



รายงานผลการวิจัย มหาวิทยาลัยแม่โจ้

เรื่อง

การศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการใช้
อาหารโค

Analysis of rumen bacteria to improve cattle feed efficiency

โดย

ปิยะนุช เนียมทรัพย์ แสงทอง พงษ์เจริญกิต ปราโมช ศีตะโกเศศ

2553



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

การวิจัยครั้งนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี จากความอนุเคราะห์อุปกรณ์และเครื่องมือในสาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ 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

(๑)

สารบัญตาราง

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

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 จากแบคทีเรียในกระเพาะ รูเมน (แต่ละโคลนแสดงโดยใช้อักษร RB ตามด้วยเลขที่โคลน) ใช้ ลำดับเบสของ <i>Aspergillus nigers</i> เป็นกลุ่ม Outgroup for rooting tree และเลขที่แสดงบนกิ่ง (%) มาจาก 1000 bootstrap tree	29

คำนำ (Introduction)

จากแผนพัฒนาเศรษฐกิจและสังคมแห่งชาติได้มีการส่งเสริมให้เกษตรกรได้เพิ่มการเลี้ยงโคให้มากขึ้นเพื่อลดพื้นที่การเพาะปลูกพืชไร่บางชนิดที่มีปัญหาเรื่องผลผลิตและราคาตกต่ำ จากการส่งเสริมอาชีพโคดังกล่าวได้มีการรณรงค์และสนับสนุนให้ประชาชนบริโภคน้ำนมเพิ่มมากขึ้นด้วย ดังนั้นน้ำนมดิบที่จะผลิตเป็นน้ำนมพร้อมดื่มจึงต้องมีคุณภาพดี อย่างไรก็ตามการผลิตน้ำนมในประเทศไทยในปัจจุบันนั้น มีต้นทุนสูงโดยเฉพาะต้นทุนอาหารซึ่งสูงถึง 70-80% ของต้นทุนการผลิตทั้งหมด ดังนั้นผู้ทางต่างๆ ทั้งการผลิตอาหารในฟาร์มโดยเกษตรกรการผสมอาหารที่มีต้นทุนต่ำ ตลอดจนการใช้ประโยชน์อย่างมีประสิทธิภาพ จะเป็นช่องทางที่สำคัญในการลดต้นทุนการผลิตและเพิ่มผลผลิตน้ำนม โดยเฉพาะในระดับเกษตรกรรายย่อย ซึ่งมีปัจจัยสำคัญที่เกี่ยวข้องคือสุขภาพแม่โคและการจัดการฟาร์ม โดยในจังหวัดเชียงใหม่เป็นจังหวัดที่มีประวัติการเลี้ยงโคมายาวนาน ดังจะเห็นได้จากการจัดตั้งสถานีวิจัยผสมพันธุ์เทียมขึ้นที่จังหวัดเชียงใหม่ และการเลี้ยงโคในจังหวัดเชียงใหม่ได้มีการพัฒนาและเจริญก้าวหน้ามาอย่างต่อเนื่อง เพราะการเลี้ยงโคเป็นอาชีพที่ก่อให้เกิดรายได้ดีและมีความมั่นคง ทำให้อาชีพการเลี้ยงโคในเชียงใหม่ได้รับความนิยมมากกว่าการทำเกษตรในด้านอื่น ๆ

โดยปัจจุบันมีรายงานว่าได้มีการเลี้ยงโคเพิ่มสูงขึ้น แต่ผลผลิตของเนื้อวัวและความสามารถในการผลิตน้ำนมของแม่โคยังไม่มีประสิทธิภาพ สาเหตุสำคัญส่วนใหญ่ นอกจากปัญหาด้านพันธุโคแล้ว การจัดการอาหารโคในระยะต่าง ๆ นับยังเป็นปัญหาสำคัญอย่างยิ่ง ในอดีตการศึกษาชนิดของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนนั้นทำได้ยาก 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

โครงการวิจัยการศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการให้อาหารโค เป็นโครงการวิจัยที่มุ่งเน้นศึกษาถึงการศึกษานิเวศวิทยาของแบคทีเรียในรูเมนโดยวิธีทางด้านชีววิทยา ในการหาลำดับเบสของยีนส่วน 16S rRNA และนำข้อมูลที่ได้มาใช้ในการในการออกแบบ 16S rDNA probes เพื่อนำไปใช้ในการตรวจสอบกลุ่มของแบคทีเรียที่มีอยู่จริงในกระเพาะรูเมนโดยเทคนิค *Fluorescent in situ Hybridization (FISH)* โดยจะสามารถทำการศึกษาบทบาทและติดตามการเปลี่ยนแปลงของจำนวนประชากรแบคทีเรียที่สำคัญในกระเพาะรูเมนได้อย่างมีประสิทธิภาพ เนื่องจากการศึกษาชนิดของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนนั้นทำได้ยาก ซึ่งการอาศัยกระบวนการเพาะเลี้ยงมีข้อจำกัดในการตรวจสอบ เพราะแบคทีเรียบางชนิดไม่สามารถเพาะเลี้ยงได้ หากเพาะเลี้ยงได้ก็ใช้เวลานานและเกิดความผิดพลาดในการตรวจสอบได้ง่ายเนื่องจากเชื้อบางชนิดมีคุณลักษณะใกล้เคียงกัน โดยจากการทดลองการให้อาหารหยাবและอาหารข้นในสัดส่วนที่แตกต่างกัน จะทำให้สามารถทราบถึงระดับความต้องการทางโภชนาที่จำเป็นที่มีผลต่อแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนในการเพิ่มประสิทธิภาพการให้อาหารของโค 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 ซึ่งสารแบคทีเรียโอซินสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการถนอมอาหารและป้องกันการเกิดโรคด้านมออักเสบได้อีกด้วย 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. สามารถทราบถึงระดับความต้องการทางโภชนาที่จำเป็นที่มีผลต่อจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมนในการเพิ่มประสิทธิภาพการใช้อาหารของโค
3. ได้องค์ความรู้ใหม่ในด้านอาหารของโค ได้สูตรอาหารที่มีประสิทธิภาพที่สามารถแนะนำให้แก่เกษตรกรและบริษัทผู้ผลิตอาหารสัตว์ได้

การตรวจเอกสาร (Literature review)

1. ระบบการย่อยอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้อง (เทอดชัย, 2548)

กระเพาะสัตว์เคี้ยวเอื้องแบ่งได้เป็น 4 ส่วนด้วยกัน โดยมีสัดส่วนขนาดส่วนต่างๆ ในขณะที่ยังมีชีวิตโตเต็มที่ เรียงตามลำดับจากส่วนหน้าไปยังส่วนท้ายดังต่อไปนี้ ส่วนที่ 1 Reticulum หรือที่เรียกว่า รังผึ้ง มีขนาดประมาณ 5 เปอร์เซ็นต์ของเนื้อเยื่อกระเพาะรวมกันทั้งหมด ส่วนที่ 2 Rumen หรือที่เรียกว่า ผ้าขี้ริ้ว 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 ในแต่ละชนิดก็มีลักษณะที่แตกต่างกันแต่จุลินทรีย์บางชนิดก็มีความคล้ายคลึงกันบ้างในบางส่วน 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) พวกนี้พียงจะพบเมื่อไม่นานมานี้ 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 ozitative 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 อาจมีความจำกัดในการแบ่งแยกชนิดของแบคทีเรีย โดยพิจารณาจากแหล่งพลังงาน เนื่องจากมีแบคทีเรียบางชนิดที่มีจำนวนค่อนข้างมากที่สามารถใช้พลังงานจากพลังงานหลายๆแหล่งทดแทนกัน

ระดับของ pH ที่ยับยั้งการเจริญเติบโต การศึกษาด้านนี้กระทำลำบาก

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 โดยแบคทีเรียประเภทนี้ชนิดใดชนิดหนึ่งตามลำพังจะกระทำได้ช้า แต่ถ้ามีแบคทีเรียประเภทอื่นหลายประเภทนี้หลายชนิดร่วมกัน จะสามารถย่อย Cellulose ได้ดีกว่า ทั้งนี้อาจจะเนื่องจากว่า 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 จะทำให้เกิดการขาดน้ำตาลซึ่งเป็นอาหารของแบคทีเรียประเภทนี้ จะมีผลทำให้แบคทีเรียประเภทนี้ลดจำนวนลงได้ cellobiose อาจจะเป็นแหล่งพลังงานชนิดหนึ่งของแบคทีเรียประเภทนี้ เนื่องจากปรากฏว่ามีแบคทีเรียบางชนิด ย่อย cellobiose ไม่ได้ แต่สามารถผลิตเอนไซม์ β -glucosidase ที่ใช้ย่อย cellobiose ได้ ในลูกสัตว์เคี้ยวเอื้องที่อายุน้อยจะพบแบคทีเรียที่ย่อย Lactose ได้เป็นจำนวนมากในกระเพาะรูเมน

5. แบคทีเรียที่ใช้กรด (Bacteria utilizing acid) ตามปกติจะมีแบคทีเรียประเภทนี้ เช่น แบคทีเรียที่ใช้กรด lactic อยู่เล็กน้อยในกระเพาะรูเมน 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 *Bacteroides 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 ซึ่งประเทศไทยเป็นประเทศในเขตร้อนชื้นด้วยความร้อนที่ผลิตในร่างกายโคนมจากการได้รับโภชนาที่ไม่สมดุลย์ 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 ในความเข้มข้นที่แตกต่างกัน 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 ผงยูนอะกาโรส (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

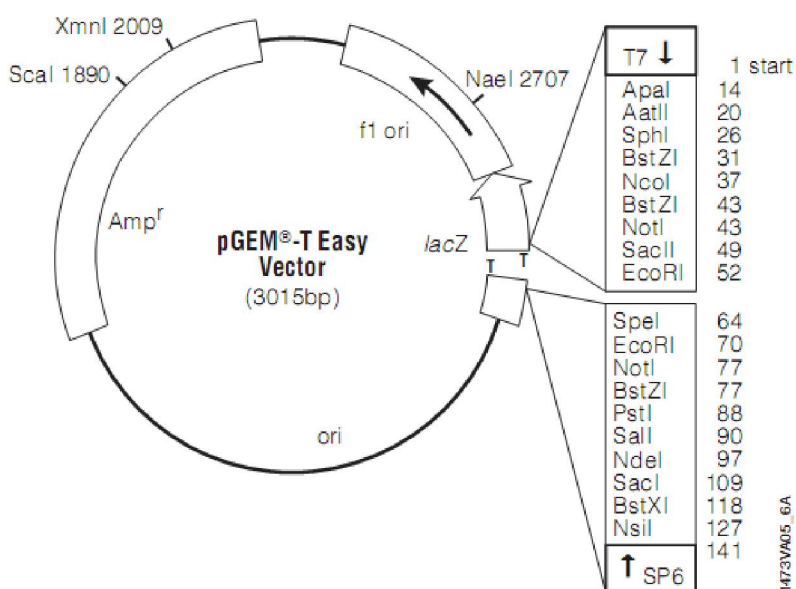
ใช้ดีเอ็นเอที่สกัดได้จากข้อ 1 เป็นแม่พิมพ์ในการทำ polymerase chain reaction (PCR) ด้วยไพรเมอร์ 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') และ 1522R (5'-AAGGAGGTGATC CARCCGCA-3') ที่ออกแบบจากยีนส่วน 16S rRNA ของแบคทีเรีย โดย GoTaq Green Master Mix (Promega) โดยใช้อุณหภูมิ 95 °C นาน 30 วินาที 50 °C นาน 30 วินาที และ 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

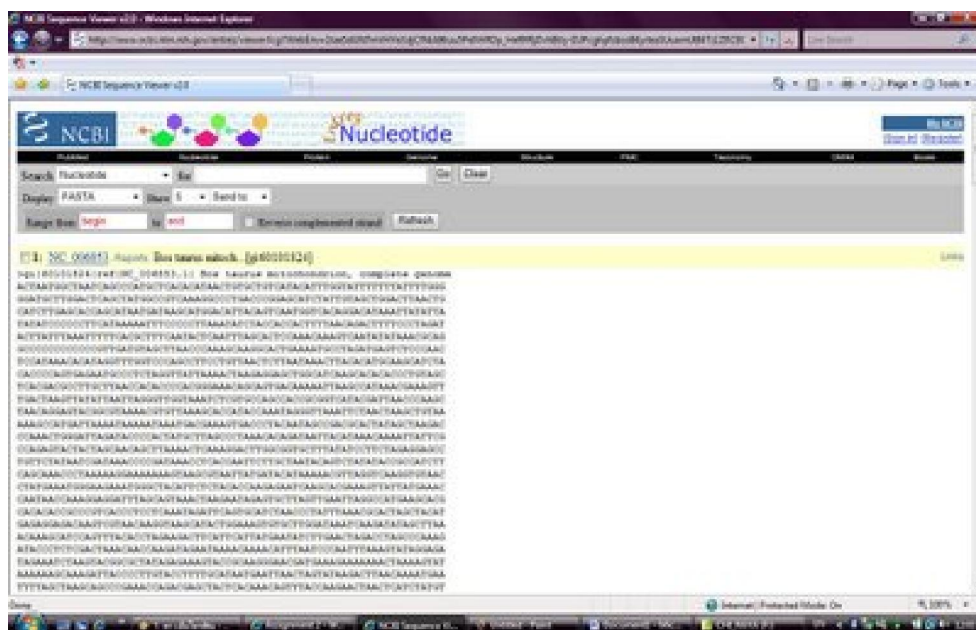
เลือกโคโลนีสีขาวมาเพาะเลี้ยงในอาหารเหลว LB ที่มียาปฏิชีวนะแอมพิซิลิน 100 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 1 คืนที่อุณหภูมิ 37 °C จากนั้นเก็บเซลล์มาสกัดดีเอ็นเอด้วยชุดสกัดสำเร็จรูป NucleoSpin Plasmid kit ด้วยวิธีการตามชุดสำเร็จรูป จากนั้นวิเคราะห์ดีเอ็นเอที่สกัดได้โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะและ 1% agarose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

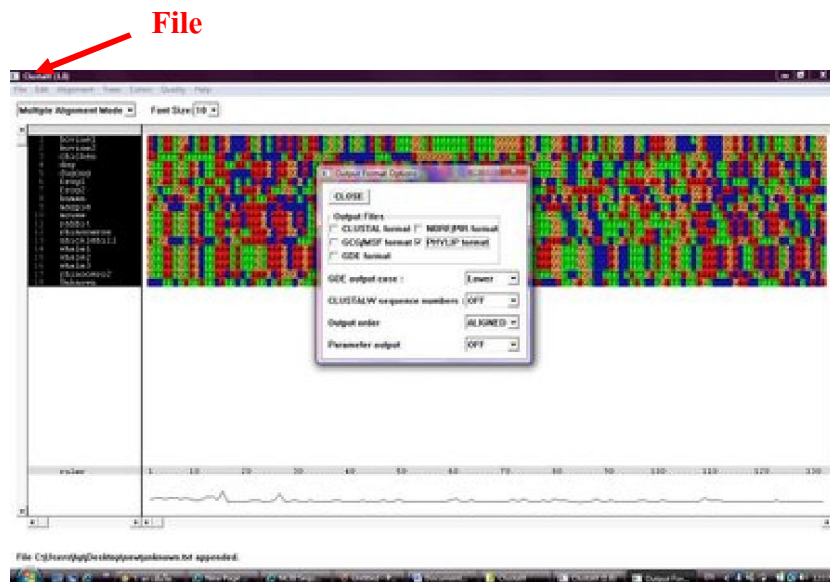
คลิกที่ File → เลือก Load sequence → ทำการเลือก file sequence → Open

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



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 seqboot 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

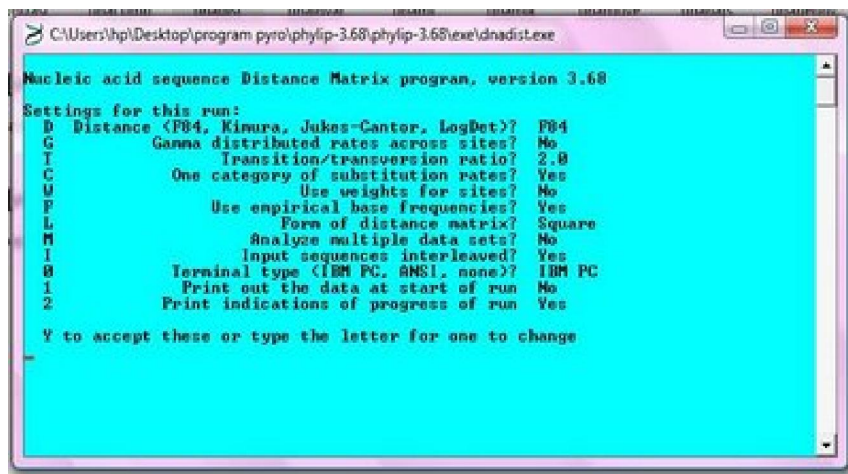
5.2) เปลี่ยนค่า Form matrix จาก Square เป็น Lower-triangular → กด L แล้ว Enter

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 เพื่อเข้าสู่การวิเคราะห์การเชื่อมโยงความคล้ายความต่างของลำดับ DNA ที่ได้จากการวิเคราะห์ genetic distance โดยเปลี่ยนค่าก่อนการวิเคราะห์ดังนี้

Outgroup กด O → “.....”

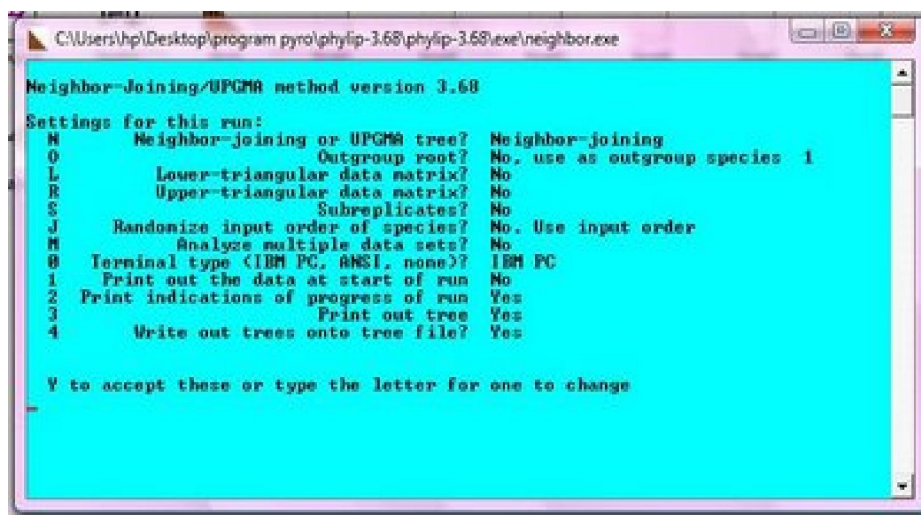
Lower- triangular data matrix กด L → Yes

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

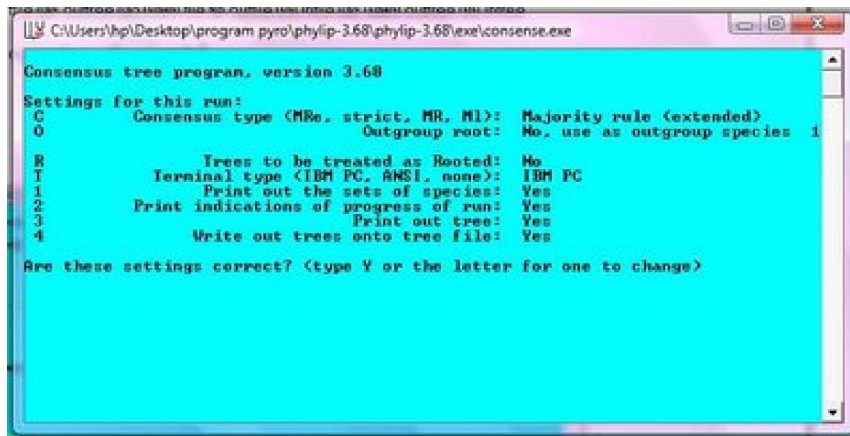


ภาพ 5 แสดงการตั้งค่าโปรแกรม Neighbor-Joining

7.คลิกเลือก consensus ดังแสดงในภาพที่ 6 เพื่อการสร้าง Phylogeny Tree เปลี่ยนแปลงค่าดังนี้

Outgroup กด O → “.....”

