0 TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG 534
Alc-0 TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG 878
MNF-Che_2 TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG 1399
Col-0 TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG 1400
T1110 TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG 1324
Gr-5 TTTGCCTTCCCAGAGAGAAAGATAAGATTTGGTTTTGCATTCCTTCTCTCTCGCCGCTCTCAATATG 1400

CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTTGTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC

1410 1420 1430 1440 1450 1460 1470

Hs-0 CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTT-GTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC 603
Alc-0 CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTTGTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC 948
MNF-Che_2 CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTT-GTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC 1468
Col-0 CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTTGTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC 1470
T1110 CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTTGTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC 1394
Gr-5 CTTCGATTTCTATTCTCCTCTTCTGATTTGTCTTCTTCTTTGCTGCGGAGAGATTAAGGAACC 1470

CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT

1480 1490 1500 1510 1520 1530 1540

Hs-0 CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT 673
Alc-0 CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT 1018
MNF-Che_2 CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT 1538
Col-0 CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT 1540
T1110 CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT 1464
Gr-5 CAAGGGTTTTAAGCAAGAGACGCGGCGAGGAAGCTATCCAGAACTCTCTGAAACATCCATTCTTTTTTCT 1540

CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGTAACCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATTATGGATTTAAT


1550 1560 1570 1580 1590 1600 1610

Hs-0 CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGGAGTCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATAATGGATTTAAT 743
Alc-0 CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGTAACCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATAATGGATTTAAT 1088
MNF-Che_2 CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGGAGTCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATTATGGATTTAAT 1608
Col-0 CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGTAACCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATTATGGATTTAAT 1610
T1110 CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGTAACCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATTATGGATTTAAT 1534
Gr-5 CATGGACGTAGTGTGGCCGAAACTGCCGTGGTAACCGGTGGTTTCGGTTATCGGAGATTATGGATTTAAT 1610

GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCTCTT

1620 1630 1640 1650 1660 1670 1680

Hs-0 GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCTCTT 813
Alc-0 GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCTCTT 1158
MNF-Che_2 GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCTCTT 1678
Col-0 GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCTCTT 1680
T1110 GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCCCTT 1604
Gr-5 GTGGATCCTTTTCTCGTTGAGGCGTTGCACAACCTCTCGCCATCGTCTCACGAGTATGCTCCGTTTCTCTT 1680



 CTTTTTTXGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG

 1690 1700 1710 1720 1730 1740 1750

 Hs-0 CTTTTTTGGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG 883


 Alc-0 CTTTTTTGGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG 1228

 MNF-Che_2 CTTTTTTGGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG 1748

 Col-0 CTTTTTTGGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG 1750

 T1110 CTTTTTTGGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG 1674

 Gr-5 CTTTTTTGGTTCTCTGATTTCGTGTCGTTAACCTTATTTCTGAAATTAGAGCTGATTTTTGTCATCTG 1750



 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA

 1760 1770 1780 1790 1800 1810 1820

 Hs-0 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA 953


 Alc-0 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA 1298

 MNF-Che_2 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA 1818

 Col-0 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA 1820

 T1110 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA 1744

 Gr-5 GATTAACAAATTTGAAATTTTGATTGGTGGTCTTATCTGAATTTAGCTGGGTATAGTTAGGTTAATTTAA 1820



 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC

 1830 1840 1850 1860 1870 1880 1890

 Hs-0 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC 1021


 Alc-0 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC 1368

 MNF-Che_2 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC 1886

 Col-0 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC 1890

 T1110 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC 1814

 Gr-5 CCGCAATTTGGGGATTTGGGTTTCTCAGGAAGTGGCTCTCTTCTTAGATTTGCGATTATGTTGATGCC 1890



 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCTGCACTGTATTATCCATGGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA

 1900 1910 1920 1930 1940 1950 1960

 Hs-0 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCTGCACTGTATTAT---GGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA 1087


