GPR126 6th intron Synthetic DNA construct wild type DNA clone

ATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATT
TCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTATAA
AGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAG
CAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATAT
TATAATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGAC
ACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCA
ATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTT
TTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGA
TAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAAATTGTGT
TCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
-=-=-=-=
M13dir primer (direct strand):

```
    FILE NAME     58       67        77        87        97       107
117
    5D.SEQ
GCGGAGACATTATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
...........ATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTT
                -10       -1         9        19        29        39
49

    FILE NAME    118      127       137       147       157       167
177
    5D.SEQ
TTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATTTCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGG

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATTTCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGG
                 50       59        69        79        89        99
109

    FILE NAME    178      187       197       207       217       227
237
    5D.SEQ
AATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTATAAAGACATCGATTCAGA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTATAAAGACATCGATTCAGA
                110      119       129       139       149       159
169

    FILE NAME    238      247       257       267       277       287
297
    5D.SEQ
TAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCC
                170      179       189       199       209       219
229

    FILE NAME    298      307       317       327       337       347
357
    5D.SEQ
AGCAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
    INI.SEQ
AGCAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCT
                230      239       249       259       269       279
289

    FILE NAME   358      367       377       387       397       407
417
    5D.SEQ
AGCCAGTAGATGGGAATATTATAATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAACATAC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AGCCAGTAGATGGGAATATTATAATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAACATAC
                290      299       309       319       329       339
349

    FILE NAME   418      427       437       447       457       467
477
    5D.SEQ
AAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGACACATCCTCTACTGTCCAAGAACAT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGACACATCCTCTACTGTCCAAGAACAT
                350      359       369       379       389       399
409

    FILE NAME   478      487       497       507       517       527
537
    5D.SEQ
TTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCAATCATGT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCAATCATGT
                410      419       429       439       449       459
469

    FILE NAME   538      547       557       567       577       587
597
    5D.SEQ
CATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTT
                470      479       489       499       509       519
529

    FILE NAME   598      607       617       627       637       647
657
    5D.SEQ
CATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACC
                530      539       549       559       569       579
589

    FILE NAME   658      667       677       687       697       707
717
    5D.SEQ
ACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGATAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAA
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
ACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGATAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAA
                590       599       609       619       629       639
649
-=-=
M13rev primer (complement):
    FILE NAME    820       829       839       849       859       869
879
    5R.SEQ
GCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAAT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
GCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAAT
                552       561       571       581       591       601
611

    FILE NAME    880       889       899       909       919       929
939
    5R.SEQ
TCAGATAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGAC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TCAGATAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGAC
                612       621       631       641       651       661
671

    FILE NAME    940       949       959       969       979       989
999
    5R.SEQ
AGAAATATTCTCAAAATTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AGAAATATTCTCAAAATTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTT
                672       681       691       701       711       721
731

    FILE NAME   1000     1009      1019
    5R.SEQ         ACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
                   |||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ        ACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
                732       741       751
```

GPR126 6th intron Synthetic DNA construct "chr. 6: 142,706,206; G/A substitution" clone

ATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATT
TCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTATAA
AGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAG
CAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATAT
TATAATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATCAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGAC
ACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCA
ATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTT
TTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGA
TAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAAATTGTGT
TCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
=-==================
M13dir primer (direct strand):
FILE NAME 74 83 93 103 113 123
133
G1-2_M~2.SEQ
GCTCTCCCATATGGTCGACCTGCAGGTCGAATTCAGACATATCACCAGGGACCCAAAACC

||||||||||||||||||||
INI.SEQ
.....ATCACCAGGGACCCAAAACC
-39 -30 -20 -10 0 10
20

FILE NAME 134 143 153 163 173 183
193
G1-2_M~2.SEQ
CTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATTTCC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
INI.SEQ
CTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATTTCC
21 30 40 50 60 70
80

FILE NAME 194 203 213 223 233 243
253
G1-2_M~2.SEQ
TCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
INI.SEQ
TCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTT
81 90 100 110 120 130
140

FILE NAME 254 263 273 283 293 303
313
G1-2_M~2.SEQ
CAGTAGGGTTATAAAGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
INI.SEQ
CAGTAGGGTTATAAAGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACC
141 150 160 170 180 190
200

FILE NAME 314 323 333 343 353 363
373
G1-2_M~2.SEQ
AAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAGCAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAA

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAGCAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAA
                201       210       220       230       240       250
260

    FILE NAME   374       383       393       403       413       423
433
    G1-2_M~2.SEQ
ATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATATTATAATTCTAAC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
ATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATATTATAATTCTAAC
                261       270       280       290       300       310
320
-=-=
-=-=
M13rev primer (complement):
    FILE NAME       618
    G1-2_M~1.SEQ   TAAGTA
                   ||||||
    INI.SEQ        TAAGTA
                      326