Click “Y” to accept

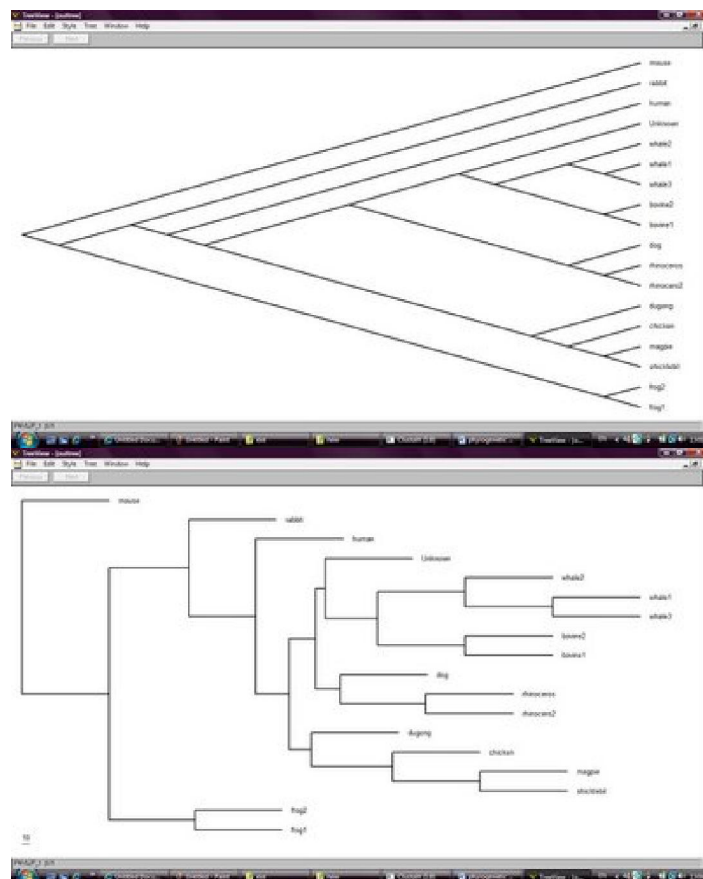


ภาพ 6 แสดงการตั้งค่าโปรแกรม Consensus

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 ได้อย่างชัดเจน



ภาพ 7 ภาพที่ได้จากโปรแกรม Tree view

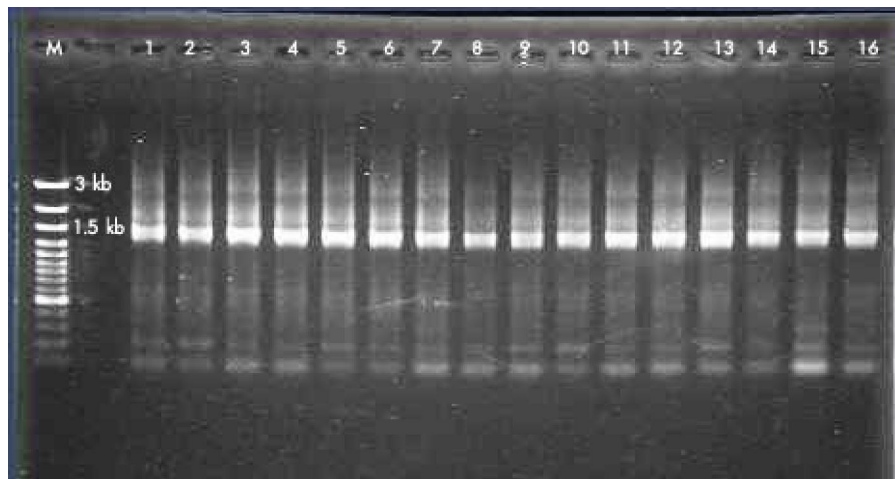
ผลการทดลองและวิจารณ์ (Results and Discussion)

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 ที่เป็นการคัดเลือกจากขนาดพบว่าดีเอ็นเอสายผสมทั้งหมด 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 7 และ 16 เป็นตัวอย่างดีเอ็นเอที่ 11



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

โดยที่ DNA marker คือ 1 kb ladder plus (Fermentas) โคโลนี 1.a-1.j และ 2.a – e เป็นดีเอ็นเอที่สกัดได้จากโคโลนีสีขาวที่ผ่านการตัดด้วย *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_I07 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	LGCGPB	Uncultured bacterium clone NED5E9 16S ribosomal RNA gene (EF445270)	91
RB59	LGCGPB	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	LGCGPB	Uncultured rumen bacterium clone YRC26 16S ribosomal RNA (EU259402)	99
RB65	LGCGPB	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	LGCGPB	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 , LGCGPB คือ low G+C Gram-positive Bacteria, CFB คือ Cytophaga-Flexibacteria-Bacteroides, URB1,2,3 คือ Uncultured bacterium groups1,2,3

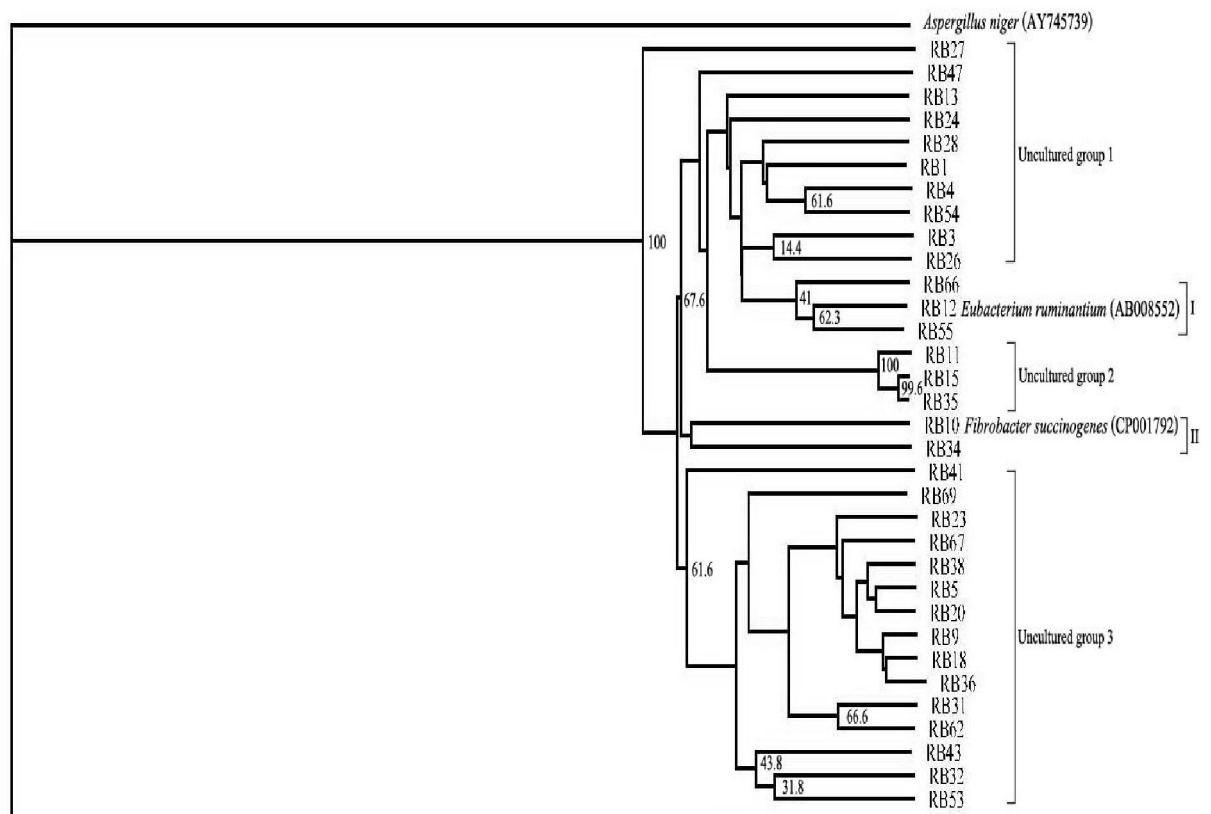
ตาราง 2 แสดงผลการสรุป 16S rRNA gene clone ในกระเพาะรูเมนของโค

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

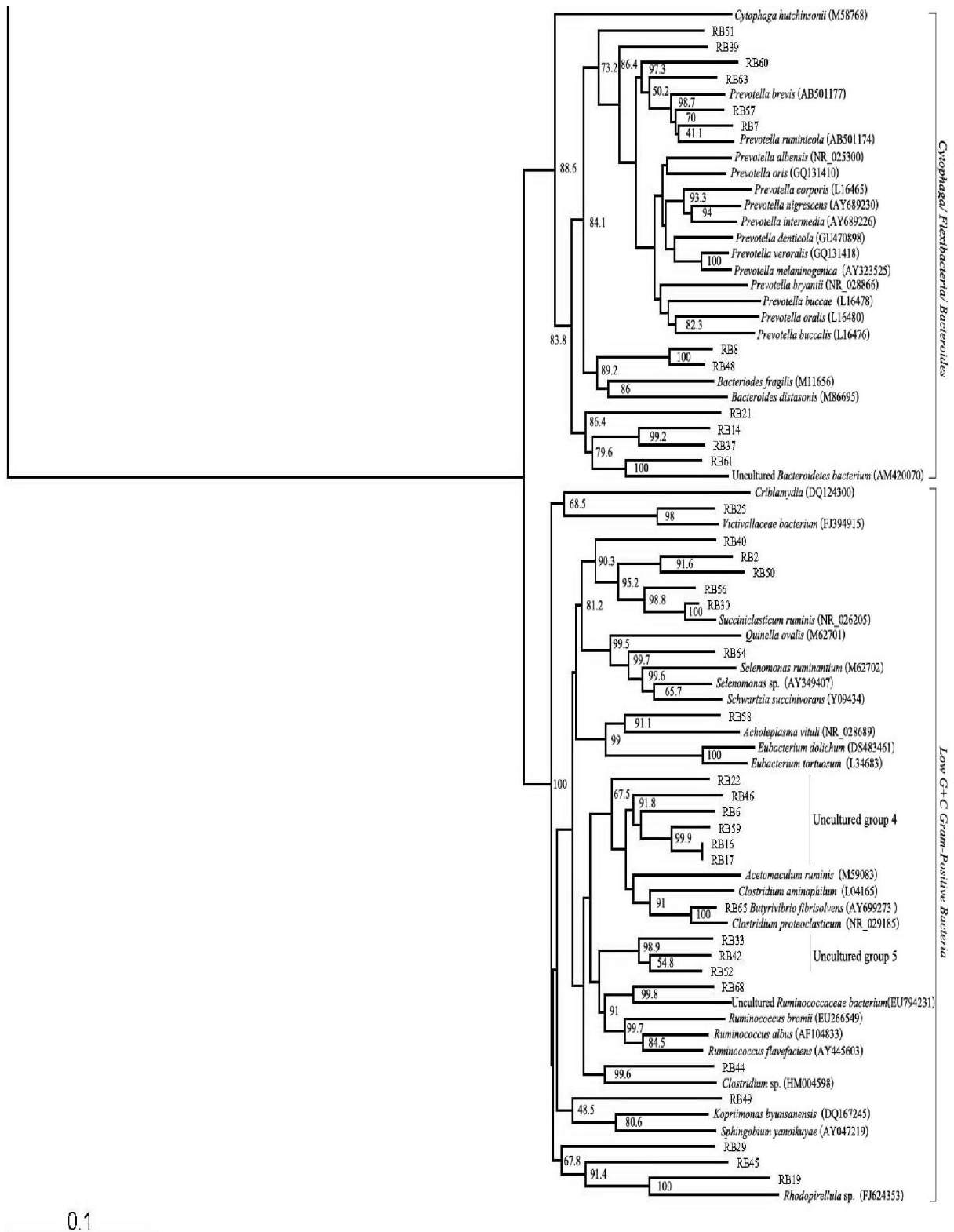
2. ผลการทำ Phylogenetic Tree ของลำดับเบสจากของเหลวในกระเพาะรูเมนโค

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 ก็พบว่ามีย่อยกลุ่มของ Uncultured groups อยู่จำนวน 5 กลุ่ม ซึ่ง 3 กลุ่มแรกจะเป็น phylum โดยไม่ทราบชื่อแบคทีเรีย ซึ่ง Uncultured groups 3 เป็น Phylum ที่มีแบคทีเรียจำนวนโคลนของแบคทีเรียในรูเมนมากรองจาก 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



0.1

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)

จากผลการศึกษาแบคทีเรียในของเหลวกระเพาะรูเมนโดยใช้ยีนส่วน 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 เวียร์ศิลป์. 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'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCAGTCGCCAATCCTA
CCTTCGGCAGCGCTCTCCTTGCAGTTGAACTACTGACTTCGGGTATTACCGGCTCCCATGGTGTGACGGGC
GGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCAATTCGGACTTCAT
GCAGGCGGGTTGCAGCTTGCAATCTGAACTGGGACCGCTTTTAGGGGTTTGCTCCACATCGCTGTTTCGCTT
CCCTCTGTTTACGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTGCTCCC
CACCTTCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCCTATTAGAGTGCTCTTGCGTAGCAACTAATAGCAAGGGTTGCGC
TCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTTCGTGTCC
CGAAGGAAACATCCATCTCTGGATGCGTCACTCGATGTCAAGACCTGGCAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAA
TTAAACCACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGCCGTACTCC
CCAGGTGGATTACTTATTGTGTTAACTGCGGCACGGATGGGGTCAGTCCACCCACACCTAGTAATCATCGTTT
ACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTACCCACGCTTTCTGTCCTGAGCGTCAGTTAAAGCC
CAGCAGGCCCGCCTTCGCCACTGGTGTTCTCCCTATCTCTACGCATTTACCGCTACACAGGGAAATTCGCC
TGCTCTACTTCACTCAAGCCTGACAGTTTCAAGTGCAAGTTCATGGGTTGAGCCCATGGATTTCACACCTGAC
TTGCCAAGCCGCTACGCACCCCTTACACCCAGTAAATCCGGACAACGCTTGCTCCCTACGTATTACCGCGG
CTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGAGCTTATTACATAAGGTACCGTCTTAGTTCGTCCCTTATANAAGGAGTTTAC
AATCCGAAAGCCGTCATCTCCACGCGGCGTTGCTGCGTCAGGGTTTCCCCCATGGCGCAATATCCCCAC
TGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTCAACCTCTCAGTCCGGCTAC
CGATCGTCGCTTGGTGGGCCGTACCTCACCAACTAGCTAATCGGACGCGAGTCCATCTCGAGCAATAA
ATCTTTGGTACATCGATCATGCGGTCAATGTACATTATGCGGTATTAGCGTTCTTTTCAAGACGTTATTCCCCA
CTCGAGGGCAGGTTACTCACGCGTTACTCACCCGTCGCCACTAAGTAAGACAAGGAAATCGAGTAGCAAG
CTACCATCAATCCAGCGTCTTACTCCGTTTCGACTTGCATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTTCGTCTGAGC
CAGGATCAAACCT
CT3'

>RB2

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGGGATTTTG
TTTCGGCAGAATCCTAGTGCGCAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGCCGGGGACAACA
CGCCGAAAGGTGTGCTAATACCGGATACGAAGGATGTACCGCATGGTATATTTTGAAGACGGCCTCTGAA
TGTAAGCTGTGCGCCGGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGTTGGCGGGGTAACGGGCCACCAAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGGACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACG
GGAGGCAGCAGTGGGGAATCTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGGGTGAGGAA
GTTTTTCGGAACGTAAAGCCCTGTTGTTTATGACGAACGGCCCTTCTGTGAACAATGGAGGGGAATGACGGT
AATAGACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCC
GGAATTATTGGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGTAATGTAAGTCTGTGCTGAAACTGCGGGGCTCAGCCCCG
TATGGCGATGGAACCTGGATTACTTGAGTGCAGGAGAGGAAAGGGGAACCTCCAGTGTAGCGGTGAAATGC
GTAGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCCTTTCTGGACTGTGTCTGACGCTGAGATGCGAAAGC
CAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGGTACTAGGTGTGGGAGGT
ATCGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTTAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTGGTTTAATTCGACGCAACGCCGAAGAAC
CTTACCAGGTCTTGACATCGAGTGCAAGGTGTAGAGATACACCCCTCTCTTCGAGACATGAAGACAGGTG
GTGCATGGCTGTGCTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTGCGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTCTC
CAGTTGCCATCAGGTAAAGCTGGGCACTCTGGAGACACTGCCACCGTAAGGTGTGAGGAAGGTGGGGATG
ACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGAGTACAGAGAGTCAACC
GCCGGCAACGTCGGTTTAATCAATAAAGCTCTCCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACCCGACCCCATGAA
GCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCC
CGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTCGGCCTAGGGTGAAACCGGT
GATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB3

5'AAGGAGGTGATCCAACCGCAGGTTCTCTACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCCAATCATTGGCTCTAC
CTTCGACTGCTGCCTCTAAAAGTTAGCTCACAGGCTTCGGGTATTTCCAACCTCTCATGGTGTGACGGGCGGT

GTGTACAAGGCCCGGAACGTATTCACGGCAGTATGCTGACCTGCCATTACTAGCAATTCCGACTTCGTGCA
 GGCGAATTTTCAGCCTGCAGTCCGAAGTGCAGACCGCTTTTTCAGTTTTCGTTTCATATCACTATGTTGCTGCTCTT
 TGTAACGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAAGACATAAAGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTT
 CCTCCGATTTATTACCGGCAGTCTTTCTAGAGTTCCACCATGATGTGCTGGCAACTAGAAATAGGGGTTGCG
 CTCGTTGCAGGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTGTATGAGCT
 CCGAAGAGCTACTTCTATCTCTAAAAGTATTCCTACATATGTCAAGCCTTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCGTC
 GAATTAACACACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCAGGCGGTAC
 TCCCCAGGTGGATGACTTATTGTGTTAACTGCGGCACGGAAGGGTTCAGTCCCCCACACCTAGTCATCATC
 GTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGTGCTCAGCGTCAGTAAA
 GGCCCAGTAAGCCGCCTTCGCCACCGATGTTCTCCTAATATCTACGCATTTACCGCTACACTAGGAATTC
 CGCTTACCTCTATCTCACTCAAGAGCCACAGTTTCAAATGCAGTTTCATGGGTTGAGCCCATACATTTACATCT
 GACTTGCAGCCCCGCCTACGCACCCCTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTTGCCCCCTACGTATTACCG
 CGGCTGCTGGCAGTAGTTAGCCGGGGCTTCTAGTCAGGTACCGTCATTTTCTTCCCTGCTGATAGAGCTTT
 ACATACCGAAATACTTCTTCACTCACGCGGCTCGCTGCATCAGGGTTTCCCCATTGTGCAATATTTCCAC
 TGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTACCCCTCTCAGGCGCGGTAC
 TGATCGTCGCCTTGGTGGGCGGTACCTACCAACTAGCTAATAGCCGCGGGCCGCTCTCTCGGTGTATC
 AAAAGATACTTTCTGTCATGGCCTCTAAATCCATGCAGCGTATTCGGTATTATCTCCTGTTTCCAAGAGCTATC
 CCCATCCAAGAGGTACGTACCCACGCGTTACTACCAAGTCCGCCATTCTAGGATCAGTGCAAGCACCGAT
 CTTGCCATTTCGACTTGCATGCTTAAGACGCGCCGCCAGCGTTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB4

5'AAGGAGGTGATCCAACCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTACGACTTAACCCCAATCATCAGACCCAC
 CTTGCACTGCTGCCCCCTTGCAGTACAGGCTTCGGGTGTTCCGACTTTTCATGGTTTGACGGGCGG
 TGTGTACAAAGCCCCGGAACGTATTCACCGCAGCATGCTGATCTGCGATTACTAGCAATTCAACTTCATGC
 AGGCGAGTTGCAGCCTGCAATCCGAAGTGGGACGCCTTTTATGGGATTGCTCCCCCTCGCGGGTTCGCTT
 CCCTTTGTTTGCGCCATTGTAGTACGTGTGTGGCCCCGAACATAAAGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCC
 ACCTTCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCTGCGCAGAGTGTCTTGCCTAGCAACTGACGGTAAGGGTTGCGC
 TCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTTGCAGGCT
 CCCCCGAAGGGGCACGGACCTCGTTATCGGTCTTCCGAGATGTCAAGTCCCGGTAAGGTTTTTCGCGTT
 GCGTCAATTAACACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCTCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCAGG
 CGTACTCCCCAGGTGGAATGCTTATTGCGTTAGCTGCGGCACAGAGGATGACTCCCCCTACACCTAGCATTA
 TCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGTGTCTCAGCGTCAGTTA
 TCGTCCAGTAATTCGCCTTCGCCACCGGTATTCCTCCCGATCTCTGCGCATTTACCGCTACACCGGGAATT
 CTCATTACCTCTCCGATCCTCAAGAAAGACAGTTTCGGTGCAGCTTTATGGGTTAAGCCCATAAATTTACATC
 CGACTTGCCCTCCCGCCTACACACCCCTTACACCCAGTAATTCGGATAACGCTCGCCACCTACGTATTACC
 GCGGCTGCTGGCAGTAGTTAGCCGTGGCTTCTCCACAGGTACCGTCACTTGCTTCGTCCCTGTTGACTAA
 GGTTTACAATCCGAAGACCTTCTTCCCTCACGCGGCGTGCCTGGGTCAGACTTCCGTCCATTGCCCAATAT
 CCCCAGTCTGCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTATCTCAGTTCCAATGTGGCCGTTACGCCTCTCAGTCC
 GGCTACCGATCGTAGACTTGGTGGGCGGTTGCCCGGCCAACTATCTAATCGGACGCAAGCTCATCTTCGTG
 CGATAAATCTTTGGCAGAAAGACCATGCGATCCCTCTGCGTCATGCGGTATTAGCAACCGTTTCCAGTTGTTA
 TTCCACACACAAAGGCAGATTGCTTACGCGTTACTACCCGTCCGCCACTCGCCGTATTTCTACGGCTCGTT
 CGACTTGAATGTGTTAGGCACGCCGCCAGCGTTTCATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB5

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTACGACTTAGCCCCAATCACCTGTTTAC
 CTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCAGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTAC
 AAGGCCCGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
 GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGCAGTGGCTTTTTTTCATTTGATTGCTATTGCCAGCAACCCACTCTCTGT
 ACCACCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTCT
 CACACCTTACGGTGGCAGTATCCGCAGAGTGCCAGCACTACCTGATGGCAACTACGGACAGGGGTTGCG
 CTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCAGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCAG
 CCCCCAAGGGCGTCAACATCTCTGTATCCTCCTGCTGCAGTTCAAGCCCCGGGTAAGGTTTCTCGCGTATCAT
 CGAATTAACACATGTTCTCCTCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTACCGTTGCGGGCGT
 ACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGCTTTCGCTTGGCGGCTGACACTATATCGCCAACAGCGGGCATCCATC
 GTTTACCGTGCAGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAA
 GGACTCGTCAGTGCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTC
 CGCTGACGTCGTACTCACTCAAGACTGCCAGTTTCGCGACGAGTGCAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACG
 TCACGCTTAACAATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGTATTAC

CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCCTTATTCATACAGTACCTACAAAACACCACACGTGGTGCACCT
TATCCCTGTATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTCAGGCTCG
CGCCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGG
GACCTTCCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTAGGCTAGGTGGGCCGTTACCCCGCCTACTGCCTAATCAGAC
GCATCCCCATCCCTTAGCGATCAATCTTTGTTCCAGCTCAGATGTCTCATTGGAAAACATAGGGTATTAATC
CGACTTTCGCCGGGCTATGCCCTACTAAGGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTCGCCCGGTCCG
CATCAAAGTTTGCAAGCAAACCTCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCC
TGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB6

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAACCTAAT
GAAACCTAGTGATTTAAGTTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACTGCCGCATGCAGGGGGA
CAACAGAGGGAACTTCTGCTAATACCGCATAAGCGCACGGGGCCGCATGGCCTTGTGTGAAAAGATTAT
CGGCATGCGATGGACCCGCGTCTGATTAGGCAGTTGGTGAGGTAACGGCCCAACCAACCTACGATCAGTA
GCCGGCCTGAGAGGGCAAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAACCTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGAGGAACTCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGAAGAAGTATTTCCGGTATG
TAAAGCTCTATCAGCAGGAAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGTTCTGCA
AGTCTGAAGTGAAAGCTCGGGGCTCAACCCCGGAAGTCTTTGAAACTGTAGAAGTGGAGTGCAGGAGAG
GTAAGCGGAATTCCTAGTGATGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGAGGCGAAGGCGGCTT
ACTGGACTGTAAGTACGTTGAGGCTCGAAGGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAC
GCGGTAAACGATGATCACTAGGTGTTGGCAGGCATAGCCTGTCCGTGCCGCAGCAAACGCAATAAGTGATC
CACCTGGGGAGTACGTTGCAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCA
TGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGAGATCCAGTTGAATAATGGGTAATGCCAT
TAGTCTTCGACAACTGAGACAGGTGGTGCATGGTGTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTAAAGTC
CCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCCCTAGTAGCCAGCAAGTAAAGTTGGGCACTCTAAGGAGACTGCCCGG
GATAACCGGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCAGGGCTACACACGTGCTA
CAATGTCTGTAACAAAGGGAAGCAATGGAGCGATCCGGAGCAAATCCAGAAATAACGACTCAGTTCGGAT
TGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATGCTGCCGTGAATAC
GTTCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGATAATGCCCGAAGCTCGTGACCTAACC
TCGTGAAGGAGCGATCGAAGGCAGGATTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB7

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCATGA
TCGAAGCTTGCTTTGATTGATGGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTTCCCTATAGTAGA
GGATAGCCCCGGCGAAAGTCGGATTAATACTCTATGTTTTCCAATGCAGACATCTAAGATGGAACAAAGGTTTA
CCGCTATAGGATGGGGATGCGTCTGATTAGATGGTAGGCGGGGTAACGGCCCACTAGTCGACGATCAGTA
GGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGGAAGTACGACACGGTCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGCGAGAGCCTGAACAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTATGGGTT
GTAAACTGCTTTTATATGGGGATAAAGTTACCACGTGTGGTGTGTTTGTAGGTACCATATGAATAAGGACCGG
CTAATTCGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGATTTATTGGGTTTAAAGGG
AGCGCAGGCGCGGTCTTAAGCGTGACGTGAAATGCCGCGGCTCAACCGTGGAAGTGCATGCGTCCGCAACTGG
GTGCCCTTGAGTGAGTTCGAGCCGCGGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCAGGAAGAAC
CCCGATTGCGAAGGCAGCCGCGGAGGCCCTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACAGGA
TTAGATACCCTGGTAGTCCGCGACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTATGCGATATATTGTATGCGGCCAAGC
GAAAGCGTTAAGCATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCC
GCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAGTGCAGCA
GAACGATTGAGAGATGATGAGGTCTTCGGGACTGCTGTGGAGGTGCTGCATGGTGTGTCGTCAGCTCGTGC
CGTGAGGTGTGCGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTTCGTAGTTGCCATCAGGTGAGCTGGGC
ACTCTGGCGACACTGCCACCGTAAGGTGCGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACG
TCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGTGGTACAGAGAGTCCGGGTGTACGCAAGTACGCTCCAATCATGA
AAGCCATCCTCAGTTCGGAAGTGGGGTCTGCAACCCGACCCACGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCAT
CAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCTGGGGC
GCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTGGCCCTAGGGTGAACAGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGT
AGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTTAATCACTAGTGAATTGCGCGGCCGCTGCAGGTGAGC
CATATGGGAGAGCTCCCAACGCGTTGGATGCATAGCTTGAGTATCTATAGTTCACTAAAGC3'

