

โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลากระบอกดำ(*Liza subviridis*)
ในประเทศไทย

Population Genetic Structure and Demographic History of
Greenback Mullet (*Liza subviridis*) in Thailand

จุฑามาศ ศุภพันธ์
มหาวิทยาลัยราชภัฏนครศรีธรรมราช
แจ่มจันทร์ เพชรศิริ
มหาวิทยาลัยทักษิณ
ประดิษฐ์ แสงทอง
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
วีระเกียรติ ทรัพย์มี
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย วิทยาเขตนครศรีธรรมราช

รายงานการวิจัยงบประมาณแผ่นดินปี 2558
มหาวิทยาลัยราชภัฏนครศรีธรรมราช

โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลากระบอกดำ (*Liza subviridis*)
ในประเทศไทย

Population Genetic Structure and Demographic History of
Greenback Mullet (*Liza subviridis*) in Thailand

จุฑามาศ ศุภพันธ์¹, แจ่มจันทร์ เพชรศิริ², ประดิษฐ์ แสงทอง³ และ วีระเกียรติ ทรัพย์มี⁴
Juthamas Suppapan¹, Jamjun Petchsiri², Pradit Sangthong³ and Verakiat Supmee⁴

¹หลักสูตรครุศาสตรมหาบัณฑิต คณะครุศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏนครศรีธรรมราช จ. นครศรีธรรมราช 80280

²สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยทักษิณ วิทยาเขตพัทลุง จ. พัทลุง 93100

³ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เขตจตุจักร กรุงเทพฯ 10900

⁴สาขาวิทยาศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย วิทยาเขตนครศรีธรรมราช จ.นครศรีธรรมราช 80110

¹Science Program, Faculty of Education, Nakhon Si Thammarat Rajabhat University, Nakhon Si Thammarat, 80280

²Biotechnology Program, Faculty of Science, Thaksin University, Phattalung Campus, Phattalung 93100

³Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University, Bangkok, 10900

⁴Department of Science, Faculty of Science and Technology, Rajamangala University of technology Srivijaya, Nakhon Si Thammarat Campus, Nakhon Si Thammarat 80110

บทคัดย่อ

ศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลากระบอก (*Liza subviridis*) ในประเทศไทย โดยวิเคราะห์จากความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียบริเวณคอนโทรลรีเจียนเก็บตัวอย่างจาก 10 จังหวัดคือสตูล กระบี่ พังงา ปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด จำนวนทั้งหมด 175 ตัว พบว่ามีจำนวนแฮพลไทป์ทั้งหมด 50 แฮพลไทป์ ประกอบไปด้วย shared haplotype 21 แฮพลไทป์ และ rare haplotype 29 แฮพลไทป์ การที่มีจำนวน rare haplotype จำนวนมากแสดงว่าประชากรปลากระบอกในอ่าวไทยมีจำนวนเพศเมียที่มีความสามารถในการขยายพันธุ์เป็นจำนวนมาก ค่า haplotype diversity และ nucleotide diversity มีค่า 0.916 และ 0.063 ตามลำดับ จากการทดสอบ neutrality test พบว่าค่า Tajima's *D* และ $F_u' F_s$ มีค่า -2.240 และ -4.614 และมีนัยสำคัญทางสถิติซึ่งเบี่ยงเบนไปจากสมมติฐาน (neutral population) แสดงว่าประชากรปลากระบอกในประเทศไทยเคยมีการขยายขนาดมาก่อน โดยจากการทดสอบ mismatch distribution พบว่าประชากรน่าจะมีการขยายขนาดมาประมาณ 150,000 – 50,000 ปีที่ผ่านมาในยุคไพลสโตซีนจนถึงยุคโฮโลซีน การทดสอบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรด้วยวิธี AMOVA พบว่าประชากรปลากระบอกในประเทศไทยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมเกิดขึ้น ผลการศึกษานี้สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลในการจัดการปลากระบอกในประเทศไทยได้