 Alc-0 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCTGCACTGTATTATCCATGGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA 1438

 MNF-Che_2 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCTGCACTGGTTTATCCATGGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA 1956

 Col-0 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCTGCACTGTATTATCCATGGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA 1960

 T1110 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCGGCAGTATTATCCATGGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA 1884

 Gr-5 ATGCTGAATTTAGCTCTCTTCTCTGCACTGTATTATCCATGGTTAATGTTATCAAAGATGTAACTTTTA 1960



 TTCTGTCCATGGTGTTCAACATTTATAGTTGCTTACCTTTTGTGTGGTTTATGTGGAAGTCTTGTGGTA

 1970 1980 1990 2000 2010 2020 2030

 Hs-0 TTCTGTCCATGGTGTTCAACATTTATAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTT-ATGTAGAAGTCTTGTGGTA 1156

 Alc-0 TTCTGTCCATGGTGTTCAACATTTATAGTTGCTTACCTTTTGTGTGGTTTATGTGGAAGTCTTGTGGTA 1508

 MNF-Che_2 TTCTATCCATGGTGTTCAACATTTATAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTT-ATGTAGAAGTCTTGTGGTA 2025

 Col-0 TTCTGTCCATGGTGTTCAACATTTATAGTTGCTTACCTTTTGTGTGGTTTATGTGGAAGTCTTGTGGTA 2030

 T1110 TTCTGTCCATGGTGTTCAACATTTATAGTTGCTTACCTTTTGTGTGGTTTATGTGGAAGTCTTGTGGTA 1954

 Gr-5 TTCTGTCCATGGTGTTCAACATTTATAGTTGCTTACCTTTTGTGTGGTTTATGTGGAAGTCTTGTGGTA 2030



 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAA-CTGCCTGTGGTGTGTCC

 2040 2050 2060 2070 2080 2090 2100

 Hs-0 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAACTGCCTGTGGTGTGTCC 1226

 Alc-0 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAA-CTGCCTGTGGTGTGTCC 1577

 MNF-Che_2 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAA-CTGCCTGTGGTGTGTCC 2094

 Col-0 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAA-CTGCCTGTGGTGTGTCC 2099

 T1110 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAA-CTGCCTGTGGTGTGTCC 2023

 Gr-5 CATATATCTCCTTTATCTGGTAGTAGCTTAGCTTTTGTGTGGTTGTGTGGAA-CTGCCTGTGGTGTGTCC 2099

TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG
 2110 2120 2130 2140 2150 2160 2170

Hs-0 TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG 1296
 Alc-0 TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG 1647
 MNF-Che_2 TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG 2164
 Col-0 TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG 2169
 T1110 TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG 2093
 Gr-5 TGGCTTTTGTGTTTCTTGCTACTGTAACCTAAGCCTTTGTTTTGTTTCTCTTGTGTTAGTTTTGCGG 2169

ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA
 2180 2190 2200 2210 2220 2230 2240

Hs-0 ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA 1366
 Alc-0 ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA 1717
 MNF-Che_2 ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA 2234
 Col-0 ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA 2239
 T1110 ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA 2163
 Gr-5 ATGGAACCTTGATGTTCAAAGGTTGTTGCAGAACCTGAACAGCAGCAGTTTGTAGTTCCAGCATTTCCTA 2239

CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG
 2250 2260 2270 2280 2290 2300 2310

Hs-0 CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG 1436
 Alc-0 CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG 1787
 MNF-Che_2 CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG 2304
 Col-0 CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG 2309
 T1110 CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG 2233
 Gr-5 CTTCGTATCTTCGTCTTGCCAGCCCATCGTGTGCTAACCTATGGGCTAGCTACAGCTGTCCAAGAGAG 2309

TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG
 2320 2330 2340 2350 2360 2370 2380

Hs-0 TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG 1506
 Alc-0 TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG 1857
 MNF-Che_2 TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG 2374
 Col-0 TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG 2379
 T1110 TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG 2303
 Gr-5 TGGTGCTGATGGAAATGAAAACAGAATCCTTGTGACGAAAACCTACAGAGAGCAAATTTCTGCTGTTCCG 2379

TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA
 2390 2400 2410 2420 2430 2440 2450

Hs-0 TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA 1576
 Alc-0 TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA 1927
 MNF-Che_2 TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA 2444
 Col-0 TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA 2449
 T1110 TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA 2373
 Gr-5 TTGTCTGAAATCCCGTGGCTAAACAATCAGAAAATGGTAAGTTTGTAGAGCAXGAAAGTTTCCATCAAGA 2449

CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT
 2460 2470 2480 2490 2500 2510 2520

Hs-0 CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT 1646
 Alc-0 CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT 1997
 MNF-Che_2 CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT 2514
 Col-0 CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT 2519
 T1110 CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT 2443
 Gr-5 CTCGACCTTCTAAAGGATCTGGATATGGCGCTGATGATCTGGAAAAGAAXCGTGGTCCTCTTAGAAGTGT 2519

TGAAGAGAGGAAAGAAGAXTATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTXAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT
 2530 2540 2550 2560 2570 2580 2590
 Hs-0 TGAAGAGAGGAAAGAAGAAATATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTTAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT 1716
 Alc-0 TGAAGAGAGGAAAGAAGAAATATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTTAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT 2067
 MNF-Che_2 TGAAGAGAGGAAAGAAGAAATATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTTAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT 2584
 Col-0 TGAAGAGAGGAAAGAAGAGTATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTCAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT 2589
 T1110 TGAAGAGAGGAAAGAAGAGTATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTCAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT 2513
 Gr-5 TGAAGAGAGGAAAGAAGAGTATGACAAGGCTCGAGAACGCATATTCAGTGGTCTTACTGGTCTTAGTTGT 2589

GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT
 2600 2610 2620 2630 2640 2650 2660
 Hs-0 GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT 1786
 Alc-0 GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT 2137
 MNF-Che_2 GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT 2654
 Col-0 GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT 2659
 T1110 GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT 2583
 Gr-5 GATGACTCTTCATCTGAAACTCAGGTGTATGAGAGGAATGCAAGTCTTAGCAGAGATGACAAGCAAGTAT 2659

CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAXAAGAACTTAAGCCTCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC
 2670 2680 2690 2700 2710 2720 2730
 Hs-0 CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAAAAGA AACTTAAGCCTCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC 1856
 Alc-0 CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAAAAGA AACTTAAGCCTCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC 2207
 MNF-Che_2 CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAAAAGA AACTTAAGCCTCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC 2724
 Col-0 CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAGAAGA AACTTAAGCATCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC 2729
 T1110 CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAGAAGA AACTTAAGCATCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC 2653
 Gr-5 CTAAGAATGCTTACGTTGAGGTCAAGAAGA AACTTAAGCATCAGGGAAAGTGGTCCAACATCTCGTGTTGC 2729

AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT
 2740 2750 2760 2770 2780 2790 2800
 Hs-0 AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT 1926
 Alc-0 AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT 2277
 MNF-Che_2 AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT 2794
 Col-0 AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT 2799
 T1110 AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT 2723
 Gr-5 AATATTTAGAGACAGAGAGAAAGATCGGTTTGACCCTGATTATGACCGCAGACACCAAAGGTGAGTAACT 2799

CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA
 2810 2820 2830 2840 2850 2860 2870
 Hs-0 CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA 1996
 Alc-0 CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA 2347
 MNF-Che_2 CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA 2864
 Col-0 CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA 2869
 T1110 CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA 2793
 Gr-5 CAGCTGTTAGTTTACTGGCTAAACCATTACTATACTAGCGAAAAAGTTTCATACATGATGGTTGATGATA 2869

ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA
 2880 2890 2900 2910 2920 2930 2940
 Hs-0 ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA 2066
 Alc-0 ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA 2417
 MNF-Che_2 ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA 2934
 Col-0 ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA 2939
 T1110 ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA 2863
 Gr-5 ATTGTGTGTGTCAATGCAGGTACATTAGGAGCCTTCCGGTGAATCAGAACTTCAATCTACCACCCTTCAA 2939

CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT

2950 2960 2970 2980 2990 3000 3010

Hs-0 CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT 2136
 Alc-0 CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT 2487
 MNF-Che_2 CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT 3004
 Col-0 CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT 3009
 T1110 CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT 2933
 Gr-5 CATTCAGCAAATACCGACACCATACTACGAAATGGGATTCACTGGATATAACCAAATTC AAGTCCTCTCT 3009

GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT

3020 3030 3040 3050 3060 3070 3080

Hs-0 GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT 2206
 Alc-0 GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT 2557
 MNF-Che_2 GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT 3074
 Col-0 GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT 3079
 T1110 GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT 3003
 Gr-5 GCTCCTCTTGGCTTCGGACCACATCCTAGCTCAATCATGAGTCCCTATGGCACCACAATGGATGCAATGT 3079

ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA

3090 3100 3110 3120 3130 3140 3150

Hs-0 ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA 2276
 Alc-0 ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA 2627
 MNF-Che_2 ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA 3144
 Col-0 ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA 3149
 T1110 ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA 3073
 Gr-5 ATATGCATTGGCCTAATGCAGCTATGATGTATGCTCATCCGTATGAGCAGTTCAGGAATGGCTCTCTTCA 3149

GGTAAATAACATTXXTCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG

3160 3170 3180 3190 3200 3210 3220

Hs-0 GGTAAATAACATTXXXXCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG 2344
 Alc-0 GGTAAATAACATTXXXXCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG 2697
 MNF-Che_2 GGTAAATAACATTXXXXCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG 3212
 Col-0 GGTAAATAACATTGATCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG 3219
 T1110 GGTAAATAACATTGATCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG 3143
 Gr-5 GGTAAATAACATTGATCCTTTTTACTCTCTTTGAGCGATCATGGAATAAAAACTTTTGTCCAAATATAAG 3219

GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA

3230 3240 3250 3260 3270 3280 3290

Hs-0 GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA 2414
 Alc-0 GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA 2767
 MNF-Che_2 GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA 3282
 Col-0 GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA 3289
 T1110 GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA 3213
 Gr-5 GACCATATATTGAAATTTTTTACCCACATGTTTAATATATACTTATGCATAGCTGAGAACTCXTTAAGA 3289

GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT

3300 3310 3320 3330 3340 3350 3360

Hs-0 GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT 2483
 Alc-0 GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT 2837
 MNF-Che_2 GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT 3351
 Col-0 GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT 3359
 T1110 GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT 3283
 Gr-5 GAAATGGATTCTATTA AAAACTCTTCCAAAACAAATGAAAAAGCAATTGAXTTGGTTTGGTGCATTGTT 3359

TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT
 3370 3380 3390 3400 3410 3420 3430

Hs-0 TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT 2553
 Alc-0 TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT 2907
 MNF-Che_2 TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT 3421
 Col-0 TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT 3429
 T1110 TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT 3353
 Gr-5 TCCAATGATTGTCTGAAAGCAGTTGTAACCTGTTTCTCCAGGCACAGTTCGTTCAACAACCCCTTGAGCTT 3429

CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG
 3440 3450 3460 3470 3480 3490 3500

Hs-0 CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG 2623
 Alc-0 CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG 2977
 MNF-Che_2 CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG 3491
 Col-0 CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG 3499
 T1110 CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG 3423
 Gr-5 CGACTACATGCAGAACCCTAGGTGCTTGCCTCTTTGTCGATCTTTATCTCTGTTTACCATTTCTTTTTG 3499

■
 T
 T

Hs-0 T 2624
 Alc-0 T 2978
 MNF-Che_2 T 3492
 Col-0 T 3500
 T1110 T 3424
 Gr-5 T 3500