>RB8

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGACAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCG
 GGAGAAGCTTGCTTTTCCTGGCGGCGACCGGCGCACGGGTGCGTAACAGGTGTGCAATCTGTCCTATACCG
 GGGCATAGCCCAGCGAAAGTTGGATTAATTCTCCATGTGAGACGAAGCCGCATGGTTTTGTTTTGAAACGTA
 AGGGTATAGGGTGAGCACGCTTCTGATTAGATAGTTGGTGGGGTAACGGCTCACCAAGTCGACGATCAGTA
 GGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCCACATTGGAAGTGAACACGGTCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
 GAGGAATATTGGTCAATGGGCGAGAGCCTGAACCAGCCAAGTCGCGTGAAGGATGAAGGTTCTATGGATTG
 TAACTTCTTTTGTCCGAGGGTAAAAAAGGCCACGTGTGGCTTCTTGCAAGTATCGGACGAATAAGCATCGG
 CTAATCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGG
 TGCGTAGGTGGTTTGTTAAGTTTGTGGTGAAAGCGTGCGGCTCAACCGTACCAAGCCATGAAAAGTGGCGAA
 CTTGAGTGCAAACGAGGTAGGCGGAATGTGATGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGTCACAGAACCCCG
 ATTGCGAAGGCAGCTTACCAGCATGCAACTGACACTGAGGCACGAAAGCGTGGGTATCAAACAGGATTAGA
 TACCCTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGAATACTAGCTGTTGGCGATATATGGTCAGCGGTACAGCGAAAG
 TGTTAAGTATTCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACA
 AGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCCGAGGAACCTTACCCGGGCTTAAAAGTTAGTGACGGA
 CTGTGAAAGCGGTCTTCCCTTCGGGGCACGAACTAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAG
 GTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCTTGCCGTTAGTTGCCAGCGGGTAATGCCGGGAACCTCTA
 GCGGGACTGCTACTGTAAGGTAGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGG
 CGACACACGTGTTACAATGGTGAGTACAGAGGGTGTCTACCTGGTGACAGGATGCTAATCTCTAAACTCA
 TCTCAGTTCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATG
 GCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGGAAGCTGGGGGTACCTAAAG
 TCTGCAACCGCAAGGAGCGGCCTAGGGTAAAAGTGGTAAGTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAC
 CGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB9

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCAGTTTCGGC
 TCTAGGCCGATCCTTGCGGTACGGACTTCAAGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
 AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCCG
 GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGCTTTTAGGATTAGATGCATATTGCCATGCACCGACTCTCTG
 TACCTCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTATCCCCACCTTCC
 TCACACCTTACGGTGCGAGTATCACCAGAGTGCCAGCATCACCTGATGGCAACTAATGAAAAGGGTTGCG
 CTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCAGGAGTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACCAGTGC
 CCCGAAGGGCCCTCAACATCTCTGTATCGTTCACTGGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCGCGTATCATC
 GAATTAACCACATGTTTCTCCTCGCTTGTCGGGGCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTA
 CTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTCTTGCCGCTCACAGTATATCGCAAACAGCGGGCATCCATCGT
 TTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATACCCGACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAGG
 CCTTGTTGGCTGCCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTGATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTCGCG
 CAACATCGAACTCACTCAAGATAACCAGTTCGCGACGCAGTTGAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACGTCAC
 GCTTAATCATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAAATCCGATAACGCCCCGAGCTTCCGTATTACCGC
 GGCTGCTGGCAGGAATTAGCCGGTCCCTATTTCATATGGTACTACAAAAGGGACACGTCCCTCACTTTAT
 CCCCATATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTGAGACTTCCGT
 CCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGAC
 CTTCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTGGGCTTGGTGGGGCGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGAGCAT
 CCCCATCCTATAGCCGTAACCTTTGGTATTCTTCAGATGTCTGAAATACAACATAGAGCAATTAATCCGACT
 TTCGCCGGGCTATTCTCTACTACAGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTGCGCCGGTCGCCAGCAT
 CAAAAGCAAGCTTTCGATCTGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGAGC
 CAGGATCAAACCTCT3'

>RB10

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAGTCAAAGGTCTTG
 CTTTAGGCGCTTGACGACTTAGAGCACTCCCTTCTCCCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGG
 GAACGTATTCACCGTGGTGTGCTGACCCACGATTACTAGCGATTCCAGCTTCACGGAGTCGAGTTGCAGACT
 CCGATCCGAAGTGAAGACGGCTTTGGGGATTGGCTCCATCTCGCGATGTTGCGACCCATTGTACCGACCAT
 TGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGATGTAAGGGCCATGAGGACTTGACGTATCCACACCTTCCCTCCGGGTTG
 TCCCCGGCAGTCTCTCCAGAGGGCCCCCTCGCGGGTGGCAACTGGAAACGTGGGTTGCGCTCGTTGCGG
 GACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGCGGAACGTGTCATTGCT
 GCAAGACGGCGATCTCTCGCCGCGGCGTTCCCATGTCAAACCTGGTAAGGTTCTGCGCGTTGCTTCGAAT
 TAAACCACATGCTCCACCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCATACTTGCGTACGTACTCCC

CAGGCGGCATACTTAACGCGTTGGCTACGGTACCCGGGGATACCCCGGACACCCAGTATGCATCGTTTAC
GGTGGCGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTACCCGCACTTTGAGCCTCAGCGTCGATTAAAGTCCCC
AGCAGGCTGCCTTCGCCATCGGTGTTCTTCCTGATCTCTACGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCGCCT
GCCCCGAACTATCCAAGAGATCCAGTTCGGACTGCAGGTCCGGGGTTGGCCCCGGGATTGTACAATCC
GCTTGAATCTCCGCCTACGCTCCCTTTACGCCCACTGATTCCGAACAACGTTGCACCCCTCGTATTACCGC
GGCTGCTGGCACGAAGTTTGCCGGTGCTTCCTTTGAGGTACATTCAATCCCGTCCGAAGGCGGGCCTTATT
CCCTCACGACAGTGGTTTACACACCGAAATGCTTCTCCACACGTGGCGTTGCTGCATCAGGGTTCCCCC
ATTGTGCAATATTCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTATCTCAGTCCCAATGTGGCCGATCA
CCCTCTCAGGCCGGCTACCGATCGTCGCCCTTGGTGGGCCGTTGCCCCGCCAACTAGCTAATCGGACGCAA
GCTCATCCCGTACCGATAAATCTCTAGTCAACTCCCCATGCAGGGAGCCACTCTCCTGGACATTAACCGCGC
GTTGGCACGGGTATTTCTGATACGGGGCAGATTGCTTACGCGTACTCACCGGTTCCCGCTCGGCATTGC
TGCTTGCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB11

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACTGCTACCTTGTATGACTTAACCCCAATCACCAATCCAC
CGTAGGCGGCGTCCCCCTTGCCTTAGACTACCGACTTTGGGTGAAATCGACTCTCATGGTTTGACAGGCGGT
GTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACCGCTGCATTCTGATCAGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTC
CTCGAGTTGCAGAGGGCAATCTGAAGTGAAGCGTTTTTAAGGATTGGCTTTGCCCTTGCAGATTGCGACCC
ATTGTTAACGCCATTGTAGTACGTTTGTAGCCCGACCCGTAAGAACCATGATGACTTGACGTATCCACACCT
TCCTCCCGCTTGACGCGGGCAGTCCCCTAAGAGTTCCCGGCATTACCCGCTGGCAACATAGGGCGTGGGT
GCGCTCGTTGCAGGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTCTCCG
CACCAACCGAATTGAAGAAATCCATCTCTGAAATCGCGTGCGGGATGTCAAGGGTCGGTAAGGTTTCTCG
CGTAGCATCGAATTAACAACATACTCCACCGCTTGTCGGGGTCCCCGTCAATTCCTTTAAGTTTAACTCTGC
GATCGTACTCCCCAGGCGGCATGCTTAACGCGTTAGCTTCGTCACTGATCCCCGAAGGAAACCAACAACA
AGCATGCATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGAGTATCTAATTCTGTTTGCTACCCACGCTTTCGTCCCTCAGT
GTCAGCGACGATCCAGAAGACTGCCCTTCGCCATTGGTGTCTATCTGATATCTACGGATTACCCCTACACC
AGATGTTCCATCTTCTCTATCGCGCTCCAGCTTGCCAGTATCAAAGGCAGTTCCAAGGTTGGGCCTTGGGA
TTTACCTCTGACTTAACAACACCTACGGACGCTTTACGCCAGTAAATCCGAACAACGCTTGACCCCTTC
GTATTACGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGTGCTTTTTCTGTCTGCTACTGTATCATCTTCACGATAA
AAGAACTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTCATTACGCGGCATGGCTGGGTGAGGTTTCTCCATTGCCCAA
TATTCTTAGCTGCTGCCCTCCCGTAGGAGTTTGACCGGTGTCTCAGTTCCAACGTGGCTGATCGTCTCTCAGA
CCAGCTATGGATCATTGCCCTTGGTAGGCCATTACCCACCAACAAGCTAATCCAACGCGGGCAGATCCATCA
CCGATAAATCTTTCCCGTTTCCGGCGTATGCGGTATTAGCGTTTCGTTTCCAACGTTATTCGCCAGTAATGGG
CAGTTTCCACGCGTACTCACTCGTGCGCCACTAACTAGGCGAAAGCAAGCTTTCGCTTCGTCCGTTTCGAC
TTGCATGCCTAAGACCTGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB12

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCAGGTTCCCCTACGGCTACCTTGTACGACTTCCCCCAATCATCGGTCTCTA
CCGTAGACGGCTGCCTCTATTGCTAGTTGACTACCGGCTTCGGGTAAAACCGACTTTCGTGGTGTGACGG
GCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGCATTACCCCGGCATGCTGATCCGGAATTACTAGCGATTCCAACCT
CAAGGAGTCGAGTTGCAGACTCCTATCCGGAAGTGGGACGAGTTTTTGGGATTTCGCTTGGCCTCGCGGCTT
CCCCGCCCTCTGTATGCGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCTAGGTGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCA
TCCCCACCTTCTCCCGTTGACCCGGGCAGTCTGCACAGAGTGCCAGCCTTGCCCTGCTGGCAACTGTGC
ATAGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACATCTTACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC
CTGTCTCGGAGCTCCCTTGCGGGCACCTCCTGCTTTCACAGGAGTTCTCCGGATGTCAAACCTAGGTAAGGT
TCTTCGCGTTGCATCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAT
TCTTGCGAACGTAATCCCAAGGTGGAATACTTATTGCGTTAGCTGCGGCACCGAGGAGCTTTGCTCCCCAAC
ACCTAGTATTTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGTGCCT
CAgTGTCAAGTGTGAGTCCAGAAAGCCGCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCTAATATCTACGCATTTACCGCTA
CACTAGGAATTCGCTTTCCTCTCCTGTACTCTAGCTTGACAGTTTCAAATGCAGTTCCGGGGTTGAGCCCCG
GCATTTACATCTGACTTGCCATGCCACCTACGCACCTTTACACCCAGTAAATCCGATAACGCTTGACACC
ATACGTATTACGCGGCTGCTGGCACGTATTTAGCCGGTGCTTCTTAGTCAGGTACCGTCATTTTCTTCCCTG
CTGATAGAGTTTTACGTACCGAAATACTTCATCACTCACGCGGCGTCTGCTGCATCAGGGTTTCCCCATTGTG
CAATATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTTACCCTCT
CAGGCCGGCTACTGATCGTCGCCCTTGGTGGGCCGTTACCTCGCCAAGTAACTAGCTAATCAGACGCGGGTCCATC
TCACACCACCGGAGTTTTTCACACTGTATCATGCGATAACCGTGCCTTATGCGGTATTAACAGTCGTTTCAA
CTGTTATCCCCCTGTGTGAGGCAGGTTACCCACGCGTACTCACCGTCCGCCACTAAGATTTACCTCCTGC

AAGCAGGTGGTAAATCTCCGTTGCGACTTGCATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAGGATC
AAACTCT3'

>RB13

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCCAATTATCGGCCCTAC
CTTCGGCAGCGCCCTCCTTGCGGTTAGGCTACTGACTTCGGGTATTGCAGACTCTCATGGTGTGACGGGCG
GTGTGTACAAGGCCCGGGAGCGTATTCACGGCAGTATGCTGACCTGCCATTACTAGCAATTCGACTTCGTG
CAGGCGGGTTGCAGCCTGCAGTCCGAAGTGAAGACAACGTTTGGGGATTTGCTTGCCCTCGCGGGTTTGCTG
CCCTCTGTGCTTGCCATTGTATTACGTGTGTAGCCCAGGACATAAGGGGCATGATGACTTGACGTATCCCC
ACCTTCCTCCGGCTTGTCACCGGCAGTCCCACAGAGTGCCCAACTTTACTTGATGGCAACTGGTAGCAAG
GGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTC
ACTTATCCAGCCTAACTGAAAGAAATCATCTCTGATCTCCCGATAAGGATGTCAAGAGTTGGTAAGGTTCTT
CGCGTTGCATCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTCGGGGTCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAATCT
TGCGACCGTACTCCCCAGGCGGAATGCTTATCGCGTTAACTTCGTACCGACTTATCGCCGACAACTAGCAT
TCATCGTTTACAGCATGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGATCCCCATGCTTTCGTGCCTCAGTGTGAGT
TGACAGCCAGATACTCGCCTTCGCCTCCGGTGTTCTACCCAATATCTACGAATTCACCTCTACACTGGGTAT
TCCAATATCCTCTCTGTCACTCTAGATAAATAGTTATAACGGCAATTCTAAGTTAAGCCCAGGTATTTACCG
CTATCTTACTTATCCACCTACACACCCCTTACGCCAGTAATTCCGAACAACGCTCGCCCCCTTCGTATTACC
GCGGCTGCTGGCACGAAGTTTGCCGGGGCTTCTTTAGATGCTACCGTCATCATCGTCACATCCGAAAGAGCT
TTACAATTCGAAAACCTTCTTCACTCACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCCAATATTCTCT
ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCGAATGTGGCTGTTGCTCCTCTCAGACCAGCTA
TAGATCGTCGGCTTGTTAGGCCGTTACCCACCAACTACCTAATCTTCCGCGGGCCAATCTTTCGGCAATAA
ATCTTTCCTCCTTAGGGCTTATGCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCCTCCCAACCAAAAGGTATGTT
CCACGTGTTACTACCAAGTGGCGTACTCTCATTAAATGATAGCAAGCTACCACCAATCCCGTTCAACTTGCAT
GTGTTAAGCCTGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACTCT3'

>RB14

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCG
GGGTAGCAATACCCTGGCGGCGACCGGCGAAAGGGTGCCTAACGCGTGAGCAACTTGCCCGTATCTGGGA
CATAAGCGGTGGAAACGCCGTCTAATTTCCCATACAACAGAGGCCGCATGACCTTTGTTTGAAGATCCGT
CGGATACGGATGGGCTCGCGAGACATTAGCTAGTCGGCGTGTAACGGCACACCGAGGCTACGATGTCTA
GGGGTTCTGAGAGGAAGTCCCCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGCGCAAGCCTGAACCGAGCATGCCGCGTGCAAGTAAGGCCCTATTGGGTC
GTAACTGCTTTTGGTGGAGCAATAAGGTGTACGTGTACACCGATGAGAGTACATCACGAATAAGCATCG
GCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCAAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTAAAGG
GTGCGTAGGCTGTGGGGAAGTCAGGGGTGAAAGCCCGGCTTAACGCCGGAAGTCCCTTGATACTTC
TCCGCTGGAATACGGATGCCGTGGGAGGAATGAGTAGCGGTGAAATGCATAGATATTACTCAGAAC
ACCGATTGCGAAGGCATCTCACGAATCCGTATTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGGATCAACAGGAT
TAGATACCCTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGATAACTAACCGTCGGCGATACACAGTCGGTGGCCAAGC
GAAAGCGATAAGTTATCCACCTGGGGAGTACGTTGCAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCG
CACAAGCGGAGGAACATGTGGTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTCGAACGGCAAGTG
AAGGATCAAGAGATTGTGACGCCCTTCGGGGCACTTGTGAGGTGCTGCATGGTTGTCTGACGTCGTGTC
GTGAGATGTTGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTGTCGCCAGTTACCAAGTAAGATTGGGGA
CTCTGGCGAGAGCTGCCACCGCAAGGTGTGAGGAAGCGGGGATGACGTCAAATCAGCACGCCCCCTACGT
CCGGGGCGACACACGTGTTACAATGGCGACTACAGAGGGAAGCCACCTGGCGACAGGGAGCAGATCTCG
AAAAGTCGTCTCAGTTCCGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCAT
CAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGT
GCCTGAAGTCCGTGACCGAAAGGAGCGGCCTAGGGCAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGT
AGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB15

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACTGCTACCTTGTTATGACTTAACCCCAATCACCAATCCAC
CGTAGGCGGCGCCCTCTTGCGTTAAACTACCGACTTTGGGTGAAATCGACTCTCATGGTTTGACAGGCGGTG
TGTACAAGACCCGGGAACGTATTACCGTTGCATTCTGATCAACGATTACTAGCAATTCACACTTCATGTCCT
CGAGTTGCAGAGGGCAATCTGAACTGAGACGGTTTTTAAGGATTGGCTTTGCCCTGCGACATTGCGACCCAT
TGTTACCGCCATTGTAGTACGTTTGTAGCCCGACCCGTAAGAACCATGATGACTTGACGTATCCACACCTTC
CTCCCGCTTGACGCGGGCAGTCCCCTAAGAGTTCCCGGCATTACCCGCTGGCAACATAGGGCGTGGGTTG
CGCTCGTTGCAGGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTCTTTGGT

CCAACCGAATTGAAGACAACCATCTCTGGAAGTCGCGACCAAGATGTCAAGGGTCGGTAAGGTTTCTCGCG
TAGCATCGAATTAACAACATACTCCACTGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCCTTTAAGTTTTAATCTTGCGA
TCGTAGTCCCCAGGCGGCATGCTTAACGTGTTAACTCCGTCACTGATCCCCGAAGGAAACCAACAACAAG
CATGCATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGAGTATCTAATCTGTTTGCTACCCACGCTTTCGTCCCTCAGTGT
CAGCAACGATCCAGAAGACTGCCTTCGCCATTGGTGTCTATCTGATATCTACGGATTTCACCCCTACACCAG
ATATTCCATCTTCCTCTATCGCGCTCCAGCTTGCCAGTATCAAAGGCAGTTCAGGGTTGGGCCCTGGGATTT
CACCCCTGACTTAACAAACCACCTACGGACGCTTTACGCCAGTAAATCCGAACAACGCTTGCACCCCTCGT
ATTACCGCGGCTGCTGGCAGGAAGTTAGCCGGTGTCTTTCTGTCACTACTGTATCATCTTCATGACTAAAA
GAACTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTCATTACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCAATAT
TCTTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGCGTGGCTGATCGTCTCTCAGACC
AGCTATGGATCATTGCCTTGGTAGGCCATTACCCACCAACAAGCTAATCCAACGCGGGCACATCCATCACC
GATAAATCTTTCCCTTTCGCGGCGTATGCGGTATTAGCGTTCGTTTCCAAACGTTATTCCCCAGTGAAGGGCA
GTTTCCACGCGTACTCACTCGTGCGCCACTGACTTCAGAGAGCAAGCTCTCTGTATCCGTTTCGACTTGC
ATGCCTAAGACCTGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB16

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTGAACGGAGTTTACA
TGAAACCTAGTGATTGTAACTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACCTGCCTTATCCAGGGG
GATAACAGTGAGAAATTAAGTCTAATACCGCATAAGCGCACAGAATCGCATGATTCAAGTGTGAAAAGATTTAT
CGGGATAAGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGGCCACCAAGGCGACGATCAGTA
GCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGGGAAACCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGATGAAGTATTTCCGGTATG
TAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGCATGGC
AAGTCTGAAGTGAATGCGGGGGCTCAACCCCTGAACTGCTTTGAAACTGTAAAGCTAGAGTGTCCGAGA
GGTAAGTGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCT
TACTGGACGATGACTGACGTTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCA
CGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGGGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTGCGAAACGCATTAAAGTAAT
CCACCTGGGGAGTAGCTTCGCAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGACAAAGCGGTGGAGC
ATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAAAACCTTACCAAATCTTGACATCTGGATGACCATATATGTAATGTAT
ATTCTCTTCGAGCATCCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTAAAG
TCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCCCTTTAGTAGCCAGCGGTTCCGGCCGGGCACTCTAGAGGGACTGCCAG
GGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACACACGTGCTA
CAATGGCGTAAACAAAGGAAGCGACCCTGTGAAGGTGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTTCGGATT
GTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGGAATCAGCATGTGCGCGTGAATACGT
TCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAAATGCCCGAAGTCAGTGACCTAACCG
CAAGGAAGGAGCCGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB17

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTGAACGGAGTTTACA
TGAAACCTAGTGATTGTAACTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACCTGCCTTATCCAGGGG
GATAACAGTGAGAAATTAAGTCTAATACCGCATAAGCGCACAGAATCGCATGATTCAAGTGTGAAAAGATTTAT
CGGGATAAGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGGCCACCAAGGCGACGATCAGTA
GCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGGGAAACCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGATGAAGTATTTCCGGTATG
TAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGCATGGC
AAGTCTGAAGTGAATGCGGGGGCTCAACCCCTGAACTGCTTTGAAACTGTAAAGCTAGAGTGTCCGAGA
GGTAAGTGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCT
TACTGGACGATGACTGACGTTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCA
CGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGGGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTGCGAAACGCATTAAAGTAAT
CCACCTGGGGAGTAGCTTCGCAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGACAAAGCGGTGGAGC
ATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAAAACCTTACCAAATCTTGACATCTGGATGACCATATATGTAATGTAT
ATTCTCTTCGAGCATCCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTAAAG
TCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCCCTTTAGTAGCCAGCGGTTCCGGCCGGGCACTCTAGAGGGACTGCCAG
GGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACACACGTGCTA
CAATGGCGTAAACAAAGGAAGCGACCCTGTGAAGGTGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTTCGGATT

GTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGCATGTCGCGGTGAATACGT
TCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAAATGCCGAAGTCAGTGACCTAACCG
CAAGGAAGGAGCCGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB18

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACAGTTTCGC
TCTAGGCCGATCCTTGCGGTCACGGACTTCAAGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTATGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGCTTTAAGGATTAGAATGTACTTACGTACATCCGACTCTCTG
TACCTCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTACATCCACCTTCC
TCACACCTTACGGTGGCAGTATCACCAGAGTGCCGACGATTACCTGATGGCAACTAATGAAAAGGGTTGCG
CTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCAGGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCTACCAGCGC
CCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTGCTGGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCGCGTATCATC
GAATTAACCACATGTTCTCTCCGCTTGTCGCGGCCCGCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTA
CTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTCTTGCCGCTCACAGTATATCGCAAACAGCGGGCATCCATCGT
TTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATACCCGACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAGG
CCTTGTTGGCTGCCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTCCGC
CAACATCGAACTCACTCAAGATAACCAAGTTCGCGACGAGTTTACCGGTTGAGCGGCTACATTTACGTCAC
GCTTAATCATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGATAACGCCCGGACCTTCCGTATTACCGC
GGCTGCTGGCAGGAATTAGCCGGTCCCTTATTCATACAGTACCTACAAAAATCTACACGTAGATCACTTTATC
CCTGTATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTGAGACTCTCGTC
CATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGACC
TTCCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTGGGCTTGGTGGGCGGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCATC
CCCATCCTATACCGATAAATCTTTGATTCAACTTAGATGTCCGCATTGAATAACATAGAGTATTAATCCGACTTT
CGCCGGGCTATCCTCTAGTATAGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTCACCCGTGCGCCGGTCGCCATCATT
GTAGCAAGCTACCAATATGCTGCCCTTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTCATCCTGAGCCA
GGATCAAACCTCT3'