    FILE NAME   619       628       638       648       658       668
678
    G1-2_M~1.SEQ
TTTCACTCTTTGTATAAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGACA
                  ||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TTTCACTCTTTGTATGAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGACA
                327       336       346       356       366       376
386

    FILE NAME   679       688       698       708       718       728
738
    G1-2_M~1.SEQ
CATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTG

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTG
                387       396       406       416       426       436
446

    FILE NAME   739       748       758       768       778       788
798
    G1-2_M~1.SEQ
GAGCTGTATTCACTCAATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
GAGCTGTATTCACTCAATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCC
                447       456       466       476       486       496
506

    FILE NAME   799       808       818       828       838       848
858
    G1-2_M~1.SEQ
ATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATC
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
ATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATC
                507      516       526       536       546       556
566

    FILE NAME    859      868       878       888       898       908
918
    G1-2_M~1.SEQ
AGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGATAATTCTTAA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGATAATTCTTAA
                567      576       586       596       606       616
626

    FILE NAME    919      928       938       948       958       968
978
    G1-2_M~1.SEQ
TCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAA
                627      636       646       656       666       676
686

    FILE NAME    979      988       998      1008      1018      1028
1038
    G1-2_M~1.SEQ
ATTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAAC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
ATTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAAC
                687      696       706       716       726       736
746

    FILE NAME   1039     1048
    G1-2_M~1.SEQ   CACCTATAC
                   |||||||||
    INI.SEQ        CACCTATAC
                747      756
```

GPR126 6th intron Synthetic DNA construct "chr. 6: 142,706,206; G/A substitution + chr. 6: 142,706,209; C/T substitution" clone

```
ATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATT
TCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTATAA
AGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAG
CAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATAT
TATAATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGAC
ACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCA
ATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTT
TTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGA
TAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAAATTGTGT
TCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
=-==================
M13dir primer (direct strand):
    FILE NAME     19        28         38         48         58         68
78
    G2-8_M~2.SEQ
TGGGCCCGACGTCGCATGCTCCCGGCCGCCATGGCGGCCGCGGAGACATATCACCAGGGA

||||||||||
    INI.SEQ
..................................................ATCACCAGGGA
                 -48       -39        -29        -19         -9          1
11

    FILE NAME     79        88         98        108        118        128
138
    G2-8_M~2.SEQ
CCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACA
                  12        21         31         41         51         61
71

    FILE NAME    139       148        158        168        178        188
198
    G2-8_M~2.SEQ
TCAATTTCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TCAATTTCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGA
                  72        81         91        101        111        121
131

    FILE NAME    199       208        218        228        238        248
258
    G2-8_M~2.SEQ
TATAAATTTCAGTAGGGTTATAAAGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGAT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TATAAATTTCAGTAGGGTTATAAAGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGAT
                 132       141        151        161        171        181
191

    FILE NAME    259       268        278        288        298        308
318
    G2-8_M~2.SEQ
AGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAGCAACCCCCAAGAAAGCAACA
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAGCAACCCCCAAGAAAGCAACA
                192       201       211       221       231       241
251

    FILE NAME   319       328       338       348       358       368
378
    G2-8_M~2.SEQ
GCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATATTAT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
GCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATATTAT
                252       261       271       281       291       301
311

    FILE NAME   379       388       398       408       418       428
438
    G2-8_M~2.SEQ
AATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAATATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTC
                312       321       331       341       351       361
371

    FILE NAME   439       448       458       468       478       488
498
    G2-8_M~2.SEQ
CCTCCAGGATTGACACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCT

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CCTCCAGGATTGACACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCT
                372       381       391       401       411       421
431

    FILE NAME   499       508       518       528       538       548
558
    G2-8_M~2.SEQ
TGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCAATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCAATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAA
                432       441       451       461       471       481
491

    FILE NAME   559       568
    G2-8_M~2.SEQ   AGCCTTGTTTAGGCCAT
                   |||||||||||||||||
    INI.SEQ        AGCCTTGTTTAGGCCAT
                492       501
-=-=
M13rev primer (complement):
    FILE NAME   758       767       777       787       797       807
817
    G2-8_M~1.SEQ
CTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAG

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
    INI.SEQ
CTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAG
                510       519       529       539       549       559
569

    FILE NAME   818       827       837       847       857       867
877
    G2-8_M~1.SEQ
TTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGATAATTCTTAATC

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGATAATTCTTAATC
                570       579       589       599       609       619
629

    FILE NAME   878       887       897       907       917       927
937
    G2-8_M~1.SEQ
AAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAAA

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAAA
                630       639       649       659       669       679
689

    FILE NAME   938       947       957       967       977       987
997
    G2-8_M~1.SEQ
TTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAACCACCTATAC

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
                690       699       709       719       729       739
749
```

ATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGAAACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATT
TCCTCTGTAGGACATTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTATAA
AGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTATGATGGAGCAAAAATTCCAG
CAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGCATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATAT
TATAATTCTAACTAAGTATTTCACTCTTTGTATGAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCTCCAGGATTGAC
ACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGACTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCA
ATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGCCTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTT
TTAACAAAGCAAGCAAATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCAGA
TAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGAAATATTCTCAAAATTGTGT
TCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACCATGTCTCTGAACCACCTATAC
=-====================
M13dir primer (direct strand):
    FILE NAME   39   48   58   68   78   88
98
    G3-1_M~2.SEQ
CTCCCGGCCGACCATGGCGGCCGCGGAGAAATACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGA

||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ   ....
ATCACCAGGGACCCAAAACCCTGAGAAAAGA
                -12   -3   7   17   27   37
47

    FILE NAME   99   108   118   128   138   148
158
    G3-1_M~2.SEQ
AACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATTTCCTCTGTAGGACA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AACCCACATAGTTCATTTTTTCTTGGCTTCAGAGGTTACATCAATTTCCTCTGTAGGACA
                 48   57   67   77   87   97
107

    FILE NAME   159   168   178   188   198   208
218
    G3-1_M~2.SEQ
TTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TTTAAATTGGAACTATGGAATATTTTACATGAAACATAGATATAAATTTCAGTAGGGTTA
                108   117   127   137   147   157
167

    FILE NAME   219   228   238   248   258   268
278
    G3-1_M~2.SEQ
TAAAGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TAAAGACATCGATTCAGATAGTGTTTATGGTTATTCTGATAGTTACACCAAGGAGATTTA
                168   177   187   197   207   217
227

    FILE NAME   279   288   298   308   318   328
338
    G3-1_M~2.SEQ
TGATGGAGCAAAAATTCCAGCAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
TGATGGAGCAAAAATTCCAGCAACCCCCAAGAAAGCAACAGCAGCTGAAATTTCCAGTGC

```
                 228       237       247       257       267       277
287

    FILE NAME    339       348       358       368       378       388
398
    G3-1_M~2.SEQ
ATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATATTATAATTCTAACTAAGTATTTCA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
ATATTTCACATGGACTCTAGCCAGTAGATGGGAATATTATAATTCTAACTAAGTATTTCA
                 288       297       307       317       327       337
347

    FILE NAME    399       408       418       428       438
    G3-1_M~2.SEQ   CTCTTTGTATAAATATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCT
                   |||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ        CTCTTTGTATGAACATACAAAGAGCCTCTGTGGTATTCTCCCT
                 348       357       367       377       387
-=-=
M13rev primer (complement):
    FILE NAME    619       628       638       648       658       668
678
    G3-1_M~1.SEQ
CCAGGATTGACACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CCAGGATTGACACATCCTCTACTGTCCAAGAACATTTATACGGTGCTTCAGAGTCCTTGA
                 375       384       394       404       414       424
434

    FILE NAME    679       688       698       708       718       728
738
    G3-1_M~1.SEQ
CTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCAATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CTTGGTGGAGTGGAGCTGTATTCACTCAATCATGTCATTTCTGACATTCTTGAAGAAAGC
                 435       444       454       464       474       484
494

    FILE NAME    739       748       758       768       778       788
798
    G3-1_M~1.SEQ
CTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
CTTGTTTAGGCCATCTCTCTCTGCGTCATAACCTTCATTGGAGTTTTAACAAAGCAAGCA
                 495       504       514       524       534       544
554

    FILE NAME    799       808       818       828       838       848
858
    G3-1_M~1.SEQ
AATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AATGTTAGAATCAGTTAAAATGGTCTGTCTTGACCACATTAATGAAAAAAATCTAATTCA
                 555       564       574       584       594       604
614
```

```
    FILE NAME    859      868       878       888       898       908
918
    G3-1_M~1.SEQ
GATAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGA

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
GATAATTCTTAATCAAAATGTCATCAGCGTTTAAAAATATTCAGGTCATTATATGACAGA
                615      624       634       644       654       664
674

    FILE NAME    919      928       938       948       958       968
978
    G3-1_M~1.SEQ
AATATTCTCAAAATTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACC

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    INI.SEQ
AATATTCTCAAAATTGTGTTCTCAAATTTGTGTACCATCTTAACAATTGTTATTTTTACC
                675      684       694       704       714       724
734

    FILE NAME    979      988       998
    G3-1_M~1.SEQ   ATGTCTCTGAACCACCTATAC
                   ||||||||||||||||||||
    INI.SEQ        ATGTCTCTGAACCACCTATAC
                735      744       754
```