Abstracts

Population genetic structure and demographic history of the Greenback Mullet (*Liza subviridis*) living along the Thailand's Gulf coast was analysed based on the variation of the nucleotide sequence of mitochondrial DNA control region (mtDNA CR). The mtDNA CR sequences of 175 individual collecting from 10 sampling sites: Satun, Krabi, Phang Nga, Pattani, Songkhla, Nakorn Si Thammarat, Petchburi, Samut Songkram, Rayong and Trat province, were analyzed. A total of 50 haplotypes, consisting of 21 shared and 29 rare haplotypes, were identified. An excess of rare haplotypes indicated that the female effective population size of *L. subviridis* living in the Gulf of Thailand is large. Estimated values of haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.916 and 0.063, respectively. The results of neutrality tests, both Tajima's D and Fu's F_S statistics, yielded negative values (-2.240 and -4.614, respectively) and statistically significant deviation from the neutrality, indicating that the *L. subviridis* living in the Thailand's Gulf coast had experienced population expansion. Mismatch distribution analysis indicated that a possible expansion that would occur 150,000 - 50,000 years ago during Pleistocene to Holocene glaciations period. The analysis of molecular variance (AMOVA) showed the genetic structure of the population living in Thailand. This study are necessary information contributing to efficient strategies to conserve this species in Thailand.

กิตติกรรมประกาศ

การวิจัยครั้งนี้ได้รับงบประมาณสนับสนุนจากงบประมาณแผ่นดินปีงบประมาณ 2558 มหาวิทยาลัยราชภัฏนครศรีธรรมราช ขอขอบคุณสาขาวิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย และคณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยทักษิณที่เอื้อเฟื้อสถานที่และอุปกรณ์ในการทดลอง อีกทั้งเจ้าหน้าที่ปฏิบัติการที่ให้ความอนุเคราะห์ รวมถึงขอขอบคุณชาวประมงทุกท่านที่มีส่วนช่วยในการเก็บตัวอย่างโดยให้ความร่วมมืออย่างยิ่ง ขอพระคุณทุกภาคส่วนที่มีส่วนช่วยให้งานวิจัยชิ้นนี้เสร็จสมบูรณ์และมีการตีพิมพ์เผยแพร่ รวมทั้งประโยชน์ที่ได้รับจากงานวิจัยที่สามารถนำไปบูรณาการร่วมกับการเรียนการสอนในรายวิชาพันธุศาสตร์ ในหลักสูตรวิทยาศาสตร์ คณะครุศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏนครศรีธรรมราช และในงานวิจัยทางชีววิทยา สำหรับนักศึกษาระดับปริญญาตรี สาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย วิทยาเขตนครศรีธรรมราช ทั้งยังเป็นการส่งเสริมการใช้ทรัพยากรร่วมกันอย่างคุ้มค่าทั้งส่วนงบประมาณวิจัยและบุคลากรที่มีการแลกเปลี่ยนเรียนรู้ร่วมกันจนเกิดประโยชน์สูงสุดต่อนักศึกษาและผู้สนใจได้อย่างดียิ่ง

ผู้วิจัยหวังเป็นอย่างยิ่งว่างานวิจัยชิ้นนี้จะเป็นประโยชน์ต่อนักศึกษา ผู้สนใจในงานวิจัยและหน่วยงานที่เกี่ยวข้องโดยเฉพาะหน่วยงานด้านทรัพยากรทางทะเลสามารถนำข้อมูลมาประกอบใช้เป็นแนวทางในการประยุกต์ใช้ในการจัดการทรัพยากรได้ต่อไป

คณะผู้วิจัย

2558

สารบัญ

| | หน้า |
|---|------|
| บทคัดย่อ | (ก) |
| Abstracts | (ข) |
| กิตติกรรมประกาศ | (ค) |
| สารบัญ | (ง) |
| สารบัญตาราง | (ฉ) |
| สารบัญภาพ | (ช) |
| สารบัญภาคผนวก | (ซ) |
| สารบัญภาพภาคผนวก | (ณ) |
| บทที่ 1 บทนำ | 1 |
| วัตถุประสงค์ของการทดลอง | 2 |
| บทที่ 2 การตรวจเอกสาร | 3 |
| 2.1 ลักษณะทางอนุกรมวิธานของปลากระบอก | 3 |
| 2.2 ความสำคัญทางเศรษฐกิจของปลากระบอก | 6 |
| 2.3 พันธุศาสตร์กับการจัดการทรัพยากรสัตว์น้ำ | 7 |
| 2.4 ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอในสัตว์ | 8 |
| 2.5 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม | 9 |
| 2.6 การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร | 11 |
| 2.7 การศึกษาประวัติประชากร | 11 |
| 2.8 การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรในปลาทะเล | 12 |
| บทที่ 3 วิธีการดำเนินการวิจัย | 15 |
| 3.1. วัสดุและอุปกรณ์ | 15 |
| 3.2. การสกัดดีเอ็นเอและการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมาย | 16 |
| 3.3. การจัดการข้อมูลและการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม | 16 |
| 3.4. การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร | 17 |
| 3.5. การวิเคราะห์ประวัติประชากร | 17 |
| บทที่ 4 ผลการวิจัย | 19 |
| 4.1. ความหลากหลายทางพันธุกรรม | 19 |
| 4.2. โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร | 22 |
| 4.3. ประวัติประชากร | 26 |