>RB19

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAATGAACGTTGGCGGCGTGGATTAGGCATGCAAGTCGAACGGTAAGGTTA
CTTAGCTTGCTTTGTAACCCTAGAGTGGCGAAAGGGATAGTACAATGTAGATCATATACCCTCAGTTTGGGG
ATAGCGTCTGGAAACGGGCGGTAATACCCGATAATATCTCCGGATCAAAGGTGAGATTCCGCCTGAGGATTA
GTTTACACACTATTAGCTTGTGGCGGGGTAATGGCCACCAAGGCGACGATGGTTACCGGGCGTGAGAGC
GTGACCCGGACTACTGGGACTGAGACACTGCCGAGACACCTACGGGTGGCTGCAGTGAGAATCTTCGCG
AATGGACGAAAGTCTGATCGAGCGACGCCGCGTGTATGATGAAGGCCTTCGGGTTGTAAATACTGTGCGATT
AGGCGGAAATGTGTAGGGGTTATCCTTTACATTTGACCTATCATTGGAGGAAGGACGGGCTAAGTTCTGTC
AGCAGCCGCGGTAAGACGAACCTGTCCAAACGTTATTCGGAATCACTGGGCTTAAAGGGTGCGTAGGCGGAC
TTGCAAGTGGGATGTGAAATCCCTCGGCTCAACCGAGGAACTGGGTCCCAAACTGCGAGACTAGAGTGAGG
CAGGGGTAAGTGAACCTTGCGGTGGAGCGGTGAAATGCTTTGATATCGCAAGGAACACCGGAGGCGAAGG
CGACTTACTGGGCTTAACTGACGCTCAAGCACGAAAGCTAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTA
GTCCTAGCCGTAACGCTGGGTACTTGGTCGGAGGAGCCTCCATACCTTTCCGGCCGTAGCGAAAGCTTTAA
GTACTCCGCTGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGCTCACACAAGTCGGT
GGAGGATGTGGCTTAATTCGAGGCTACGCGAAAAACCTTATCCTAGGCTTGACATGCATGATACCCCTCCCT
GAAAGGGGAGTAAGTTGCCTTCGGGTGAAACTTGACAGGTGCTGCATGGCTGTCTCAGCTCGTGTCTGTG
AGATGTCGGGTAAAGTCCCTTAACGAGCGAAACCCCTGTACCAGTTGCCATCGAGTAATGTCGGGGACTCT
GGTGAGACTGCCGAAGTTAATGAGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCCTCATGGCCTTTATGTCTAGG
GCTGCACACGTCTACAATGGCATCCACAAAGGGAAGCGAGACTGTGAAGTGGAGCTAATCCCAAAAAAGG
TGCTCAGTTTCGATTGACAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGGTCATCAT
ACCGCGGTGAATATGTTCTGAGCCTGTACACACCGCCCGTCAAGCCACGAAAGCAGGGGGCATCCGAA
GTCGCCGAAGCAACTTTATAGAGCTAAGCGCCGAAGATGAACCTTTGTGATTGGGACTAAGTCGTAACAAGGT
AGCCGTAGGGGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB20

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCGGTTTCA
CCCTAGGCCGACCCCTCGCGGTCACGGACTTCAGGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTA
CAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTC
GGGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGATGGCTTTAAGGATTGGATGCACATTGCCATGCACCGACTCTCT

GTACCACCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTC
 CTCACACCTTACGGTGGCAGTATCCGCAGAGTGCCACGATCACCTGATGGCAACTACAGACAAGGGTTGC
 GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACCAGA
 GCCCCGAAGGGCCTCATCATCTCTGAATCGTTCTCTGGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTATCA
 TCGAATTAACCACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGT
 ACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTCTTGGCCGCCTACACTATATCGCAGACAGCGGGCATCCATCG
 TTTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTCGATAACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAG
 GACTCGTCAGCTGCCTTCGCAATCGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTCACCGCTACACCACGAATTCC
 GCTGACGTCTACTCACTCAAGACTGCCAGTTCGCGACGCAAGTTCAGCCGTTGAGCGGCTACATTTACGT
 CACGCTTAACAACCCGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTCATACGGTACCTGCAAAAAACCACAGTGGCTCACTT
 TATCCCCGTATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTATCTGACGCTACTTGGCTGGTTAGTCTCTC
 GACCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGG
 ACCTTCCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTCGGCTTGGTGGGCGGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACG
 CATCCCCATCCCTTAGCGATAAATCTTTATTCAGCTCAGATGTCCTCATTGGAAAACATAGGGTATTAATCCG
 ACTTTCGCCGGGCTATGCCCTACTAAGGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTACCCCGTGCGCGGTCGCCAT
 CAATCAAAGCAAGCTTTGATCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGA
 GCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB21

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCCTAATACATGCAAGTCGAACGGGATGGGGT
 CCTTCGGGACCCCCGAGAGTGGCGCACGGGTGCGCAACGCGTATGCAACCAACCCCCGACAGGCGGATA
 GCCGGTGGAAACGCCGATAATACGCCATGGTTCCGCAGGGAGGCATCTCAAGCGGATAAAGCTGAGGC
 GGTCCGGGACGGGCATGCGTCCCATAGATAGTCGGCGGGGTGACGGCCACCAGTCCACGATGGGTA
 GGGGATCTGAGAGGACGGTCCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTGCGGGAGGCAGCAG
 TAAGGGATATTGGTCAATGGTCGGAAGACTGAACCAGCCATGCCGCGTGAGGGAATGAGGCCCTACGGGT
 CGTGAACCTCTTTTATTCGGGGACAAGGACGCGCACGAGATGCGTGTGAGGGTACCGAAGGAATAAGCA
 TCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTCAATTGGGTTAA
 AGGGTGCGCAGGCGGCCGTGCAAGTCAGCGGTGAAAGCCCGGGGCCAACCCCGGAAGTGCCGTTGATA
 CTGTGCGGCTGGAATGCGGTGAGGCGGGCGGAACGTGGCGGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGCCAC
 AGAACGCCGATAGCGAAGGCAGCTCGCCAGGCCTGCATTGACGCTCGGGCACGAAAGCGTGGGGATCGA
 ACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGGACGCTCGTCGTCGGCGACAGATGGTCGGC
 GGCCAAGCGAAAGCGATAAGCGTCCCACCTGGGGAGTACGGTCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGAC
 GGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGA
 ACTGGAGGGGAACGACCCGGGAGACCGGAAGGCCAGCAATGGCCCTTCAGAGGTGCTGCATGGTTGTCTG
 TCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTGCGGTCAAGTCCCATAACGAGCGCAACCCCTGCGTCCAGTTGCCAGCGG
 TTTGGCCGGGCACTCTGGACGGAAGTCCACAGTCCGATCGGGGGCTGCAACCCGCCCCCGTGAAGCTGGAATC
 ACGGCCCTTACGTCCGGGGCGACACAGTCTACAATGGCCGGCACAGAGGGAAGCCACGCGGCAACGCG
 GGAGCGGATCCCGAAAGTCGGTCACAGTCCGGATCGGGGGCTGCAACCCGCCCCCGTGAAGCTGGAATC
 GCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCCGTCAAGC
 CATGGGAGCCGCGGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTTCGGCCTAGGGTGAACCGGTGATTGGGG
 CTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB22

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGAGAGAGAG
 AGGTGCTTGCACTTTTCAATCGAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAACTGCCTCATACAGGGGG
 ATAACAACCTGGAACGGTTGATAATACCGCATAAGCGCACAGCATCGCATGATGCAGTGTGAAAACTCCGG
 TGGTATGAGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGCAGGGTAGCGGCCTACCAAAGCGACGATCAGTAG
 CCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
 GGGGGATATTGACAATGGGGGAAACCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGCGAAGAAGTATCTCGGTATG
 TAAAGCTCTATCGGCAGGGAAGAAGATGACGGTACCTGACTAAGAAGCTCCGGCTAAATACGTGCCAGCAG
 CCGCGGTAATACGTATGGAGCAAGCGTTATCCGGATTACTGGGTGTAAAGGGAGCGTAGACGGTGCGGCA
 AGTCTGATGTGAAAGGCGGGGGCTCAACCCCGAACTGCATTGGAAAGTCCCGTGTCTGGAGTGTGCGAGG
 GGTAAGCGGAATTCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGCGGCGAAGGCGGC
 TTAAGTGGACGATCACTGACGTTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCC
 ACGCCGTAAACGATGAATACTAGGTGTGGGTGGACTGACCCCATCCGTGCCGCGAGTTAACACAATAAGTAAT
 CCACCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGCAACGAGTGGAG
 TATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCGAGTACCGTACCCAGAGGTGG

GTATTTCTTCGGGACACGAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTAA
 GTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGCTATTAGTTGCTACGCAAGAGCACTCTAATAGGACTGCCGTTGACAAA
 ACGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTACTACAATGG
 CCGTCAACAGAGGGAAGCAATATGGTGACATGGAGCAAACCCCTAAAAGCGGTCTCAGTTCAGATTGCAGG
 CTGCAACCCGCTGCATGAAGTCGGAATTGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCC
 GGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGCCGGTAATACCCGAAGTCAGTAGTTCAACCGCAAG
 GAGAGCGCTACCGAAGGTAGGATTGGCGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGC
 GGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB23

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCTGTTTAC
 CCTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCAGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTAC
 AAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGTTGCGGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTCG
 GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGTGGCTTATTGATTGGACCGCAATTGCGTACGGCCGACTCTCTG
 TACCACCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTACATCCCCACCTTCC
 TCGCACCTTACGGTGGCAGTATCCACGGAGTGCCCGACATCACCTGATGGCAACCGGGGACAGGGGTTGC
 GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGGA
 GCCCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTCTCTGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCGCGTATCA
 TCGAATTAACCACATGTTCTCCTCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTACCGTTGCCGGCGTA
 CTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGGTTTCCCTTGGCCGCCCGGACGTCTGTGCGCGACAGCGGGCATCCATC
 GTTTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATACCCGACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTTAAG
 GCCTCGCTGGCTGCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTCC
 GCCAGCGTCGTACTCACTCAAGGAAACAGTTCGCGACGCACTTCCACGGTTGAGCCGCGGCATTTACGT
 CACGCTTAATCTCCGGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCAGGACCTTCCGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTCTCAGGGTACATACAAAACACCACGCGTGGCGCACT
 TTATTCCCCTGCAAAAGAGGTTTACAACCCATAGGGCCGTATCCCTCACGCTACTTGGCTGGTTTCAGCCTC
 GCGGCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGACCGTGTCTCAGTACCAATGTGGG
 GGACCTTCTCTCAGAACCCCTACCGATCGTTGCCACGGTGGGCCGTTACCCCGCCGTCAAGCTAATCGGA
 CGCATCCCCATCCCTTAGCGATGAATCTTTGTTCCCTTCAAATGCTCTCATGGGAAAACATAGGGTATTAAT
 CCGACTTTCGCCGGGCTATCCCTACTAAGGGCCAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTCGCCCGGTGCGC
 CATCGGTCTTAGCAAGCTAAGACCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTATC
 CTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB24

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTACCCCCAATCATCGGCCCA
 CCTTAGACGGCTGGCTCCCTAAGGTTACCCACCGGCTCCGGGTGTTACCAACTTTCGTGGTGTGACGGGC
 GGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCAGTATGCTGACCTGCGATTACTAGCGATTCCGACTTAC
 GCAGGCGGGTTGCAGCCTGCCATCCGAAGTGGGACCGGGTTTTTGGGGTTCGCTCCGCCTCGCGGCTTCG
 CTTCCCTCTGTTGCCGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAGGACATAAGGGGCATGATGACTTGACGTAT
 CCCCGCCCTTCTCAGGTTGTCCCTGGCAGTCTCCTATGAGTCCCCAACTTAATGATGGTAACATAGGATAG
 GGGTTGCGCTCGTTGCGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCACCACCTGT
 CTTCTGTCTCCGAAGAGAGGGATACATCTCTGCATCTTTCAGTGCATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGC
 GTTGCGTCAATTAAACCACATACTCCACCGTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTAAGCCTTGC
 GGCCGTACTCCCAGGCGGGTACTTATTGCGTTAACTCCGGCACGGAAGGGTTCGATACCTCCCACACCT
 AGTACCCATCGTTTACGGCCAGGACTACCGGGGTATCTAATCCCGTTGCTACCCCTGGCTTTCGCATCTCAG
 CGTCAGACACAGTCCAGAAAGGCGCCTTCGCCACCGGTGTTCTTCCCAATATCTACGCATTTACCGCTACA
 CTGGGAGTTCCCTTTCTCTCCTGCACTCAAGTAACCCAGTTTCCATCGCCATACGGGGCTGAGCCCCGCA
 GTTTCACGACAGACTTAAATTACCGCCTACATGCGCTTACGCCCAATAATTCCGGACAACGCTTGCCACCTA
 CGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTCTCGTTCCCTACCGTCAGTCCCTCCGTTGT
 TGATAGAGGGGAGGTTTCGTAGGAACAACAGAGCTTTACGTTCCGAAGAATTCCTCACTACGCGGCGTT
 GCTCCGTGAGGCTTGCGCCATTGCGGAAGATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCT
 CAGTCCCAATGTGGCCGTTTCATCCTCTCAGACCGGCTACCGATCGTCGCCCTTGGTAGGCCGTTACCCACC
 AACCAGCTAATCGGACGAGGCCATCCCCCGGCGATAGCTTATAAATAGAGGCCATCTTTCAAATCCGTAC
 CATGCGGCACAGACTTCGTATCCGGTATTAGCACCCCTTCCGGAGTGTGTCCCCGGCCGGAGGGCAGGTT
 GCCTACGCGTTACTACCCGTTGCCACTAGGATTCTGCCGAACAAAATCCCCGTTGCACTTGCATGTGTT
 AGGCACGCCGCCAGCGTTCGTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB25

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGCATGGATTAGGCATGCAAGTCGAACGAGGTAGCAA
TACCGAGTGGCGGAAGGGTGAGGAACACGTGAGTAATCTGCCCCAAGTTGGGAATAACAGTTGGAAACG
ATTGCTAATACCGAATGTGGCTTTTTTCCGCATGGAAGAACAGTTAAAGATTATCGCTTGGGGATGAGCTC
GCGTCCCATTAGTTAGTTGGTGAGGTAACGGCCACCAAGACAATGATGGGTAGCTGGTCTGAGAGGATGG
TCAGCCACACTGGGACTGAGACACTGCCAGACTCCTACGGGAGGCTGCAGTCGAGAATCTTGGGCAATG
CGCGAAAGCGTGACCCAGCAATGCCGCGTGTATGATGAAGGTCTTCGGATTGTAAATACTGTCTCCCGGG
ACGAAAGATGACGGTACCGGGGAAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAG
GTGGCGAGCGTTGTTCCGATTTATTGGGCGTAAAGGTCTGTAGGAGGTTTGCTAAATACGAGGTGAAATCC
GGGAGCTCAACTCCCGAATTGCCTTGTAGACTGGCAGACTGGAGTACTGGAGAGGTAAGCGGAATACCAG
GTGTAGCGGTGGAATGCGTAGATATCTGGTAGAACACCAAGAGCGAAGGCAGCTTGCTGGACAGTTACTGA
CTCTCAAAGACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGGTGTA
ACTTGATGTAGGGCGGTTTCACTCCGTTCTGTATCGAAGCTAACGCGTTAAGTTGACCGCCTGGGGACTACGG
CCGCAAGGCTAAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGCTTAATTCGAG
GCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGAAATATAAGTGCCAGTCTGTGAAAGCAGATCTCTCTTCGGAGCG
CTTATACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAGGTGTTCCGTTAAGTCCGGCAACGAGCGC
AACCCGTGTCTTAGTTACCAGCGGTCAAAGCCGGGACTCTAATGAGACTGCCCCTGTTAAGCGGGGAGGA
AGGCGCGGATGACGTCAAGTCAGTATGGCCCTTACGCCCAGGGCTGCACACGTGCTACAATGGTCGGTAC
AATGAGACGCAAAGCCGCGAGGTGGAGCAAATCTACAAAACCGATCTTAGTTCCGATTGTAGTCTGCAACTC
GACTACATGAAGTTGGAATCGCTAGTAAAGGCGTATCAGCTACGACGCCTTGAATACGTTTCCGGGCCTTGT
ACACACCGCCCGTCACATCATGGGAGTTGATTGCACCCGAAATCGCTGATCTGACCTGCAAAGGAGGAAGG
CGCCTAAGGTGTGGTCGATGACTGGGATGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCTGCGGCTGGAT
CACCTCCTT3'

>RB26

5'AAGGAGGTGATCCAACCGCAGGTTCTCCTACGGCTACCTTGTACGACTTCACCCCCAATCATTGGCTCTAC
CTTCGACTGCTGCCTCTAAAAGTTAGCTCACAGGCTTCGGGTATTTCCTCAACTCTCATGGTGTGACGGGCGGT
GTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACGGCAGTATGCTGACCTGCCATTACTAGCAATTCGCACTTCGTGCA
GGCGAATTCAGCCTGCAGTCCGAACCTGAGACCGCTTTTTGAGTTTTGCTTCATATCACTATGTTGCTGCTCTT
TGTAACGGCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAAGACATAAAGGGCATGATGATTTGACGTATCCCCACCTT
CCTCCGATTTATTACCGGCAGTCTTTCTAGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACTAGAAATAGGGGTTGCG
CTCGTTATTGGACTTAACCAAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCTCTGCC
CCGAAGGGAAACTGTATCTCTACAGCTGTGAGAGGATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGA
ATTAACACACATAATCCAGTCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTTCGACCCGTACTC
CCCAGGCGGAATGCTCAAAGCGTTAGCTGCGCTACTGCGGTGCAAGCACCCCAACAGCTGGCATTATCGT
TTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCAAGCTTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTAATGG
TCCAGTTGGCCGCCCTTCGCCACCGGTGTTCTTGCGAATATACGAATTCACCTCTACACTCGCAGTCCAC
CAACCTCTACCATACTCAAGCGTCCCAGTATCGAAGGCCATTCTGTGGTTGAGCCACAGGCTTTACCCCCG
ACTTAAACGCCGCCCTACGCGCCCTTACGCCCAGTGATTCCGAGCAACGCTAGCCCCCTTCGTATTACCG
CGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGGGCTTATCTTTGGTAGGTCAATTTGTTCTTCCCAATTAAGAAGT
TTACAATCCGAAGACCGTCATCCTTACGCGGCGTGTGCTGGGTGCAAGTGTGAGGCTTTTCGCCATTGCCAATTTCC
CACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGATCAACCTCTCAGTTCCGC
TACCGATCGTAGCTTGGTGGGCCGTTACCTCACCAACTATCTAATCGGACGCGAGGCCATCCTTCAGCGAA
TAAATCCTTTGGTCGGAATGTATGCGGCTCTCCGACATTATGCGGTATTAGCAACCATTTCTAGTTGTTGTT
CCCCTGAAGGGCAGGTTTCTCACGCGTTACTACCCGTCGCCCACTAGGTTTAAATGAAAGCAAGCTTCC
TTCTTAAACCCCGTTGACTTGATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTTATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB27

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTGACGTCTATCCCCCTTGCGGGTGAATCAACGGCTTTGGGTGCAA
TCGGCTCCCATGATGTGACGGGCGGTGTGTACAAGACCCGGAACGTATTCACGGCGTCTGAGCTGATACG
CCGTTACTAGCGATTCCGGCTTCATGGAGTGGGTTGCAGACTCCAATCCGAACCTGGGGCCGGCTTTGGGG
ATTGGCTCCGCCTCGCGGCATTGCTTCCTTCTGTACCGGTCAATTGTAGCACGTGTGCAGCCCTGGACATAAG
GACCATACTGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGGCTTATCACCGGCAGTCTGGCTAGAGTGCCTAACT
GAATAAGGGCAACTAACCACAGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACACCTCACAGCACGAGCT
GACGACAGCCATGCAGCACCTGTGCAGGCTCCGATTGCTACGGTCTGTCTCTTTTCGGGATCCTACCACCT
GCATGTCAAGTCCAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAAGCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTC
CCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAATCTTGCGACCGTACTCCCCAGGCGGTACACTTAACGCGTTGGCTACGG
CGCGCAAAGGGACAATTCCTCGCACACCAAGGTGTACACCGTTTAAGGTTAGGACTACCAGGGTATCTAATCC

TGTTTGCTCCCTAACTTTAGAGCCTCAGCGTCAGTATCTGGCCAGAGAGCCGCTTCGCCACCGGTGTTCT
TCTCGATATCTACGCATTTACCGCTACACCGAGAATTCCGCTCTCCTCTCCAGTACTCCAGCCGGGCAGTTT
TGAATGCAATTCCATCGTTGAGTTTTGGGCTTTCACATTC AACACACCCGACCGCTACGCTCCCTTTACGCC
CAGTAAATCCGAACAACGCTCGAGACCTCTGTATTACGCGGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGTCTCTTCCT
CCTGTGGTACTATCACTTCTCGGCGTTGTTGCGGCCAAGACCGTTTATCCCATGACAGGAGTTTACAATCC
GAAGACCTTCGTCCTCCACGCGGCGTCGCACCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGGAATGATTCTCGACTGCAG
CCTCCCGTAGGAGTCTGGGCAGTATCTCAGTCCAGTGTGGCTGACCATCCTCTCAGACCAGCTAACCCTC
ATCGCCTTGGTGGGCGGTTACCTCACCAACTAGCTGATAGTGCACGGGCTCGGCTCCAAGCGGCAGGCCTT
GCGGTCCCCGCCTTTAGTTTCGCCAAGATGCCTTGGCTCACCACATTCGGGATTATCTCCCTTTTCGGGAAG
TTATACCAACTTGGAGATGGATTGCCCATGTTGTA CTACCCCTTCGCCGCTTTCCTCCGGAAGTTCTTGTC
CGAAACTTGAACCTCCAGATTCTCGCTCGACTTGCATGCCTAATCCGCGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCC
AGGATCAAACCTCT3'

>RB28

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCCAATTATCAAGCCCAC
CTTCGGCCGCGCCCTCCTTGCGGTAGACTACGGACTTCGGGTGTTCCCGACTCTCATGGTGTGACGGGCG
GTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCAATTCGACTTCAC
GTGGGCGGGTTCAGCCCCACGATCCGAACAGAGCAGCTTTTGGGATTGCTCCTCCTTACGGATTGCTT
CCCTTTGTTGATCGCCATTGTATTACGTGTGTAGCCAGGACATAAGGGGCATGATGATTGACGTCGTCCCC
GCCTTCCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCTCGCTAGAGTGTCTTGCGTAGCAACTAACATAAGGGTTGCGC
TCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCAACTTC
CCCGAAGGGCACCTAATGCATCTCTGCCTCGTTAGTTGGATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCG
TCGAATTAACACATAATCCACTGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGCCGT
ACTCCCCAGGTGGAATACTTATTGTGTTAACTCCGGCACGGAGGGGGTCAGTCCCCCCACACCTAGTATTCA
TCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTT
GTCGTCCAGTAAGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCCAATCTCTACGCATTCACCGCTACACTGGGAATT
CCACTTACCTCTCCTGCACTCAAGCCCCGACAGTATCCAAAGCAATTCACCTTAAAGCAGGACTTTCACTC
CAGACTTACCGGGCCGCTACGCGCCCTTACGCCCAATCATTCCGGAACGCTCGCCCCCTACGTATTA
CCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGGGCTTCTCCTTGCTACCGTCTCTTCCTCTTCACCAAGGACA
GAGGTTTACGATCCGAAAACCTTCTCCCTCACGCGGCGTTGCTGGGTACGGGTTTCCCCCATTGCCCAATA
TTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGATCACCCTCTCAGGT
CGGCTACCGATCGTCGACTTGGTGGGCCGTTACCTCACCAACTATCTAATCGGACGCGAGCCACCCCTTA
CCGATTGCTCCTTTGACCCCTGTGAGATGTCTACCGTGGTCTCATGCGGTATTAGTACAACCTTTCGCTGTG
TTATCCCCCTGTAAGGGACAGGTTGCTCACGCGTACTCACCCGTCCGCCGCTAGAACAAATACATCTTTCCTT
CCAACCGAAATCTTCTGGTCCGTGCGATGTCCCCGCTCGACTTGCGTGTGTTAGGCACGCCGCCAGCGTTC
GTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB29

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCATGCTTCATACATGCAAGTCGAACGAGAAGCTGA
CTTCGGTCAGTGGAAGTGGCGGACGGGTGAGTAATATGTAGGAAATCTGCCCTAGAGAGGGGGACAACA
GAGGGAAACTTCTGCTAATACCCCATATGAGCTTGGCTGCAATGCCAATCTTGAAACTCCGGTGCTCTAGG
ATGAGCCTGCATCTGATTAGCTTGTGGTGGTGTAAATGGACTACCAAGGCGACGATCAGTAGCTGGTTTGA
AGGATGATCAGCCACAATGGGACTGAGACACGGCCATACTCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATTTTG
CGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCAATGCGCGTGAATGATGAAGCCCTTCGGGGTGAAAGTTCTGTG
AGTGGGGACGAAACTTGACGGTACCCACAGAGGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAAT
ACGGAGGGTGCAAGCGTTGTTTCGGAATCATTGGGCGTAAAGAGTTCTGAGGCGGTATGTAAAGTCCGGTGT
TAAATCCCGAAGCTCAACTTCGGCATGGCACTGGATACTTGCAACTAGAATGCGGTAGAGGTAAAGGGAAT
TCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCAGGAGGAACATCGGTGGCGAAAGCGCTTTACCGGGCCGTT
ATTGACGCTGAGGAACGAAAGCCGGGGTAGCAATGGGATTAGATACCCAGTAGTCCCGGCCGTAAACG
ATGGATACTAGGTGTTGCGGGTATCGACCCCTGCAGTGCCGTAGCTAACGCGATAAGTATCCCGCCTGGGG
AGTACGCACGCAAGTGTGAAACTCAGAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAACATGTGGTTTAA
TTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGGCTTGACATCTGAGGAACTTTTGTGAAAGCAGAAGGTGCTCTT
CGGAGAGCCTCAAGACAGGTGGTGCACGGTTGTCGTGAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGC
AACGAGCGCAACCCCTCGTCGTTAGTTGCACATATCGGTATACTGATATGATGCTCTCTAGCGAGACTGCCGG
TGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGCTCTGGGGCTACACACGTGTT
ACAATGGCTATGACAACGAGCAGCAACCCGCGAGGGTGAGCAAATCTCTTAAACATAGTCTCAGTTCGGAT
TGCACTCTGCAACTCGAGTGCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAACCGCAGATCAGCACGCTGCGGTGAATAC
GTTCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGAAGTCGACCACGCCCGAAGTACGTGAGCTAACC

ATTTGGAGGCAGCGTCCTAAGGCAGGGTTGGTGA CTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAA
GGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB30

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTAACACATGCAAGTCGAACGGGGATTG
TTTCGGCAGAATCCTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGATTGGGACAACA
CCCCGAAAGGGGTGCTAATACCGGATACGAAGACAGCACCGCATGGCGCTGTTTTGAAAGATGGCCTCTAT
TTATAAGCTATCGCCGGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGGTTGGGGGGTAACGGCCCCACCAAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGGGTGAGGAAG
TCCTTCGGGACGTAAAGCCCTGTTGTTTATGACGAACGGTCCCTCTATCAACAACGGAGGGGAATGACGGTA
ATAGACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG
GAATTATTGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGCGGTTTAACTCTGTCTGAACTGCGGGGCTCAGCCCCGT
ATGGCGATGGAACTGGGTCGTTTGAAGTGCAGGAGAGGAAAGGGGAACTCCAGTGTAGCGGTGAAATGC
GTAGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCCTTTCTGGACTGtGCTGACGCTGAGATGCCAAAGC
CAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGGTACTAGGTGTGGGAGGT
ATCGACCCCTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTTAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGGTCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTGGTTTAAATTCGACGCAACGCGAAGAACC
TTACCAGGGCTTGACATCGACTGAAAGGAGCAGAGATGTTCCCTCTCTTCGGAGACAGGAAGACAGGTGG
TGCATGGCTGTCTGACGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATCCCA
TGTTACCATCATTGAGTTGGGGACTCATGGGAGACTGCCAGGGACAACCTGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTGGGTACACACGTA CTACAATGGCCGGCAACAGAGGGAAGCGAAG
CCGCGAGGCGGAGCGAACCCAGAAACCCGGTCCAGTTCGGATCGCAGGCTGCAACCCGCGCTGCGTGA
AGTCGGAATCGCTAGTAATCGCAGGTGAGCATACTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCC
CGTCACACCACGAAAGTTGGTAACACCCGAAGCCGGTGGGGTAACCGTAAGGAGCCAGCCGTCTAAGGTG
GGGCCGATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB31

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCAGTTTTCG
CTTAGGCCGATCCTCGCGGTGACGGAATTCAGGCACCCCGGCTTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCGTGGAGTCG
GGTTGCAGACTCCAGTCCGAACCTGAGAGGGGATTCACGATTTCGCATCCCGTCGCCGGGTAGCGGCGCGC
TGTGCCCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTT
CCTCACATCTTGCGATGGCAGTCCCATCAGAGTGCCACCCCTAAGTGATGGCAACTGACGGCAAGGGTTGC
GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTACGGCACGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACACCA
GCCCCGAAGGGAACAGGCATCTCTGCCTGGGTCTGGCGCAGTTCAAGCCCGGTAAGGTTCCCTCGCGTAT
CATCGAATTAACACATGTTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCCCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGG
CGTACTCCCCAGGTGGAATGCTTAATGGTTTCCCTAGGTCCCGGACATTATATCGCCGAGAACGAGCATTCA
TCGTTTACTGTGCGGACTACCGGGTATCTAATCCTGTTTGCATCCCCGCACTTTCGAGCCTCAGCGTCAATCG
CACCCACAGCGCTGCCTTCGCAATCGgAGTTCTTCGTATCTAAGCATTTACCCGCTACACAACGAATTC
CACCGTCCTTGTGTATTCAAGACCCCCAGTTCCAACGGCATGCCAAGGTTGGGCCATGACATTTGACCGC
TGGCTTAAAGGCCCGCCTACGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTCGCATCTTCCGTATTACC
GCGGCTGCTGGCAGGAATTAGCCGATGCTTATTCGTAAGTACATACAAAAATCCCAACGCTGGGACTT
TATTTCCAAACAAAAGAGGTTTACAACCCGTAGGGCGCTATCCCTCACGCTACTTGGCTGTTTCAAGGCTCT
CGCCCGTTGACCAATATCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGG
GACCTTCCTCTCAGAACCCCTACCGATCGTCGGCTAGGTGGGCCGTTACCCCGCCTACTACCTAATCGGAC
GCATCCTCATCCATCGCCGACAAGTCTTTACTCAAGAAAAGATGTCTTAACCTTGAGACCATCAGGTATTAATCT
TTCTTTGAAAGGCTATCCCTGAGCCATGGGTAGATTGGATACGTGTTACGCACCCGTGCGCCGGTCGCCAT
CTGAAATAGCAAGCTATCTCAATGCTGCCCTCGACTTGCTATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTCATCCTGA
GCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB32

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCTGTTTCG
CCTAGGTCGCTCCTTGCGGTACGAACCTTCAGGCGCCCCAGACTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCACGGAGTCG
GGTTGCAGACTCCGATCCGAACCTGAGGCGGCTTTTTGAGATTACATCCTGTCAACAGGTAGTTTCCCTTTGT
AACCGCCATTGTAACACGTGTGTGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCCCCCCTCC
TCTACCTTGCGGTGGCAGTCCCGCCAGAGTCCCCACCACGACGTGCTGGTAACTGACGGCAAGGGTTGC

GCTCGTTATGGCACTTGAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCGACAGGT
 GTCCCGAAGGACGTACCATCTCTGGATCTCTTCACCTGCCGTTGAGCCCCGGTAAGGTTCCCTCGCGTAT
 CATCGAATTAACCACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGTC
 GTACTCCCCAGGTGGATGGCTTATCGCTTTCGCTTGGCCACTGATCCGTATGAACCAGCGGTTAGCCATCAT
 CGTTTACTGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGATCCCCACGCTTTCGTGCCTCAGCGTCAATCAC
 CCCTTCGTGAGATGCCCTTCGCAATCGGTGTTCTGTGTGATCTCTATGCATTTACCGCTACACCACACATTCC
 TCCCACGGCAGGGGCATTCAAGCCAGCCAGTTCGCGAGGCAGTTCACAGGTTGAGCCCCGACATTTACC
 TCACGCTTAACAAGCCGCTGCGCACCTTTAAACCAATAAATCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCGACAGGTACTCTCATCGTATTACACGTAATACTTATT
 GCTCCCCTACAAAAGCGGTTTACAACCCATAGGGCCGTCCTCCCGCACGCGGCATGGCTGGTTCAGCCTCT
 CGGCCATTGACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGG
 GACCTTCCTCTCAGAACCCCTAACCATCGTCGCCATGGTGGGCCGTTACCCCGCCATCTAGCTAATGGTAC
 GCGAGCCGATCCGGTATCAATGAATCTTTCAAACATGGACCATGCGATCCTCGTTGTTATGGGGTATTACGC
 ATCGTTTCCAATGACTATCCCCAATACCGGGCACGTTGCTCACGCGTACTCACCTTTCCGCGGTGCGCG
 CCAGATATTGCTACCCGCGCTGCCCTCGACTTGATGTGTTAAGCCTGCCGCTAGCGTTCATCCTGAGCCA
 GGATCAAACCTCT3'

>RB33

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCATAACACATTCAAGTCGAACGAAGCGTGCG
 GAACGAGACCTTCGGGTCAAGAGAAGTACGACTTAGTGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGGAACCTGC
 CCTTCAGTGGGGAACAACAAGTAGAAATGGTTGCTAATACCGCATAATGTCGGATTGCCGCATGACAGACCG
 ACCGAAGGATTTATTCGCTGAAGGATGGCCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGTGAGGTAACGGCCCCACAA
 GTCTACGATCGGTAGCCGAAGTGAAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTAC
 GGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCAACGCCGCGTGAAGGATGA
 CGGTCTTCGATTGTAAACTTCTTTAATTGGGGAAGAACAATAAGCTACCCAAAGAATAAGTCACGGCTAA
 CTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGACAAGCCTTATCCGGATTTACTGGGCGTAAAGGGCGTG
 TAGGCGGTCTTGCAAGTCAGAAGTGAATTCCTGAGCTCAACTCGGGCGCTGCTTCTGAAACTGCAGGACTT
 GAGTGTGGAGGGGATAGCGGAATTCCTAGTGGAGCGGTAAAATGCGCAGATATTAGGAAGAACACCGGTG
 GCGAAGGCGGCTATCTGGACAGTAAGTACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATA
 CCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAATACTAGGTGTAGGGGTATCGACTCCCTCTGTGCCGCAGTTA
 ACACAATAAGTATTCGCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC
 ACAAGCAGTGGATTATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGGCTTGACATCCTCTGACC
 GCTCTAGAGATAGAGTTTCCCTTCGGGGCAGAGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTACAGTCTGTGCTG
 AGATGTTTGGTTAAGTCCAATAACGAGCGCAACCCCTATGGTCAGTTGCCATCATTAGTTGGGCAGTCTGG
 CAAGACTGCCGCGGACAACGCGGAGGAAGGAGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTCCTGGG
 CTACACACGTAATACAATGGCAACGACAGAGGGCAGCAAAACCCGCGAGGGCAAGCAATCCCCAACGTT
 GTCTCAGTTCGACTGCAGGCTGCAACCCGCTGCACGAAGTCGGAATTGCTAGTAATGGCAGGTGAGCAT
 ACTGCCGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTCTGCAATACCCGAAG
 TCAGTAGCCTAACCGCAAGGAGGGCGCTGCCGAAGGTAGGGCCGATAATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGG
 TAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB34

5'AAGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGACTACCTTGTTACGACTTCACCCCCCTCACGGAACGTA
 CCTTCGGCATGGTCTCCTTGCGGTTAGACTCAGACTTCGGGTACCCCCACTCGGATGGTGTGACGGGC
 GGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCACCGTGCTGATGTGCGATTACTAGCGATTCCAACCTCAA
 GGAGTCGGGTTTCAGACTCCTATCCGGACTGAGGCAGGCTTTCTGCGTTTCGCTCCAGGTCACCCCTTCGC
 ATCACTCTGTACCTGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTGGACATAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCC
 CCACCTTCCTCCGTTTGTACCGGCAGTTCCGCCAGAGTCCCTCAGCATTACCTGCTAGTAAGTGGCAGTAG
 GGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTG
 TTCACAGGCGCATTGCTGCGCTTACTTATCTCTAATAATTCTGTGTATGTCAAACCCAGGTAAGGTTCCCTCG
 CGTACCATCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTACCCTTG
 CGGGCATACTCCCCAGGCGGTACACTTATCGCGTTTGCTTCGGCACCCACTCTCATGAGCGGACACCCAGT
 GTACATAGTTGACTGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCTCGCACCTTCGCACCTCAGCGT
 CAATCATCTGCTGGCAGCCTGCCTTCGCCATTGGTATTCTCCAGATATCTACAGATTTACCCCTACACCTG
 GAATTCTGGCTGCCCTCAGCGATTCAAGTTCTGCAGTTTCCAACGCAGTTCCGGGGTTGAGCCCCGGCATT
 TCACACCAGACTTGCAAGAACGCGCTACATGCCCTTTACGCCAATAATTCCGAACAACGCTCGCAACTTACG
 GTTACCGCGGCTGCTGGCACGTAATTAGCGGTTGCTTATTCATGACCTACAGTCACCACAAAGCGTCTCTCT
 CACTCTGCTTATTCTCAGTCATAAAAGGATTTTACAACCTTCGGGCTTCATCATCCACGCGGCGTGCCTCC

GTCAGACTTTCTGTCATTGCGGAATATTCTTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTATCTCAGTCC
CAATGTGCCCCGATCACCCCTCTTAGGCCGGGTAACATATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTACCTCACCAACTAG
CTAATAGTACGCGGGCCGCTCTCTGTGCGAATCAAAAGATCCTTTCCTGCATGTCTCTGACAACATGCAGC
GTATCCGGTATTATCTCTATTTCTAGGAGCTGTCCCCGTACAAAGGTACGTACCCACGCGTTACTCACCA
GTCCGCCGCTCTAGGATAGAAGCAAGCTTCCATCTTACCGCTCGACTTGCATGCTTAAGACGCGCCGCCAG
CGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB35

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACTGCTACCTTGTATGACTTAACCCCAATCACCAATCCCAC
CGTAGGCGGGCGCCCTCTTGCCTTAACTACCGACTTTGGGTGAAATCGACTCTCATGGTTTGACAGGCGGTG
TGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACCGCTGCATTCTGATCAGCGATTACTAGCAATTCAGCTTCATGCCCT
CGAGTTGCAGAGGACAATCCGAAGTACGACGGTTTTTAGGATTGGCTTTGCCTTGCAGATTGCGACCCAT
TGTTACCGCCATTGTAGTACGTTTGTAGCCCGACCCGTAAGAACCATGATGACTTGACGTATCCACACCTTC
CTCCCGCTTGACGCGGGCAGTCCCTTAAGAGTTCCCGGCATTACCCGCTGGCAACATAGGGCGTGGGTG
CGCTCGTTGCAGGACTTAACCTAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCATCTGTCTTTGGT
CCAACCGAATTGAAGACAACCATCTCTGGAAGTCGCGACCAAGATGTCAAGGGTCGGTAAGGTTTCTCGCG
TAGCATCGAATTAACAACATACTCCACTGCTTGTGCGGGTCCCGTCAATTCCTTTAAGTTTAACTTTGCGA
TCGTAGTCCCCAGGCGGCATGCTTAACGCGTTAGCTACGTCACTGATCCCCGAAGGAAACCAACAACAG
CATGCATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGAGTATCTAATCTGTTTGTACCCACGCTTTCGTCCCTCAGTGT
CAGCGACGATCCAGAAGACTGCCTTCGCCATTGGTGTCTATCTGATATCTACGGATTTCACCCCTACACCA
GATATTCATCTTCTCTATCGCGCTCCAGTTTGCCAGTATCAAAGGCAGTTCAGGGTTGGGCCCTGGGATT
TCACCCCTGACTTAACAAACCACTACGGACGCTTACGCCCAGTAAATCCGAACAACGCTTGCACCCCTCG
TATTACCGCGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGTGCTTTTTCTGCTACTACTGTCATCATCTTCATGACTAAA
AGAACTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTATTACGCGGCATGGCTGGGTGAGAGTTTCTCCATTGCCCAAT
ATTCTTAGCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGCGTGGCTGATCGTCTCTCAGA
CCAGCTATGGATCATTGCTTTGGTAGGCCATTACCCACCAACTGGCTAATCCAACGCGGGCACATCCATCA
CCGATAAATCTTTCCTTTCGCGGGCGTATGCGGTATTAGCGTTTCGTTTCCAAACGTTATTCGCCAGTGAAGGG
CAGTTTCCACGCGTTACTCACTCGTGCGCCACTGACTTCAGAGAGCAAGCTCTCTGTATCCGTTTCGACTT
GCATGCCTAAGACCTGCCGCCAGCGTTCGTTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB36

5'CAGACCCCAATCCGAAGTGAAGACGGCTTTCAAGATTGGAGCGCACTCGCGTACGCCCGACTCTCTGTAC
CGCCCATTTGAACACGTGTGTAGCCCCGACGTAAGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCA
CACCTTACGGTGGCAGTATCACCAGAGTGCCACGATTACCTGATGGCAACTAATGAAAAGGGTTGCGCTC
GTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCAGGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCGGGCCC
CGAAGGGCGTCAACATCTCTGTATCCTTCCGCTGCAGTTCAAGCCCGGTAAGGTTTCTCGCGTATCATCGA
ATTAAACCACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTACTC
CCAGGTGGGATGCTTAACGATTTCTTTCGCGCTCACAGTATATCGCAAACAGCGGGCATCCATCGTTTA
CCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTAAAGGCCT
TGTTGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTGATATCTAAGCAATTCACCGCTACACCACGAATTCGCCAA
CATCGAACTCACTCAAGATAACCGATTTCGCGACGCGAGTTGAGCCGTTGAGCGGCTACATTCACGTCACGCT
TAATCATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGGTATTACCGCGGC
TGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTCTACATACGTAACCTACAAAACACTACAGCTTTATCCCT
GTATAAAAGCACTTTACAACCCATAGGGCCGTCCTGTCAGCTACTTGGCTGGTTAGACTCTGTCCATT
GACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGACCTTCC
TCTCAGAACCCCTACTGATCGTAGGCTTGGTGGGCGGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCATCCCC
ATCCTATACCGGTAAACCTTTGGTATTATTAGATGTCCTCGAAATACAACATAGAGTATTAATCCGACTTTCCG
CCGGGCTATCCTCTAGTATAGGGAAGGTTGGATACGCGTTACT3'

>RB37

5'GATGAGCTCGCGAGACATTAGTTAGTTGGCGGGGTAACGGCCCCACCAAGACCGCGATGTCTAGGGGAAC
TGAGAGGTTGGTCCCCCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGAGGAAT
ATTGGACAATGGCCGGAAGGCTGATCCAGCCATGCCGCGTGAAGGATAAGGTCCTATGGATTGTAACTTCT
TTTGAGTGGGAGCAATAAGGATGTCTGACATCCGATGAGAGTACCATTGCAATAAGCATCGGCTAACTCCG
TGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGGTGCGTAGGC
GGTTTGTCAAGTCAGCGGTGAAACGCAAGGGCTCAACCCCTGACCTGCCGTTGAAACTGATTGACTAGAATG
CGGATGCTGTGGGAGGAATGTGTGGTGTAGCGGTGAAATGCATAGATATCACACAGAACACCGATTGCGAA
GGCACCTCACAATCCGTGATTGACGCTGAGGCACGAAAGTGTGGGGATCAAACAGGATTAGATACCCTGG

TAGTCCACACTGTAAACGATGATGACTCGCTGTGCGCGATATACAGTCGGTGGCCAAGCGAAAGCGATAAG
 TCATCCACCTGGGGAGTACGACCGCAAGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGAG
 GAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTCGAACGGCAAGTGAAGGATCTAGA
 GATAGTGACGTCCTTCGGGACACTTGCCGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTGCG
 GCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTGCCATTAGTTACCAGCACGTAAGGTGGGGACTCTAGTGCGGA
 CTGCCACCGTAAGGTGAGAGGAGGGGGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCGAC
 ACACGTGTTACAATGGTGGGTACAGAGGGCAGCTACCTGGCGACAGGATGCAAATCTCGAAAACCCATCTC
 AGTTCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCG
 CGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCTGGGGGTGCTTGAAGTCC
 GCGACCGAAAGGAGCGGCCTAGGGCAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGG
 AAGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB38

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCGGTTTCA
 CCCTAGGCCGACCCCTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCCGGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTA
 CAAGGCCCGGGAACGTATTACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTC
 GGGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGAGAGCTTTAAGGATTGGATCGCAATTGCTGACGACCGACTCTC
 TGTAATCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTATCCCCACCTT
 CCTCACACCTTACGGTGGCAGTATCCGCAGAGTGCCCGACACTACCTGATGGCAACTACGGACAGGGGTTG
 CGCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACCAG
 CGCCCCGAAGGGCCTCAACATCTCTGTATCGTTCGCTGGCAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTTCTCGCGTAT
 CATCGAATTAACCACATGTTTCTCCGCTTGTCGCGGCCCGCTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGG
 CGTACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGCTTTCGCTTGGCCGCTGACATTGTATCGCCAACAGCGGGCATCC
 ATCGTTTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGATAACCCGCACCTTCGAGCTTTAGCGTCAGTA
 AAGGACTCGTCAGTGCCTTCGCAATCGGGGTTCTTCGTGATATCTAAGCATTTACCCGCTACACCACGAATT
 CCGCTGACGTGCTACTCACTCAAGACTGCCAGTTCGCGACGCAAGTTCAGCCGTTGAGCGGCTACATTTAC
 GTCACGCTTAACAATCAGCCTGCGCTCCCTTTAAACCCAATAAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCCGTATT
 ACCGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTCATGCGGTACCTACAAAAAGGGACACGTCCCTCA
 CTTTATCCCCGCATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTCATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTCCAGGC
 TCGCGCCCATGACCAATATTCCTCACTGCTGCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTG
 GGGGACCTTCTCTCAGAACCCCTACTGATCGTTGGCTCGGTGGGCCGTTACCCCGCCGACTACCTAATCA
 GACGCATCCCATCCTATAGCGGTGAACCTTTGCTTCTCGTCAGATGCCATCAAAGAAGAACATAGAGCATT
 AATCCGACTTTCCCGGGCTATTCTCTACTATAGGGAAGGTTGGATACGCGTACTACCCGTCGCCCGGTG
 GCCATCAAAGTTGTGCAAGCACATCTTCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTT
 ATCCTGAGCCAGGATCAAACCT3'