สารบัญ(ต่อ)

| | หน้า |
|--|------|
| บทที่ 5 วิจัยและสรุปผลการวิจัย | 29 |
| 5.1. ความหลากหลายทางพันธุกรรม | 29 |
| 5.2. โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร | 29 |
| 5.3. ประวัติประชากร | 30 |
| 5.4. แนวทางในการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรม | 31 |
| สรุปผลการวิจัย | 32 |
| เอกสารอ้างอิง | 33 |
| ภาคผนวก | 39 |
| ภาคผนวกที่ 1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแฮพลไทป์ของปลาระบอบก จำนวน 175 ตัว | 40 |
| ภาพภาคผนวก | 84 |
| ภาพภาคผนวกที่ 1 การลงพื้นที่เก็บตัวอย่างปลาระบอบก | 85 |
| ภาพภาคผนวกที่ 2 การจัดการตัวอย่างและการสกัดดีเอ็นเอ | 86 |
| ภาพภาคผนวกที่ 3 การเพิ่มปริมาณและการตรวจสอบดีเอ็นเอ | 87 |
| ภาพภาคผนวกที่ 4 การทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์และการส่งตัวอย่างเพื่อหา ลำดับนิวคลีโอไทด์ | 88 |
| ภาพภาคผนวกที่ 5 กิจกรรมการบูรณาการงานวิจัยร่วมกับการเรียน การสอนในรายวิชาพันธุศาสตร์ ในหน่วยเรียนเรื่อง พันธุวิศวกรรม โดยการจัดกิจกรรม อบรมเชิง ปฏิบัติการพันธุวิศวกรรมให้นักศึกษารายวิชา พันธุศาสตร์ 2/2557 หลักสูตรวิทยาศาสตร์ คณะครุศาสตร์ | 89 |
| ภาพภาคผนวกที่ 6 การบริการวิชาการโดยการบูรณาการงานวิจัยกับ การวิจัยวิทยาศาสตร์สำหรับนักศึกษาสาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย | 90 |

สารบัญตาราง

| ตารางที่ | | หน้า |
|----------|---|------|
| 1 | การกระจายของแฮพลไทป์ในแต่ละจังหวัดที่เก็บตัวอย่าง | 20 |
| 2 | ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม | 22 |
| 3 | การวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี AMOVA | 25 |
| 4 | ค่า pairwise F_{ST} | 25 |
| 5 | ค่าพารามิเตอร์ในการวิเคราะห์ประวัติประชากร | 27 |



สารบัญภาพ

| ภาพที่ | | หน้า |
|--------|--|------|
| 1 | ลักษณะของปลากระบอก | 4 |
| 2 | โครงสร้างของดีเอ็นเอในไมโทคอนเดรีย | 9 |
| 3 | บริเวณพื้นที่เก็บตัวอย่าง | 15 |
| 4 | ความสัมพันธ์ระหว่างแฮพลไทป์ (minimum spanning network) | 28 |



สารบัญภาคผนวก

| ภาคผนวกที่ | | หน้า |
|------------|--|------|
| 1 | ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแฮปโลไทป์ของปลาระบบอกจำนวน 175 ตัว | 39 |