>RB39

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGAGATTAA
 CGCTGATGAAGCTTCGGCAGAATCTTGTTAAATCTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGCAACCTG
 CCTCATACTGGGGGATAACAGCTGGAAACGACTGTTAATACCGCATAAGCGCACGGTATCGCATGATACAGT
 GTGAAAAACTCCGGTGGTATGAGATGGCCCCGCTCAGATTAGCCAGTTGGCAGGGTAACGGCCTACCAAA
 GCGACGATCTGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGGACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAAACTCCTA
 CGGGAGGCAGCAGTGAGGAATATTGGTCAATGGGCGTGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGGTGCAGGATGA
 CGGCCCTATGGGTTGTAACTGCTTTTATGCGGGGATAAAGTGAGGGACGTGTCCCTTTTGTAGGTACCGC
 ATGAATAAGGACCGGCTAATTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTT
 ATTGGGTTTAAAGGGAGCGCAGGCGGGTTATTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAAGT
 CGTCGCGAAGTGGTTATCTTGAGTGAGTTCGATGTTGGCGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGAT
 ATCAGCAAGAACTCCGATTGCGAAGGCAGCCAACAAGGCCTTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGT
 ATCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTTTGGCATATACTGTG
 AGCGGCCAAGAGAAATCGTTAAGCATCCACCTGGGGAGTACGCCGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATT
 GACGGGGGCCCGACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCT
 TGAAGTGCAGGTGAACGATACAGAGATGTTGAGGTCTTCGGGACACCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTC
 GTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTTATTAGTTGCCATCAGG
 TAAAGCTGGGCACTCTGGTGATACTGCCACCGTAAGGTGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCAC
 GGCCCTTACGTCCGAGGCTACACACGTGTTACAATGGGAGGTACAGAGAGTGGTTCGTACGCAAGTACGAT
 CTAATCCTAAAAGCCTTCTCAGTTTCGATTGGGGTCTGCAACCCGACCCCATGAAGCTGGATTGCTAGTA
 ATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAA

GCCGGGGGCGCTTGAAGTCCGTGACCGCAAGGATCGGCCTAGAGCGAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCG
TAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB40

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTAACACATGCAAGTCGAACGGAGGTTTTG
TTTCGGCAGAACCTTAGTGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGCCGGGACAACA
CGCCGAAAGGTGTGCTAATACCGGATACGAAGGCGGCATCGCATGGTGCTGTTTTGAAAGATGGCCTCTAT
GTATAAGCTATCGCCGGGGGATGGGCCTGCGTCCGATTAGCTGGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATCTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAGGAAG
TTTTTCGGAACGTAAAGCTCTGTTGTACCCGACGAACGTGCCCTCTATGAACAACGGAGGGTAATGACGGTA
GGGTACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG
GAATTATTGGCGTAAAGAGTGAGCAGGCGGCATGGTAAGTTTGAAGTAAAAGCGTGGGGCTTAACCCCAT
ACAGCTTCGAAAACCTGCCAGGCTAGAGTACGGGAGAGGTAAACGGAACTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGATATATGGAAGAACACCAAGTGGCGAAGGCGGTTTACTAGCCCCGATACTGACGCTCAGTCACGAAAGCG
TGGGGAGCAAATAGGATTAGATACCCTAGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCTACTAAATATTGCAGTGATG
CAGTGTGTAAGCTAACGCATTAAGTAGACCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTGAACTTAAAGGAATT
GACGGGGACCCGCACAAGCAGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCTACGCGAAGAACCTTACCAGGACTT
GACATGGATACAAATGTTTCAGAGATGAAAAGATAGTTATGGATCACACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAG
CTCGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCTTAGTTACCATCATTTAGTTG
GGGACTCTAAGGAGACTGCCGATGTAAGTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTTAT
GTCCTGGGCGACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAAAGGGATGCCAAGCCGCGAGGCGGAGCAAACT
CACAAAGCCGGTCTCAGTTCAGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATTGCTAGTAATCGCA
GAACAGCCATGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGTCTGTACACACCCGCCGTCAAACCATGAGAGCTGGTA
ATACTCGAAGTCGTTATCCTAACCAGCAAGGGGGGAGACGCCTAAGGTAGGACTGGTGATTGGGGTTAAGTC
GTAACAAGGTATCCCTACGGGAACGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB41

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACGTTCCCGTAGGGATACCTTGTTACGACTTCACCCAGTCGCTAATCCTA
CCTTCGATGGCCCCCTCCTAAAAGGTTAGGCTACCAGCTTCGGGTATTATTAACCTCCCATGGCGTGACGGGC
GGTGTGTACAACACCCGGGAACGTATTCACCCCAACATTCTGATTTGGGATTACTAGCGATTCTAACTTCATG
AAGTCGAGTTGCAGACTTCAATCCGGACTGAGACTGGCTTTTGAGTTTGCTCCATGTCAACATTTGCGTCTT
TTTATACCAAGCCATTATAGCACGCCTGTTGCCCTGGACGTAAGGGGCATGATGATTTGACGTCACTCCCAACC
TTCCTCCGGTTTATCACCGGCAGTATCTTTAAGGTTCTCAACTTAATGTTAGCAATTAAGATAGGGGTTGCGC
TCGTTATTGGACTTAACCAAAACATCTACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCAACCAATGTC
CCCGAAAGGAGGGTTCGTGTTTCCACAAACTTTCATTGGGATGTCAAGCCCAGGTAAGGTTCTTCGCGTATC
TTCGAATTAACAGCATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTGCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAGCCTTGCGACC
GTACTACTCAGGTGGAATACTTAATGTGTTAACTTCAGCACCGAATAAATCCGACACTTAGTATTCATCGTTTA
CGGCGTGGACTACTAGGGTATCTAATCCTATTGCTCCCCACGCTTTTCGTGTCTCAGCGTCAGTTTTGCCCA
GCAAATCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTAATATCTACGCATTTTACCGCTACACTAGAAATTCATTGCC
TCTACCATACTCAAGAAATACAGTTTCTAAGGCGAACTGGAGTTGAGCTCCAGGCTTAGACCTTAGACTTATA
TTCCCGCTACACACGCTTTACACCCAATAATTCCGATAACGCTCGCATCCTACGTATTACCGCGGCTGCT
GGCACGTAGTTAGCCGATGCTTTCTGAAAGGTACCGTCACTCCATACTCATTCTAATATGGTCTGTTCTTCC
CTAACACAGAAAGTTTACAATCCAGAGGACCGTCACTCTTACGCGGCATTGCTCGTTCAGGGTTTCCCCCA
TTGACGAATATTCTAAGTCTGCTCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGACCTT
CCTCTCAGAACCCCTACTGATCGATGGCTTGGTGGGCCGTTACCCCGCCAACAACCTAATCAGACGCATCC
CCATCCCTTAGCGGTAAACCTTTATTCCAGCTCAGATGTCCTCATTGGAAAACATAGGGTATTAATCCGACTTT
CGCCGGGCTATCCCTACTAAGGGCCAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTCGCGCGGTGCGCGACAAG
GTTAGCAAGCTAACCTCTCGCTGCCCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCATCCTGAGCC
AGGATCAAACCTCT3'

>RB42

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGGGTTTAAG
AAGGAAGCTTGCTTTTCAATTTAAACCTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGGAACCTGCCCTTCAGTG
GGGAACAACAACCTAGAAATGGTTGCTAATACCGCATAATGTCGGAGAGCCGCATGACATTCGACCAAAGG
ATTTATTGCTGAAGGATGGCCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGTGAGGTAAACGGCCCACCAAGTCTACGAT
CGGTAGCCGAACTGAGAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCAACGCCGCGTGAAGGATGACGGTCTTCG

GATTGTAAACTTCTTTAATTGGGGAAGAACAAAATGACCTACCCAAAGAATAAGTCACGGCTAACTACGTGCC
 AGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGACAAGCGTTATCCGGATTACTGGGCGTAAAGGGCGTGAGGCGGTC
 TTGCAAGTCAGAAAGTGAATTCCTGAGCTCAACTCGGGCGCTGCTTCTGAAACTGCAGGACTTGAGTGCTGG
 AGGGGATAGCGGAATTCCTAGTGAGCGGTAATGCGCAGATATTAGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGC
 GGCTATCTGGACAGTAACTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTA
 GTCCACACTGTAAACGATGATTACTAGGTGTGGGGGTCTGACCCCTTCCGTGCCGAGCAAACGCAATAA
 GTAATCCACCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCAACAAGCAGT
 GGATTATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGCACTTGACATCCAACCTAACGAAATAGAG
 ATATATTAGGTGCCCTTCGGGAAAGTCGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTCTGAGATG
 TTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCCTGCCATTAGTTGCTACGCAAGAGCACTCTAATGGGACCGC
 TACCGACAAGGTGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTGCTGGGCTACACACGT
 AATACAATGGCCGTTAACAAAGGGAAGCAATCTCGCGAGAAGGAGCAAAACCCCAAAAACGGTCCCAGTTC
 GGACTGCAGGCTGCAACCCGCCCTGCACGAAGTTGGAATTGCTAGTAATCGTGGATCAGCATGCCACGGTGA
 ATACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCCGCCCTGCACACCATGGGAGTCGGTAATACCCGAAGTCAGTAGTCTA
 ACCGCAAGGAGGACGCTGCCGAAGGTAGGATTGACGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGA
 GAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB43

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCTGTTTAC
 CCTAGGCCGCTCCTCTCGGTCACGGACTTCAGGTACCCAGACTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
 AGGCCCGGGAACGTATTACCGCGCCATGGCTGATGCGGATTACTAGCGAATCCAACCTTCACGGAGTCGA
 GTTGCAAGTCCGATCCGAAGTGAAGCCGCTTTCGAGATTGCTCCCTGTACCAGGTGGCTGCCCTCTG
 TACCGGCCATTGTAGCACGTGTGTGCCCTGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTATCCCCACCTTC
 CTCTCGGCTTGCGCCGGCAGTCCCTCCAGAGTCCCCGGCTTTACCCGCTGGCAACTGGACGTAGGGGTTG
 CGCTCGTTATAGGACTTAACCTGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTTGCTAAGC
 GCCCCGAAGGGAAGATTCAATTTCTGAATCGGTCGCTCAACATTTGAGTCCAGGTAAGGTTCCCTCGGTATCA
 TCGAATTAACCACATGCTCCTCCGCTTGTCGCGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCGATCGT
 ACTCCCCAGGTGGATAACTTATCGCTTTCGCTTTGTACCGACTGTCTATCGCCGACAACAAGTTATCATCGT
 TTAGTGGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGATCCCCACGCTTTCGTGCCTGAGCGTCAGTCCCGG
 CCTCGCCAGCTGCCTTCGCGATCGGTGTTCTGTGGCATATCTAAGCATTTCACCGCTACATGACACATCCG
 CCGGCGCCGTCCGTACTCTAGCACGCCAGTATCAATGGCAGTCCCCGGTTGAGCCGGGAGATTTACCAC
 TGACTTAACGCGCCGCTGCGCACCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTTGATCCTCCGTATTACC
 GCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCGCCCCGATACTCTCATCGGTCTACGCATAGACCTTATT
 ACTCTCGACAAAAGGAGTTTACAACCCATAGGACCTTCTTCCACGCGGCATGGCTGGTTCCAGACTTCC
 GTCCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTGGGG
 ATAAGCCTCTCAGTCCCCTAGACATCGTCGCTTGGTGGGCGCTTGCCCCGCCAACTAGCTAATGTCACG
 CATGCCATCCGTAAACACCGAAGCTTTCGTTATCTAACATGCGAAAGAATAACAATATGGGGTATTAGTGG
 AAATTTCTCTCCGTTATCCCCCTGTTACAGGTAGGTTGCATACGCGTTACGCACCCGTGCGCCGGTGTGAG
 CAGAGTATTGCTACTCCCTGTTACCCCTCGACTTGATGTGTTAAGCCTGCCGCTAGCGTTATCCTGAGCCA
 GGATCAAACCTCT3'

>RB44

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAGACATG
 CGACGGACCGGAAGTTTTCGGATGGAAGGGAAGACGCATGTTTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTG
 AGCAACCTGTCTTCACAGGGGGATAACACAGCGAAAGTTGACTAATACCGCATAAGACCACAGGGTCAC
 ATGATCGAGGGGTCAAAGGAGCAATCCGGTGAAGGGTGGGCTCGCGTCCGATTAGGTAGTTGGTGAGGTA
 ACGGCCCACCAAGTCGACGATCGGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACG
 GCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGGGAAACCCTGACCCAGCAACGC
 CGCGTGAGGGAAGAAGTTTTCGGATCGTAAACCTCTGTCTTGGTGAAGAGAAAGAGACGGTAGCCAAGG
 AGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCGCGGTAATACGTAGGGGGCGAGCGTTGTCCGGAATGAT
 TGGGCGTAAAGGGCGCGTAGGCGGCCCGGTAAGTCTGGAGTGAAAGTCCTGCTTTAAGGTGGGAATTGCT
 TTGGATACTGTGCGGCTTGAGTGAGGAGAGGTAAGTGGAATTCAGTGAGCGGTGAAATGCGTAGAGA
 TTGGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACTTACTGGACTGTAAGTACGCTGAGGCGCGAAAGTGTGGGG
 AGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACACTGTAAACGATGAATGCTAGGTGTAGGGGGTATCGACC
 CTTCTGTGCCGAGTCAACACAATAAGCATTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGG
 AATTGACGGGGGCGCGACAAGCAGCGGAGCATGTGGTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCCTACCAG
 GTCTTGACATCCAGGTAAGCCGTAGAGATACGGTGTGTGCTTGACAATCTGAGACAGGTGGTGCATGGTT
 GTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTTTCAGTTACTAACA

CGTAGAGGTGAGGACTCTGAAGAGACTGCCGGGGACAACCTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCAT
CATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCACCACAGAGAGGAGCGAACCTGCAAGGG
GGAGCGGATCTCAAAAAAGTGGTCCCAGTTTCGATTGTGGGCTGCAACCCGCCACATGAAGTCGGAGTTG
CTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCAT
GGGAGTTGGGAGTGCCCAAAGTCGGTGAGGTAACCGCAAGGAGCCAGCCGCCTAAGGCAAGACCAATGA
CTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB45

5'AGCGTTACTCGGAATTACTAGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGAATGTTAAGTCTGTTGTGAATCTCTGGG
CTCAACCCAGAACTGCAACAGAACTGGCGTTCCTTGAGTGAGGCAGAGGAAATCGGAATTCCTAGTGTAG
CAGTGAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGGCGAAAGCGGATTTCTGGGCCTTTACTGACGCTCA
AGTGCGAAAGCTAGGGGAGCAAACGGGATTAGATAACCCGGTAGTCCTAGCCGTAAACGATGATAACTAGT
TGTGGGAGGTATCGACCCCTTCCGTGACGCCGCTAACGCATTAAGTTATCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCA
AGGTTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGAGGTGGAGTATGTGGTTTAATTCGACGCTACG
CGAAAAACCTTACCTGGGCTCGAACGACTGGTGGTAGTCTTTATGAAAGTAGAGGCGACCCGCAAGGGAGC
CAGCCGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTGAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
ACCCCTATCCTGTGTTGCCTAGCAATAGGATCTCTCAGGAGACCCGCCGCGGATAACGTGGAGGAAGGTGGG
GATGACGTCAAATCATCATGGCCTTTATGTCCAGGGCTACACACGTACTACAATGGTATAGACAGAGGGCAG
CAATACCGTAAGGTGGAGCCAATCCCTAACTATGCCCCAGTTCAGATTGTGGGCTGCAATTCGCCACATG
AAGCCGGAATCTCTAGTAATCGCAGATCAGCACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGTCTTGACACACCGC
CCGTACACCACGAAAGTCAATGGCAACAGAAAGTATCCAGGTCTGCTGGGTCCTAAGTTGTGATTGGTGATT
GGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB46

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATAAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAGTGTTCC
TCCCCAAGACCTGACGAGCTTGCTCTGATGGAATTCATTTGGATCACTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGC
GTGGGTAACCTGCCCTATACTGGGGGATAGCAGTTGAAAACGACTGATAATACCGCATAAGCGCACAGCAT
CGCATGATGCAGTGTGAAAACTCCGGTGGTATAGGATGGACCCGCGTCTGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAA
CGGCCCCACCAAGGCGACGATCAGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGTACGGCCACATTGGGACTGAGACACGG
CCCAAAGTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGGGAAACCTGATCCAGCGACGCCG
CGTGAGTGAAGAAGTATCTCGGTATGTAAGCTCTATCAGCAGGGAAGATAATGACGGTACCTGACTAAGAA
GCACCGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGGTGCAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTG
TAAAGGGTGCGTAGGTGGCATGGTAAGTCAGATGTGAAAACCTATGGGCTCAACCCATTAGACTGCATTTGAA
ACTACCGAGCTAGAGTGACGAGAGGAAAGTGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGA
GGAACACCAAGTGGCGAAGGCGGCTTACTGGACGATTACTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAATACTAGGTGTTGGCTTCCACAGGGAGTCGGT
GCCGCAGCTAACGCAATAAGTATTCCACCTGGGGAGTACGTTTCGAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACG
GGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTTGACA
TCCTCTTGACAAAGTATGTAATGTACTCTTCCTTCGGGACAAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGC
TCGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCCTTAGTAGCCAGCAAGTCAAGT
TGGGCACTCTAGGGAGACTGCCCCGGGATAACCGGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCGTGCCCC
TTATGACCAAGGCTACACACGTGCTACAATGTCGTAACAAAGGAAGCAATGGAGCATCCGGAGCAAAAT
CCCAGAAATAACGACTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCTGGAATCCGGTAGTAATC
GCAGATCAGCATGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGTCTG
GGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGAGAGGAGCGGCCTAGGGCGAAACAGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAAC
AAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB47

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCAGTTACCACCCCTG
CCTTAGGACGCTGCCTCCTTACGGTTAGCTCACGTACTTCGGGCGTGGACGACTCCCATGGTGTGACGGGC
GGTGTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCAACGCAGCGTGCTGATCTGCGTTTACTAGCGATTCCGACTTCAT
GGACTCGAGTTGCAGAGTCCAATCCGAACCTGAGACTGGGTTTAAGAGATTGCTTGCTCTCGCGAGTTTGCT
GCTCGTTGTACCAGCCATTGTAAACAGTGTGTAGCCCAGAACGTAAGGGGCATGATGATTTGACGTCGTCCT
CACCTTCTCCGGTTTATCACCGGCAGTCTCGCTAGAGAGGTTACTATAAGTATACCGATAGCACCAACTAAC
GACGAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACATGAGCTGACGACAACCGTGCACCA
CCTGTTTTCAAGTTCCCGAAGGGCACTCCCGACTTTCATCAGGATTCTATCAATGTCAAGTCCTGGTAAGGT
TCTTCGCGTTGCTTCGAATTAAACCACATGTTCCACCGCTTGTCGGGTCCCCGTCAATTCCTTTAAGTTTAC

ACTTGC GTGCGTACTCCCCAGGCGGAACACTTATCGCGTTAGCTGCGGCACTGCAGGGGTCGATACCCGC
AACACCTAGTGTTTCATCGTTTACGGCCGGGACTACTGGGGTATCTAATCCCATTGCTCCCCCGGCTTTTCGTT
CCTCAGCGTCAATAATGGCCAGTTAAGCGCTTTCGCCACCGATGTTCTCCTGATATCTACGCATTTACCCG
CTACACCAGGAATCCCTTAACCTCTACCACATTCTAGTTAGATAGTATCAAATGCCGGACCGGAGTTGAGCC
CCGGGCTTTAACATCTGACTTATCTTACCGCTACGAACGCTTTACGCCCAATGATTCCGGACAACGCTTGCA
CCCCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTTGTAGGTACAGTCATTTGTTCTT
CCCTACTGACAGAACTTTACACCCCGAAGGGCTTAACATTACGCGGTGTTGCTGCGTCAGGGTTTCCCCCA
TTGCGCAAAATCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTATGGGCGGTGTTCTCAGTCCCATTGTGGCTGATCAT
CCTCTCAAACAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCATTACACCACCAACTAGCTAATCAGGCACAGGCT
CATCCTAAACCGCCGGAGCTTTCAAGATTAGTATTTCAACTAAGCTCGTATGGGGTATTAGCAGAAGTTTCCC
TCTGTTGTCCCCAGTTTAGGGCAGATTTCTATGTTGTACTACCCGTCGCCACTTATGTATTCCCGAAGG
AACCTTATCGTTCGACTTGTCATGTATGAGGCACACCGCCAGCGTTCGTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB48

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCATGA
GATTAGCTTGCTAATCTTGATGGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTTCCCCTTAGTAGG
GCATAGCCCCGGTGAAGATCGGATTAATACCCTATGTTGTCAATAGAGGACATCTGAAGCTGACCAAAGATTTA
TCGCTAAGGGATGGGGATGCGTCTGATTAGATAGTAGGCGGGGTAAACGGCCACCTAGTCGACGATCAGTA
GGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGGAAGTGAAGACACGGTCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GAGGAATATTGGCCAATGGGCGAGAGCCTGAACCAGCCAAGTCGCGTGAAGGATGAAGGTTCTATGGATTG
TAAACTTCTTTGTCCGAGGGTAAAGAAGGTCACGTGTGACTTCTTGCAAGTATCGGACGAATAAGCATCGGC
TAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGGT
GCGTAGGTGGTTTGTAAAGTTTGTGGTGAAAGCGTGCGGCTCAACCGTACCAAGCCATGAAAAGTGGCGAA
CTTGAGTGCAACGAGGTAGGCGGAATGTGATGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGTCACAGAACCCCG
ATTGCGAAGGCAGCTTACCAGCATGCAACTGACACTGAGGCACGAAAGCGTGGGTATCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGAATACTAGCTGTTGGCGATATATGGTCAGCGGTACAGCGAAAG
TGTTAAGTATTCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACA
AGCGGAGGAACATGTGGTTTAAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAAGTTAGTGACGGC
GGATGAAAGTCTGCTTCCCTTCGGGGCACGAACTAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAG
GTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCTTGCCGTTAGTTGCCAGCGGGTAATGCCGGGAAGTCTA
GCGGGACTGCTACTGTAAGGTAGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGG
CGACACACGTGTTACAATGGTGAGTACAGAGGGTGTCTACCTGGTGACAGGATGCTAATCTCCTAAAGTCA
TCTCAGTTCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATG
GCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGGAAGCTGGGGGTACCTAAAG
TCTGCAACCGCAAGGAGCGGCCTAGGGTAAAGTGGTAACTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAC
CGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB49

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGCAGGTCTTAGGCATGCAAGTCGAACGGGTGAAGC
AGGGCTTGCCCTGTGAATCTAGTGGCGCACGAGTGAGTAACGCGTGGGAAACTGCCACCACTGGGGAAT
AACGTTTGAAACGAACGCTAATACCGCATACGCCGAAACGGGAAAGATTTATCGGTGGTGATGTGCC
GCGTTGGATTAGCTTGTGGTGGAATGGCTACCAAGGCGATGATCCATAGCTGGTCTGAGAGGACGA
TCAGCCACGTTGGAAGTGAAGACAGGTCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGCTAAGAATATTGGGCAATGG
AGGAAACTCTGACCCAGCCATGCCGCGTGAATGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGTAAAGTCTTTAATCGTGAA
GATGATGACAGTAGCGATAGAAAAAGCACCGGCTAACTTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGTG
CAAGCGTTGTTGCGATTACTGGGCGTAAAGCGTCCGTAGGTGGTTTGTAAAGTCAGGGGTGAAATCCCGGG
GCCCCAACCCTCGGAAGTGCCTTTGATACTGGCAAGCTGGAGCGCGATAGAGGAAGATGGAATATCTGGTGT
GGGGTGAAATCCGTAGATATCAGATAGAACACCAATGGCGAAGGCAGTCTTCTGGATCGTTGCTGACACTGA
GGGACGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGAATTAGATACTCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGCCTGCTTGT
GTTGGTTTCTTCGGGGAATCAGTGACGAAGCTAACGCGTTAAGCAGGTGCGCTGGGGACTACGATCGCAA
GATTAAGAACTTAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGTATGTTGTTAATTCGATGCTACGCG
AGAAACCTTACCGACCTTGACATCTTGGTCGCGATTTCCAGAGATGGATTTCTTCAATTCGTTGGACAAA
GACAGATGCTGCATGGCTGTCGTGAGTCTGTGTCGTGAGATGTTAGGTAAAGTCCTGCAACGAGCGCAACC
CCTATCCTATGTTACCAGCACGTAATGGTGGGGACTCATAGGAGACTGCCGGGGACAACCTGGAGGAAGG
CGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTGGGCTACACACGTAACAATGGCCGGCAACAGA
GGGAAGCGAAGCCGCGAGGCGGAGCGAACCCAAAAACCGGTCCCAGTTCGGATCGCAGGCTGCAACC
CGCCTGCGTGAAGTCGAATCGCTAGTAATCGCAGGTGAGCATACTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTG
TACACACCGCCCGTCACACCACGAAAGTTGGTAACACCCGAAGCCGGTGGGGTAACCGCAAGGAGCCAGC

CGTCTAAGGTGGGGCCGATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGAT
CACCTCCTT3'

>RB50

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTGAACGGAGCAGAG
ACGCTGACGAGTGGAGGGCTTGCTCAAAGCAAATCTTGTCGGTGCTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGC
GTGAGCAACCTGCCCTAGAGTGGGAATAACACCGAGAAATCGGTGCTAATACCGCATAATGTCAGAGGAC
CGCATGATCCACTGACCAAAGGATTTATTCGCTTTAGGATGGGCTCGCGTCCGATTAGGCAGTTGGCGGGGT
AACGGCCCCACCAAACCGACGATCGGTAGCCGAACCTGAGAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACG
GCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGC
CGCGTGAGTGAGGAAGTTCTTCGGAACGTAAAGCTCTGTTGTTCTGACGAACCTCCCTTCTATCAACAACG
GAGGGGACTGACGGTAGGGAACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAG
GTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGTAATTAAGTCTGTCGTGAAACTG
CGGGGCTCAGCCCCGTATGGCGATGGAACCTGGGTACTTGAGTGCAGGAGAGGAAAGGGGAACTCCAG
TGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCCTTTCTGGACTGTGTCTGAC
GCTGAGATGCGAAAGCCAGGGTAGCGAACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTGCGCGTAAACGATGGGT
ACTAGGTGTGGGAGGTATCGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCCTGGGGAGTAC
GGCCGCAAGGCTTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCCG
ATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAACCTGCAGCAGACGGATCTAGAGATAGTGACTCCCTTCGGG
GCTGCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGCCATAACGAG
CGCAACCCCTTTTCATTAGTTGCCATCAGGTAATGCTGGGCACTCTGGTGATACTGCCACCGTAAGGTGTGAG
GAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGTGGTA
CAGAGAGTCGGGTGTATGCAAATACATTCTAATCAAGAAAGCCATCCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACC
CGACCCCATGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGCGCTTGAAGTCCGTGACCGCAAGGATCGGCCTAGA
GCGAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB51

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGCAGGCTTAACACATGCAAGTTGAACGGGATTGTAT
GGTGCTTGCACTAGACAATGAGAGTAGCGCACTGGTGAGTAACACGTGGGAACGTGCCTTTTAGTGGGGGA
CAACAGTTGGAAACGACTGCTAATACCGCATAACGCCCTAAAGGGGAAAGATTATCGCTAAAAGATCGGCC
GCGGAAGATTAGATAGTAGGCGGGGTAAACGGCCACCTAGTCGACGATCGGTAGGGGTTCTGAGAGGAAG
GTCCCCCAGACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGAGGAATATTGGTCAAT
GGTCGCGAGACTGAACCAGCCAAGTAGCGTGAGGATGACTGCCCTATGGGTTGAAACTGCTTTTGTACG
GGAATAAAGTACCCACGTGTGGGTGTTTGCATGTACCGTACGAATAAGCACCGGCTAATTCCGTGCCAGCA
GCCGCGGTAAATACGGAAGGTGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTAAAGGGAGCGTAGGCGGAACCTC
AAGTCAGCTGTGAAATTTCTGCGGCTCAACCGTAGGCCTGCAGTTGAAACTGTGTTCTTGAGTGACATGAG
GATGGTGGAATTTGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCACGAAGAACTCCGATTGCGAAGGCAGCTGT
CTGGGGTGCAACTGACGCTGAGGCTCGAAAGTGCGGGTATCAAACAGGATTAGATACCTGGTAGTCCGCA
CAGTAAACGATGGATACTCGTGGTTGGCGATACACTGTCACTACCCAGCGAAAGCGTTAAGTATCCACCT
GGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGAGGAACATGTG
GTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAACCTGCAGTGACCGGTGCAGAGATGCACCTT
CTCTTCGGAGCCGCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTCGGCTTAAGTGC
CATAACGAGCGCAACCCCTGTCTTCGGTTGCCATCGGGTAATGCCGGGCACTCCGCAGATAGTCCATCGC
AAGATGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACA
ATGGGAGGTACAGAAGGCAGCTACCCCGGAGGGGATGCGAATCCCCAAATCCTCTCCAGTTCGGACCG
GAGTCTGCAACCCGACTCGCGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATAC
GTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGGGCGCCTGAAGTCCGTGACCGTAA
GGAGCGGCCTAGGGTGAACCTGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGC
TGGATCACCTCCTT3'

>RB52

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTGAACGGGGTTTAAG
AAGGAAGCTTGCTTTTCAATTTAAACCTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGGAACCTGCCCTCAGTG
GGGAACAACAAGTAAATGGTTGCTAATACCGCATAATGTCGGAGAGCCGCATGACATTCGACCAAAGG
ATTTATTCGCTGAAGGATGGCCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGTGAGGTAAACGGCCACCAAGTCTACGAT
CGGTAGCCGAACCTGAGAGGTTGATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCAACGCCGCGTGAAGGATGACGGTCTTCG

GATTGTAAACTTCTTTAATTGGGGAAGAACAAAATGACCTACCCAAAGAATAAGTCACGGCTAACTACGTGCC
 AGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGACAAGCGTTATCCGGATTACTGGGCGTAAAGGGCGTGTAGGCGGTC
 TTGCAAGTCAGAAAGTGAATTCCTGAGCTCAACTCGGGCGCTGCTTCTGAAACTGCAGGACTTGAGTGCTGG
 AGGGGATAGCGGAATTCCTAGTGGAGCGGTAATGCGCAGATATTAGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGC
 GGCTATCTGGACAGTAACTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTA
 GTCCACGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGGGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTCGCAAACGCATTAA
 GTAATCCACCTGGGGAGTACGTTTCGCAAGAATGAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGT
 GGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAAAACCTTACCAAATCTTGACATCTGGATGACCATATATGTA
 ATGTATATTCTCTTCGGAGCATCCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGG
 GTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCCCTTAGTAGCCAGCGGTTTCGGCCGGGCACTCTAGAGGGACT
 GCCAGGGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACACAC
 GTGCTACAATGGCGTAAACAAAGGAAGCGACCCTGTGAAGGTGAGCAAATCTCAAAAATAACGTCTCAGTT
 CGGATTGTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGCATGTGCGCGTGA
 ATACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCCGCCCGTACACCATGGGAGTCGGAAATGCCCGAAGTCGGTGACCT
 AACCGBAAGGAAGGAGCCGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATC
 GGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB53

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTACCCCCAGTCACCGGCTCTG
 CCTTCGACGGCTCCTATCTTGCGATTTCGGCCACCGGCTTCGGGCATTTCGACTCCCATGGTGTGACGGGC
 GGTGTGTACAAGACCCGGAACGTATTACCGCAGCATGCCGATCTGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCAC
 GCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGAACTGGGACGTTATTTTGGGATTGCTCCGGATCGCTCCCTCGCT
 TCCCTTTGTTTACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCCGCTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTATCCCC
 GCCTTCCTCTCCGCTTGCGCGGGCAGTCCGTCCAGAGTGCCCCGGCCTGACCGCTGGCAACTGGACGCAG
 GGGTTGCGCTCGTTATGGGACTTGACCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCT
 GTGGGAGTCCTTGCGGACCTCCGGGTCTCCCCGTGTTCCCCCACAGTTCAAGCCCCGGTAAGGTTCTCG
 CGTATCATCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAGCCTTG
 CGACCGTACTCCCCAGGTGGGGCGCTTATCGCTTTCGCTTGCGCGCCGACCGTCTGCCCGCCAGCAGAG
 CGCCCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATCCCCACGCTTTTCGCCCCGAG
 GTCAATGCAGGCCTGGCGAGCTGCCCTCCGCTACCGGCGTTCGTGTGCATATCTACGCAATTCACCGCTACA
 CGCCACGTTCCGCCCGCCCCGACCGCATTCCAGCCCGCCAGTATCAACGGCACTTCGGGGTTGGGCC
 CGGGATTCACCGCTGACTTGACGGGGCCGCTGCGCACCCCTTTAAACCAATGAATCCGGATAACGCTCG
 CGTCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGACGCTTATTCGCCAGCTACTCTCATCGTATT
 ACTCGTAATACTTATTGCCCCCTGACAAAAGCGGTTTACAACCCATAGGGCCGCTCCTCCCGCACGCGCAT
 GGCTGGTTACGCCTCTCGGCCATTGACCAATATCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCT
 CAGTTCCAATGTGGGGGACCTTCTCTCAGAACCCTATCCATCGTCGCCTTGGTGGGCCGTTACCCCGCC
 AACTAGCTAATGGAACGCGAGCCAATCCGCTAGCGATAAATCTTTCAACAAAGAACCATGCGACCCCTTGTA
 TTACGAGGTATTACGCGACGTTTCCATCGACTATCCCTCTCTACCGGGCATGTTGCTCACGCGTTACTCACCC
 TTTCCCGGTCGCCGCCAGAGTATTGCTACCCCGCTGCCCTCGACTTGATGTGTTAAGCCTGCCGCT
 AGCGTTCATCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB54

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGATACGGCTACCTTGTTACGACTTAACCCCAATCATCGGACCCA
 CCTTCGGCAGCTGCCTCCTTGCGTTAGCTCACTGACTTCGGGTGTTTCCGACTTTCATGGTTTGACGGGCG
 GTGTGTACAAAGCCCGGAACGTATTACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCAATTCGAATTCGTG
 CAGGCGAGTTGCAGCCTGCAGTCCGAACCTGGGACGATTTTTATGGGTTTTGCTCTACCTCGCGGTGTTGCTT
 CCCTTTGTTTTCGCCATTGTAGTACGTGTGTGGCCAGAACGTAAGGGGCATGATGATTTGACGTATCCCCA
 CCTTCCTCCGTTTTGTCAACGGCAGTCCGGCTAGAGTGCTCTTGCGTAGCAACTAACCGTAAGGGTTGCGCT
 GTTTCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCTCCGGATTTC
 CCCGAAGGGCACCCCGGCCATTACGCCGGGTTCGCCGGATGTCAAGTCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCT
 GTCGAATTAACACATACTCCACTGCTTGTGCGGGCTCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGCCG
 TACTCCCCAGGTGGAATGCTTATTGTGTTAACTGCGGCACGGAAGCTTGCGCCCCACACCTAGCATTCATC
 GTTACGGTGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACTTTTCGTGTCTCAGCGTCAGTAATC
 GTCCAGTAACTCGCTTCGCCACCGGTGTTCTCCGATATCTACGCATTTCACTGCTACACCGGGAATTCC
 AGTTACCCCTCCGATCCTCAAGAAAAACAGTTTCAAATGCAAGTTATGAGTTGAGCCCATATTTTACATCTG
 ACTTGCTTCCCCGCTACACACCCCTTACACCCAGTAAATCCGATAACGCTCGCCACCTACGTATTACGCG
 GGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTATTATCATATGGTACCGTCATTTGTTTCGTCCCATATAAAGAAGCTT
 TACAACCCGAAGATCTTCTTATTACGCGGCGTCTGCTGGGTGAGGCTTTCGCCATTGCCCAATATTCCCC

ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTATCTCAGTTCCAATGTGGCCGTTCAACCTCTCAGTCCGGCTA
CTGATCGTCGACTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAACTATCTAATCAGACGCGAGCCCATCTCTGAGTGATAA
ATCTTTGATATCAAAATCATGCGGTTTCGATATGTTATAGGGTATTACCATCCGTTTCCAGAAGCTATCCCCCT
CTCAGAGGCAGGTTGCTCACGTGTTACTACCCGTCGCCCACTAAGAATTTCCAGTAAACCAAAAATTCTCC
GTTGCACTTGCATGTGTTAAGCGTGCCGCCAGCGTTCTGCTCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB55

5'AGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCGTGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTC
AATTCCTTTGAGTTTCATTCTTGCGAACGTAACCTCCCGAGGTGGAACACTTAATGCGTTTGCTTCGGCACCAG
GACTGTCCGTCCCCAGCACCTGGTGTTTCATCGTTTACGGCGTGGAATACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCT
CCCCACGCTTTCGAGCCTCAGCGTCAGTCTCAGTCCAGCAGGCCGCTTCGCCACCGGTGTTCTTCTCTAAT
ATCTACGCATTTACCGCTACACTAGGAATTCACCTTCTCTCTGCACTCTAGCTCGGCAGTTTCAAATGC
AGTCTATGGGTTGAGCCCATAGTTTTACATCTGACTTGCCATGCCACCTACGCACCTTTACACCCAGTAAA
TCCGGATAACGCTTGACCATACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTATTTAGCCGGTGCTTCTTAGTCAGG
TACCGTCATTATCTTCCCTGCTGATAGAACTTTACATACCGAGATACTTCATCGCTCACGCGGCGTCTGCTGGA
TCAGGGTTTCCCCATTGTCCAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCC
AATGTGGCCGTACACCCTCTCAGGCCGGCTACTGATCGTCGCCCTTGGTGGGCCGTTACCTCACCAACTAGC
TAATCAGACGCGGGTCCATCCTATACCACCGGAGTTTTTACACCGTACCATGCGGTACTGTGCGCTTATGC
GGTATTATCAGTCGTTTCAAACGCTATCCCCAGTATAGGGCAGGTTACCCACGCGTACTCACCCGTCGG
CCACTAAGTGATTCAAATGAATTCATCAGAGCAAGCTCGTCAGGTCTTCGGGAGAACCACTCCGTTGCACT
TGCATGTGTTAAGCATGCCGCCAGCGTTTCATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB56

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTAACACATGCAAGTCGAACGGGGATTG
TTTCGGCAGAATCCTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGCAACCTGCCCCCGGCCGGGGACAACA
CGCCGAAAGGTGTGCTAATACCGGATACGAAGGCGGCATCGCATGGTGCTGTTTTGAAAGATGGCCTCTGT
TTACAAGCTATCGCCGGGGGATGGGCCCTGCGTCCGATTAGCTGGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGC
GACGATCGGTAGCCGGTCTGAGAGGATGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGGGTGAGGAAG
TTTTTCGGAACGTAAAGCCCTGTTGTCTATGACGAACGGACTTTCTGTGAAGAATGGGAAGTAGTGACGGTAA
TAGACGAGGAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGG
AATTATTGGGCGTAAAGCGCATGTAGGCGGTGCCTTAAGTCTGTCTGTGAAACTGCGGGGCTTACCCCCGTAT
GGCGATGGAACTGTGGCACTTGAGTGCAGGAGGAAAGGGGAACCTCCAGGTAGCGGTGAAATGCGT
AGATATTGGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGCTTTCTGGACTGTGTCTGACGCTGAGATGCGAAAGCCA
GGGTAGCGAAGCGGATTAGATAACCCCGGTAGTCTGGCCGTAAACGATGGGTACTAGGTGTGGGAGGTAT
CGACCCCTTCCGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTACCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTTAACT
CAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGACAAAGCGGTGGAGTATGTGTTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTT
ACCAGGTCTTGACATCGACTGTAAGGGACAGAGATGTCCCCCTCTCTTCGGAGACAGGAAGACAGGTGGTG
CATGGCTGTCGTACGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCTATTAGT
TGCTACGCAAGAGCACTCTAATAGGACTGCCGTTGACAAAACGAGGAAGGTGGGACGACGTCAAATCAT
CATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTACTACAATGGCCGTAAACAGAGGGAAGCGAAACGGCGATGT
GGAGCAAACCCCTAAAAGCGGTCCCAGTTCAGATTGCAGGTGCAACCCGCTGCATGAAGTCGGAATTGC
TAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCGTCACACCATG
GGAGCCGGTAATACCCGAAGTCAGTAGTTCAACCGCAAGGAGAGCGCTGCCGAAGGTAGGATTGGCGACT
GGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGTTGGATCACCTCCTT3'

>RB57

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCATCATTG
AGATAGCTTGCTATTTTCAGATGGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTTCCCCCTAGTAG
GGCATAGCCCGGCGAAAGTCGGATTAATACCCTATGTTATCCGAAGAGGACATCTGAATTGGATCAAAGATT
CATCGCTAAGGGATGGGGATGCGTCTGATTAGGTAGTAGGCGGGGTAACGGCCCCACCTAGCCGACGATCA
GTAGGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGAGGAATATTGGTCAATGGGCGTGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTATGG
GTTGTAAACTGCTTTTTATGCGGGGATAAAGTGAGGGACGTGTCCCTTTTTGTAGGTACCGCATGAATAAGGAC
CGGCTAATTCGTCGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTATTGGGTTTAA
GGGAGCGCAGGCGGGTTATTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAACTGCGTCGCGAACT
GGTAGTCTTGAGTGAGTACGACGCGGACGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCAGGAAGA
ACTCCGATTGCGAAGGCAGTCCGCGAGTCTTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACAG

ATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTTGGCGATACATTGTCAGCGGCCAA
 CGGAAAGCGTTAAGCATCCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGC
 CCGCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAAGTGCAG
 CCGAACGATAGAGAGATCTTGAGGTCTTCGGGACGGCTGTGGAGGTGCTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGT
 GCCGTGAGGTGTGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTTCCTTAGTTGCCATCAGGTTAAGCTGGG
 CACTCTGGGGACACTGCCACCGTAAGGTGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTAC
 GTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGGGTACAGAGAGTCGAGTGCCGGTAACGTCACTCCAATCAA
 GAAAGCTCTCCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACCCGACCCCATGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGC
 ATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGG
 GCGCCTGAAGTCCGTGACCGCGAGGGTGGCCCTAGGGTGAAACCGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACAAG
 GTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB58

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTAATACATGCAAGTCGAACGCTAATCTTC
 GGTTAGTGTGGCAACGGGTGAGTAACACGTAGGTAACCTGCCATAAGACGAGGATAACTACTGGAAAC
 GGTAAGTAATACTGGATAGTATATGAAGTCGCATGACTTTATATTTAAAGGTGCTCTCAAGCATCACTTATGGA
 TGGACCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGGACTGA
 GAGGTTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATTTT
 CGGCAATGGACGCAAGTCTGACCGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTCTTCGGAACGTAATAATCTTTT
 ATTTGAAAAAACGTATAGTGTAGGAAATGACATTATAGTGATGGTACCAAATGAATAAGCCCCGGCTAACTA
 TGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACATAGGGGGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGGGCGTAAAGGGTGCGTAG
 GCGGTAGATTAAGTCTAAGGTTAAAGTGCAAGGCTCAACCTTGTGATGCCCTAGAACTGGTTTACTTGAGTT
 TGGTAGAGGTAAGTGGAACTCCATGTGTAGCGGTAAAAATGCGTAAAAATATATGGAAGAACACCAAGTGGCGA
 AGGCGGCTTACTGGGCCACAACCTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCT
 GGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTACTAAGTGTGGAAAAATCCAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGTACT
 CCGCCTGAGTAGTACGTACGCAAGTATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGC
 ATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAAATCTTGACATCCTCTTGACAAAGTATGTAATGTAC
 TCTTCCTTCGGGACAAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTAAAG
 TCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCTTAGTAGCCAGCAATTCGGTTGGGCACTCTAGGGAGACTGCCCGG
 GTGAACCGGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTGGGCTACACACGTGCTA
 CAATGGCGTAAACAAAGGGAAGCAATTGGGTGACCATGAGCAAATCTCAAAAAAACGCTCTCAGTTCCGATT
 GTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCAATCAGAATGTGCGGGTGAATACGT
 TCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGGGAATGCCGAAGTCTGTGACCCAACCGT
 AAGGAGGGAGCAGCCGAAGGCAGGCTCGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAG
 GTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB59

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGAGTATAGA
 CGCTGCAGAGATTTCCGTGCAAGCTTGTTTTACTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGTAAACCTG
 CCGTATGCAGGGGGACAACAGTTGGAAACGACTGCTAATACCGCATATGCGCACAGTACCGCATGGTACAG
 TGTGAAAAGATTATCGGCATACGATGGACCCGCGTTTGATTAGTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAG
 TCGACGATCAATAGCCGGCCTGAGAGGGCAATCGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCTAC
 GGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGGGAAACCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGAAGA
 AGTATTTCCGTATGTAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAATGACGGTACCTGACTAAGAAGCCCCGGCTAAC
 TACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTGTAAAGGGAGCGT
 AGACGGTTTTTTAAGTCTGATGTGAAAGCTGGGGGCTCAACCCCCAAACTGCATTGGAAACTGGGGAAGTAG
 AGTGTGCGGAGAGGTAAGTGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTAGGAGGAACACCGGTGG
 CGAAGGCGGCTTACTGGACGATGACTGACGTTGTGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATAC
 CCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGATTACTAGGTGTTGGAGGACTATAGTCCTTCGGTGCCGTCGCAAAAC
 GCATTAAGTAATCCACCTGGGGAGTACGTTTCGAAGAATGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACA
 AGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAAAACCTTACCAAATCTTGACATCTGAGTGACCAT
 TCGGGTAATGCCGAACCTCTCTTCGGAGCACTCAAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCTG
 AGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGCCTTTAGTAGCCAGCGGTCAAAGCCGGGCACTC
 TAGAGGGACTGCCAGGGATAACCTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGATTG
 GGCTACACACGTGCTACAATGGCGTAAACAAAGGGAAGCGACCGTGTGAAGGTGAGCGAATCTCAAAAAATA
 ACGTCTCAGTTCGATTGTAGTCTGCAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGCA
 TGTGCGGGTGAATACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCGGAAATGCCCGAA

GTCCGTGACCTAACCGTAAGGAAGGAGCGGCCGAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTGAAGTCGTAACAAG
GTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB60

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGCGGGGCATCGCAT
GGGGCGGCAACGTCCCTGGCGGCGACCGGCGGATGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTGGCCCCCTCTC
CGGGACAGCCCCTCGAAAGAGGGATTAATACCGGATGTTCCCTTTATGCCGCATGGCGTGATGGGCAAAGG
CGTGAGTCGGAAGGGGATGGGGATGCGTTCCATTAGGCAGCCGGCGGGGTAAACGGCCCACCGGGCCTTC
GATGGATAGGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGAGGAATATTGGTCAATGGGCGAGAGCCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCC
TATGGGTTGTAACTGCTTTTATATAGGGATAAAGTGCAACCACGTGTGGTGTGGTGTAGGTACTATATGAATAA
GGACCGGCTAATTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTATTGGGTT
TAAAGGGAGCGCAGGCTGATTGTTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAAGTGCCTCGCGA
ACTGGCAGTCTTGAGTGAGTACGACGTGACGCGAATTCTGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCACGAA
GAACCCCGATTGCGAAGGCAGCTGACGAGTCTTTACTGACGCTAAAGCTCGAAGGTGCGGGTATCGAACA
GGATTAGATACCCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGATGCCCGCTGTTGGCGATATAGTGTACAGCGGCC
AAGCGAAAAGCGTTAAGCATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAACTCAAAGGAATTGACGGGG
GCCCCGACAAGCGGAGGAACATGTGGTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTCGAACGG
CAAGTGAAGGAACAAGAGATTGTGACGCCCTTCGGGGCACTTGTGAGGTGCTGCATGGTTGTGCTCAGCT
CGTGTCTGAGATGTTGGCTTAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTGTGCCAGTTACCAGCAAGTCAAGTT
GGGGACTCTGGCGAGACTGCCACCGCAAGATGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCC
TTACGTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGGGTACAGAATGCTGCTGGGTGGCGACACCCGGCCAA
TCATAAAAACCCCTTCTCAGTTCGGACTGGAGTCTGCAACCCGACTCCACGAAGCTGGATTGCTAGTAATCG
CGCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCG
GGGGTGCCTAAAGTACGTACCGCAAGGAGCGTCTAGGGCAAACTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACA
AGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB61

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCG
GAGTAGCAATACTCTGGCGGCGACCGGCGCACGGGTGCGTAACGCGTATGCAACCTACCCGTAACAGGGG
TATAACGGAGTGAAAATCCACTAATCCCCCATATTGTCATTGATCCGCATGTTTCGATGACGAAAGGTTTTTC
TGGTTACGGATGGGCATGCGTGACATTAGCTAGTTGGCGGGGCAACGGCCCCACCAAGGCGACGATGTCTA
GGGGAGCTGAGAGGCTTATCCCCCACACTGGTACTGAGACACGGACCAGACTCCTACGGGAGCGCAGT
GAGGAATATTGGTCAATGGGAGGAATCCTGAACCAGCCATGCCGCGTGGGGGAAGAAGGTCCTATGGGTT
GTAAACCCCTTTTGTCTCCGAGTAATAAGTCGTTTGCAGACGACGATGAGAGTACGGGGCGAATAAGCATC
GGCTAATCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCAAGCGTTATCCGGATTATTGGGTTTAAAG
GGTGCGCAGGCGGCGCGTTAAGTCAGCGGTGAAATGTCCCGGCTCAACCGGGGCCCTGCCGTTGATACTG
GCGTGCTGAGTACGGACGGCGCGGGAATGTGTCTATGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGCCACAGA
ACACCGATCGCGAAGGCAGCTGGCGAGGCCGGTACTGACGCTCAGGCACGAAAGCGTGGGGATCAAACA
GGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGAGTAACGATGATAACTTGTGTGCGCGATAGAATGTGCGTGACAA
AGCGAAAGCGATAAGTTATCCACCTGGGGAGTACGATCGCAAGGTTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGC
CCGCACAAGCGGAGGAGCATGTGGTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCTGGACTCAAATGTTGAC
TGACCGATTACAGAAATGGATCTTCCCTTCGGGGCAGTCAGCAAGGTGCTGCATGGTTGTGCTGACGCTCGTGC
CGTAGGTTGTCAGGTAAAGTCTATAACGAGCGCAACCCCTACGTCACGTCGCGGGTAAAGCCGGG
GACTCTGGAGGGGACTGCCGGCGCAAGCCGAGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTA
CGTCCAGGGCGACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAGAGGGCAGCCACCTGGCGACAGGGAGCGAATC
TCGAAAGCCGGCCTCAGTTCGGATCGGAGTCTGCAACCCGACTCCGTGAAGTTGGATTGCTAGTAATCGC
GCATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGTCCG
GGGTACCTGAAGTCCGTGACCGAGAGGAGCGGCCTAGGGTAAAACGGGTGATTGGGGCTAAGTCGTAACA
AGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB62

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATTACCTGTTTCG
CCTAGGCCGCTCCTTTCCGTACGGAAGTTCAGGCGCCCCAGACTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGTTCATGGGGTCG
GGTTGCAGACCCCAATCCGAAGTGAAGGAGCACTTTCATGATTGAACGGACGTTGCCGGCGCGCTGACACTCT
GTATCCCCCATTTGTAACACGTGTGTAGCCCCGAGCTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTC
CTCACACCTTACGGTGGCAGTACTGGCAGAGTGCCACCATCACGTGATGGCAACTACCAGAAGGGGTTGC

GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCA
 GCCCCGAAGGGAGTCACCATCTCTGGATCCGTCTGCTGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCCCTCGCGTATC
 ATCGAATTAACACCATGTTCTCTCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTACCGTTGCCGGC
 GTACTCCCCAGGTGGGATGCTTAATGGTTTCCCTAGGTCCCGGACAATATATCGCCCAGAACGAGCATCCAT
 CGTTTACTGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATAACCCGCACTTTCGAGCCTCAGCGTCAATCG
 CACCCCAAGAGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCTTCGTATATCTAAGCATTTCACCGCTACACGACGAATT
 CCATCTTCTTGTGTGATTCAAGCCCGACAGTTCCAACGGCATGCCAAGGTTGGGCCATGACATTTGACCG
 CTGGCTTAACGGGCCCGCCTACGCTCCCTTTAAACCCAATAAATCCGGATAACGCTCGCATCTTCCGTATTAC
 CGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGATGCTTATTCGTAAGGTACATACAAAACCGCACGCGTGGGGCACT
 TTATTCCTCAAAACAAAAGAGGTTTACAACCCGTAGGGCCGTGTCCTCACGCTACTTGGCTGGTTCAGGCTC
 TCGCCCATTGACCAATATTCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGGG
 GGACCTCCTCTCAGAGCCCTACCGATCGAAGCCTTGGTGGGCCGTTGCCCCGCCAACAAGCTAATCGG
 ACGCATCCCCATCCAACGCCGATGAATCTTTACTCATAACAGGATGTCCTGAAATGAGACCATCGGGTATTAA
 TCTTCTTTTCGAAGGCTATCCCCGGGCCATGGGTAGGTTGGATACGTGTTACGCACCCGTGCGCCGGTCG
 CCAGCAAATCTAGCAAGCTAGATCCCTGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTCAT
 CCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB63

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCTACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGAGA
 GGAAAGCTTGCTTTCTTGTGCGCGACCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTATCCAACCTGGCCCTTAGTAG
 GGGATAGCCCGGCGAAAGTCGGATTAATACCCTATGTTTTCCAATGCAGACATCTAAAATGGAATAAAGGTTT
 ACCGCTAAGAGATGGGGATGCGTCTGATTAGGTTGTTGGCGGGTAACGGCCACCAAGCCTTCGATCAGT
 AGGGGTTCTGAGAGGAAGGTCCCCACATTGGAAGTGAACACGGTCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TGAGGAATATTGGTCAATGGACGAGAGTCTGAACCAGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTATGGGTT
 GTAAACTGCTTTTATGCGGGGATAAAGTGAGGGACGTGTCCCTTTTGTAGGTACCGCATGAATAAGGACCG
 GCTAATTCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGG
 GAGCGCAGGCTGAAGGTTAAGCGTGACGTGAAATGTAGCCGCTCAACGGCTGAACTGCGTCGCGAACTGG
 CTTTCTTGAGTGAGTACGACGTGACGCGGAATTCGTGGTGAGCGGTGAAATGCTTAGATATGACGAAGAAT
 CCGATCGCGAAGGCAGCTTGCCGGGGCCGCAACTGACGCTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGT
 TTAGATACCTGGTAGTCCGACAGTAAACGATGGATACTCGTGTGCGCGATATACGGTCCGTGGGCCAAG
 CGAAAGCGTTAAGTATCCACCTGGGGAGTACGCCGGCAACGGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCC
 CGCACAAGCGGAGGAACATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCCGGGCTTGAATTGCTGG
 TGACGGTTACTGGAGACAGTTTCTTCTTCCGGACGCCAGTGAAGGTGCTGCATGGTTGCTCAGCTCGT
 GCCGTAAGGTGTGCGCTCAAGTGCCATAACGAGCGCAACCCCTTGCCGTTAGTTGCCATCAGGTCAGCTCGG
 GCACTCTATCGGACTGCCATCGTAAGATGTGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCAGCACGGCCCTTAT
 GTCCGGGGCTACACACGTGTTACAATGGGGGGTACAGAGGGAAGCCACCTGGCGACAGGGCGCGGATCC
 CGAAATCCCTTCTCAGTTCGGATTGGAGTCTGGAACCCGACTCCATGAAGCTGGATTGCTAGTAATCGCGC
 ATCAGCCATGGCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGCCATGAAAGCCGGGG
 GCGCCTGAAGTCCGTAACCGCGAGGATCGGCCTAGGGCGAACCTGGTAATTGGGGCTAAGTCGTAACAAG
 GTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB64

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGGGTCTATT
 AGCTTGCTAAGACGACCTAGTGGCAAACGGGTGAGTAACGCGTGGGCAACCTGCCGGAAAGATGGGGACA
 ACATCCCGAAAGGGGTGCTAATACCGAATGTTGTACGAGGGACGCATGTTCCATGTACTAAAGGATTCTATC
 CGCTTTCCGATGGGCCCGCGTCCGATTAGCTGGTTGGTGAGATAACGGCCACCAAGGCGACGATCGGTA
 GCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAAGAAGGCCTTCGGGC
 CGTAAAGCTCTGTTGCCGGGGAAGAGTGCTATGGGGGAACCTGTAGAGGGACGGTACCCGGCGAGGAAG
 CCGCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGCGGCAAGCGTTGTCCGGAATCATTGGGCG
 TAAAGGGGGCGCAGGCGGGGAACATAAGTCTTCTGAAAGTTCGGGGCTCAGCCCCGTGATGGGAAGGAA
 ACTGTGTTTCTTGAGCGCGGGAGAGGGAAGCGGAATTCCTGGTGAGCGGTGAAATGCGTAGATATCAGGA
 AGAACACCAAGTGGCGAAGGCGGCTTCTTGGACCGCGGCTGACGCTGAGGCCCGAAAGCCAGGGGAGCG
 AACGGGATTAGATACCCCGGTAGTCTTGGCCGTAACGATGGATGCTAGGTGTGGGAGGTATCGACCCCTT
 CCGTGCCGGAGTCAACGCAATAAGCATCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAAT
 TGACGGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGTATGTGGTTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGGC
 TTGACATTGAGTGAAAGGCATGGAACATGTCCCCCTCTTCGGAGGCACGAAAACAGGTGGTGCATGGCTG
 TCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTGCCCGTGTGCCAG

CAGGTAAAGCTGGGGACTCGCGGGGACTGCCGCGGAGAACCGCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAG
TCATCATGCCCCCTTATGTCTGGGCTACACACGTACTACAATGGGATGGACAGAGGGAAGCGAAACCGCGA
GGTAGAGCGGAACCCCTAAAAGCATCCCCCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACCCGCTGCATGAAGTCGGA
ATCGCTAGTAATCGCAGGTCAGCATACTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCACA
CCACGGAAGCCGTTACGCCCCGAAGCCGGGGTCAAACCTGTCTGAAGGCAGGGGCGGTGACTGGGGTGAA
GTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB65

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGAGAATTTA
CGCTGACGAGACTTCGGTCAAATCTTGTAATTTCTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGGGCAACCTG
CCTCATACTGGGGGTAAACAGCTGGAACGACTGTTAATACCGCATAAGCGCACGGTATCGCATGATACAGT
GTGAAAACTCCGGTGGTATGAGATGGGCCCGCTCAGATTAGCCAGTTGGCAGGGTAACGGCCTACCAAA
GCGACGATCTGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGGACGGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGGATATTGCACAATGGAGGAACTCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGTGAAG
AAGTATTTCCGGTATGTAAAGCTCTATCAGCAGGGAAGAAAGACTCGTAAGTGAGATGACGGTACCTGACTAA
GAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTTACTG
GGTGTAAGGGAGCGCAGACGGCTTAGCAAGTCTGAAGTGAACCCACGGCTCAACCGTGGGCTTGCTTT
GGAACTGTAAAGCTAGAGTACTGGAGAGGTAAGCGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATTA
GGAGGAACATCGGTGGCGAAGGCGGCTTACTGGACAGCAACTGACGTTGAGGCTGAAGGCGTGGGGAG
CAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAAACGATGAATACTAGGTGTTGGGTGTCATAGACATT
CAGTGCCGTCGCTAACGCAATAAGTATTCACCTGGGGAGTACGTTTCGCAAGAATGAACTCAAAGGAATTG
ACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGATCTTG
AGATCCGGATGAATACATGGTAATGCATGTAGCTCTTCGGAGCATCCGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGT
CAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGCCATAGTAGCCAGCAGTA
AGATGGGAACCTCTATGGAGACTGCCAGGATAACCTGGAGGAAGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCC
CCTTATGATCTGGGCCACACACGTGCTACAATGTCGTAACAAAGGGACGCGACCCCGCGAGGGTGAGCAA
ATCTCAAAAATAACGACCCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACCCGCCTGCACGAAGCTGGAATCGTAGTAAT
CGCAGATCAGCATGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGTCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCG
GAAATGCCCGAAGCCGGTGACTTAACCGTAAGGAGAGAGCCGTGCAAGGCAGGTCTGATAACTGGGGTG
AGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT3'

>RB66

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCAGGTTCTCCTACGGCTACCTTGTTACGACTTCACCCAGTTATAAGTCCCTAC
CTTCGGCCGCTCTCTCCTTACGGTTAAGTCACGGACTTCGGGTATTACCTACTCCCATGGTGTGACGGGCGG
TGTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACCGCAGCATTCTGATCTGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCGTGT
AGTCGAGTTGCAGACTACAGTCCGAAGTACGACGTTATTTTTGGGATTGCTCGGCCTCAGCACTCTGCTTCC
CTTTGTTTACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGATCATAAGGGGCATGATGATTGACGTATCCCCACC
TTCCTCCAGGTTATCCCTGGCAGTCCCTCTAGAGTGCCACCTTGACGTGCTGGCTACTAAAGGCAAGGGTT
GCGCTCGTTGCGGACTTAACCCAACATCTACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACACCTGTCTCAA
CTGCTCCGAAGAGATATAGGCGTTACCCTATAGGTCAGTTGGATGTCAAGATCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTG
CTTCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCCCTTTGAGTTTCATTCTTGCGAAC
GTACTCCCCAGGTGGATTACTTAATGCGTTTGCGGCGGCACCGAGGACCTTTGGTCCCCAACACCTAGTAAT
CATCGTTTACAGCGTGGAATACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTCGAGCCCTCAACGTCAGT
TACAGTCCAGTAAGCCGCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCTAATATCTACGCATTTACCCGCTACACTAGGAAT
TCCGCTTACCTCTCCTGCACTCTAGCCTGGCAGTTTCCAAAGCAGTTCATGGTTAAGCCATGGGATTTCACT
TCAGACTTGCTATGCCGTCTACGCTCCCTTTACACCCAGTAAATCCGGATAACGCTTCCATACGTAATTAC
CGCGGCTGCTGGCACGTATTTAGCCGGAGCTTCTTAGTCAAGTACCGTCATTTTCTCCTTGCTGATAGAGCT
TTACATACCGAAATACTTCTCACTCACGCGGCGTCTGCTGGATCAGGGTTTCCCCATTGTCCAATATTCCCC
ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCCGTTACCCCTCTCAGGCCGGCT
ACTGATCGTCGCCCTTGGTGGGCGGTACCTCACCAACAAGCTAATCAGACGCGGGTCCATCGTATGCCGAT
AAATCTTTTCACTGTACCATGCGATACTGTGCGCTTATGCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCGCC
CTGCATACGGCAGGTTACCCACGCGTACTCACCCGTCCGCCACTAAGTATAAACAAGAATTGACCGAAATC
GCTTCAGCGTTTACACTCCGTTGACTTGATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAGGATC
AAACTCT3'

>RB67

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAATCACCGGTTTCG
CCCTAGGCCGACCCTCGCGGTACGGACTTCAGGCGCCCCCAGCTTTCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTA

CAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCATGGGGTC
 GGGTTGCAGACCCCAATCCGAACACGAGACATTTTCATGATTAGATGCGCGTTGCCGCACACCGACTCGCT
 GTATGCCCCATTGTAACACGTGTGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCAACCTTC
 CTCACACCTTGCGGTGGCAGTCCCTCCAGAGTGCCAGCTCTACCTGATGGCAACTAAAGGCAGGGGTTGC
 GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTCCACAGCA
 GCCCCGAAGGGCGTCAACATCTCTGTATCCTTCTGCTGCAGTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTATCA
 TCGAATTAACCACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGT
 ACTCCCCAGGTGGGATGCTTAACGCTTTTCGCTTGGCCGCTGACTGTATATCGCCAACAGCGGGCATCCATC
 GTTTACCGTGCGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGATACCCGCACCTTCGAGCCTTAGCGTCAGTAAT
 GCCCTGGAAGGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCCTCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCACGAATTC
 CGCCTTCCTCGTGACACTCAAGCCCGCCAGTTCGCGACGCACTTCACGGTTGAGCCGCGGCATTTACAG
 TCACGCTTAACAGGCGAGCTGCGCTCCCTTTAAACCAATAAATCCGGATAACGCCCGGACCTTCGTATTA
 CCGCGGCTGCTGGCACGGAATTAGCCGGTCTTATTCATACGGTACCTGCAAAAAACACACGTGGCTCAC
 TTTATCCCCGCATAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCCGTATCCTGCACGCTACTTGGCTGGTTACAGGCT
 CGCGCCCATTTAGCCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTGG
 GGGACCTTCCTCTCAGAACCCCTACCGATCGAAGGCTCGGTGGGCCGTTACCCCGCCGACTACCTAATCG
 GACGCATCCCCATCCCTTAGCGGTAAACCTTTGCTTCATTTAGATGTCTTCTACGAAGAACATAGGGTATTA
 ATCCGACTTTGCGCGGGCTATGCCCTACTAAGGGGAAGGTTGGATACGCGTTACTACCCGTGCGCCGGTC
 GCCATCAAACCTAGCAAGCTAAGTTCATGCTGCCCTCGACTTGCATGTGTTAAGCCTGTAGCTAGCGTTTCAT
 CCTGAGCCAGGATCAAACCTCT3'

>RB68

5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGATAACACATTCAAGTCGAACGGACTGATTTTC
 GTAGCTTGCTACGGATGAAAGTTAGTGGCGGACGGGTGAGTAACGCGTGAGCAACCTGCCCTATGTGCG
 GGATAACGTTTGAAACGGACGCTAATACCGCATAATCCAATTGGATCGCATGGTCCGATTGGCAAAGATTT
 ATTGCATAGGGATGGGCTCGCGTCCGATTAGATAGTTGGCGGGCAACGGCCACCAAGTCTGCGATCGG
 TAGCCGGACTGAGAGGTTGAACGGCCACATTGGAAGTGAAGAACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
 GTGGGGAATATTGGGCAATGGGCGAAAGCCTGACCCAGCGACGCCGCGTGAAGGAAGACGGTCTTCGGAT
 TGTAAACTTCTTTATGTAGGACGAAAAAATGACGGTACTACATGAATAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGC
 AGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCGAGCGTTATCCGGATTTACTGGGTGTAAAGGGTGTGTAGGCGGGATTG
 CAAGTCAGATGTGAAAATTATGGGCTCAACTCATAACCTGCATTTGAAACTGTGATTCTTGAGGGTCCGAGAG
 GTAACCGGAATTCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGT
 TACTGGACGATTACTGACGCTGAGACACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCA
 CGCTGTAACGATGAATGCTAGGTGTGGGGCGGATAGCTTCCGTGCCGCAGTTAACACAATAAGCATTCCA
 CCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGAGCCCGCACAAAGCAGTGGAGTATG
 TGGTTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGATTTGACATCCCGAGAAGTCTGCGTAATGGCGGAT
 GTGCCCTTCGGGGAATTCCGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTGAGTGTGTTGGGTTA
 AGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTACGTTTCAGTTGCTACGCAAGAGCACTCTGGACGAGTCCCGTTGACA
 AAACGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTACATTCTGGGCTACACACGTAACATA
 GGCGAAAACAAAGGAAGCAATACCGCGAGGTGGAGCAAAATCCCATAAAAGTCGTCCAGTTCCGATTGTA
 GTCTGCAACTCGACTGCATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCAAATCAGAATGTTGCGGTGAATACGTTCC
 CGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGGATATGCCCGAAGTCAGTGACCTAACGCAAGG
 AGGAGCTGCCGAAGTGGAGCCAATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGG
 CTGGATCACCTCCTT3'

>RB69

5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCGGTACGGCTACCTTGTTACGACTTAGCCCCAGTTACCAGTTTAC
 CCTAGGCCGCTCCTTGCGGTTGCAGACTTTAGGTACCCCCAGCTTCCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACA
 AGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGCCATGGCTGATGCGCGATTACTAGCGAATCCAGCTTCACGGAGTCCG
 AGTTGCAGACTCCGATCCGAACCTGAGATGGGTTTTATGAGATTAGCATCCACTCGCGTGGTAGCAACCTCT
 GTACCCACCATTTGAACACGTGTGTGCCCCGGACGTAAGGGCCGTGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTT
 CCTCTACCTTACAGTAGCAGTCCCGCTAGAGTTCCCGGCATGACCCGCTGGCAACTAACGGCAAGGGTTGC
 GCTCGTTATGGCACTTAAGCCGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTAGTTTCGTG
 CCCCCAAGGGAAGACCGCTTTACAGTCCGTCACTAACTTTCAAGCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTATCATC
 GAATTAACCACATGTTCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTA
 CTCCCCAGGTGGAATACTTAACACTTTCGCTGTACCGCTGACCATATATCGCCAACAGCTAGTATTCATCGTT
 TACTGCGTGGAAGTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGATACCCACGCTTTCGTGCCTCAGTGTGAGTTCATCG
 TGGTAAGCTGCCCTTCGCAATCGGGGTTCTGTGACATATCTAAGCATTTACCGCTACACATCACATTCCGCT

ACCTCGTTTGCACTCAAGTTCGCCAGTTTTCATGGCTTGGTACGGTTGAGCCGCACGCTTTCACCACAACTT
AACAAACCACCTACGCACCCTTTAAACCCAATAAAATCCGGATAACGCTCGCATCCTCCGTATTACCGCGGCT
GCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCGTCCGATACTTGCAAGAAGCCACACGTGGCCTTTTTTACCCTC
GGACAAAAGAAGTTTACAATCCATAGAACCTTCATCCTTCACGCGACTTGGCTGGTTCAGGCTCTCGCCATT
GACCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGACCGTGTCTCAGTTCCAATGTGGGGGACCTTCC
TCTCAGAACCCCTACTGATCGTCGACTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAACTATCTAATCAGAAGCGTGCTCA
CCCTATACCCTTACGTCTCAAGTGATCGTCATGCGGCGTTCACTCACATGGAGAATTAATCCAACCTTCGCTG
GGCTATGCCCCGGTATAGGACAGATTGCACACCTGTTACGCACCCGTGCGCCGGTCGCCACCAAAGAAAG
CAAGCTTCCTTCGTGCTGCCCCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGTCGCTAGCGTTCATCCTGAGCCAGGAT
CAAACCTCT3'