สารบัญภาพภาคผนวก

| ภาพภาคผนวกที่ | | หน้า |
|---------------|--|------|
| 1 | การลงพื้นที่เก็บตัวอย่างปลากระบอก | 85 |
| 2 | การจัดการตัวอย่างและการสกัดดีเอ็นเอ | 86 |
| 3 | การเพิ่มปริมาณและการตรวจสอบดีเอ็นเอ | 87 |
| 4 | การทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์และการส่งตัวอย่างเพื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ | 88 |
| 5 | กิจกรรมการบูรณาการงานวิจัยร่วมกับการเรียนการสอนในรายวิชาพันธุศาสตร์ ในหน่วยเรียนเรื่องพันธุวิศวกรรม โดยการจัดกิจกรรม อบรมเชิงปฏิบัติการพันธุวิศวกรรม ให้นักศึกษารายวิชาพันธุศาสตร์ 2/2557 หลักสูตรวิทยาศาสตร์ คณะครุศาสตร์ | 89 |
| 6 | การบริการวิชาการโดยการบูรณาการงานวิจัยกับการวิจัยวิทยาศาสตร์สำหรับนักศึกษาสาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย | 90 |

บทที่ 1 บทนำ

ปลากระบอก (*Liza subviridis*) เป็นปลาที่พบแพร่กระจายบริเวณน่านน้ำแถบอินโด-แปซิฟิกตามแหล่งน้ำทะเลเข้าถึงและบริเวณแม่น้ำที่ติดต่อกับทะเลตลอดจนบริเวณแนวชายฝั่ง นิยมใช้ประโยชน์ทั้งจากการบริโภคสดและแปรรูป จากข้อมูลทางสถิติประมงในปี พ.ศ.2555 พบว่าการจับปลากระบอกในประเทศไทยในแต่ละปีมีปริมาณถึงกว่า 6,000 ตันต่อปี และมีมูลค่าเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ เนื่องจากมีความต้องการบริโภคเพิ่มมากขึ้นจนทำให้ปลากระบอกที่ถูกจับจากธรรมชาติมีแนวโน้มลดลงแต่ราคาเฉลี่ยต่อกิโลกรัมกลับมีราคาสูงขึ้น จากสาเหตุดังกล่าวจึงทำให้มีการศึกษาเกี่ยวกับปลากระบอกเพื่อให้สามารถใช้ประโยชน์ได้อย่างยั่งยืนซึ่งส่วนใหญ่จะเป็นการศึกษาทางด้านชีวประวัติและการเพาะเลี้ยง ส่วนการจัดการปลากระบอกที่ทำในปัจจุบันคือ การฟื้นฟูแหล่งที่อยู่อาศัย การปล่อยลูกปลาคืนสู่ธรรมชาติ ซึ่งต้องใช้ข้อมูลทางพันธุศาสตร์ในการจัดการ เช่น ข้อมูลโครงสร้างทางพันธุศาสตร์ประชากร (population genetic structure) และข้อมูลประวัติโครงสร้างประชากร (demographic history) รวมถึงการนำพ่อแม่พันธุ์ปลากระบอกจากธรรมชาติมาเพาะเลี้ยงซึ่งจะต้องทราบถึงกลุ่มทางพันธุกรรม (genetic stock) ด้วย แต่พบว่าข้อมูลดังกล่าวของปลากระบอกในประเทศไทยยังไม่เคยมีมาก่อน

โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรเกิดจากการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมอันเนื่องมาจากปัจจัยต่างๆ ที่มีผลกระทบต่อเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนหรือความหลากหลายทางพันธุกรรมซึ่งอาจจะเกิดจากปัจจัยทางสิ่งแวดล้อม การอพยพหรือการกลายพันธุ์ (Ayala, 1982; Slatkin, 1987) รูปแบบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรจะบ่งบอกถึงความสามารถในการอยู่รอดที่สิ่งมีชีวิตสามารถปรับตัวให้เหมาะสมกับแหล่งที่อยู่โดยแสดงออกในรูปแบบของความหลากหลายทางพันธุกรรมที่เหมาะสมกับกลุ่มประชากร (Tudela *et al.*, 1999) ซึ่งสามารถนำข้อมูลโครงสร้างทางพันธุศาสตร์ประชากรไปใช้ในการวางแผนจัดการทรัพยากรให้เหมาะสมกับแหล่งที่อยู่ได้ (Roldan *et al.*, 2000) อีกทั้งยังสามารถใช้ระบุกลุ่มทางพันธุกรรม (genetic stock) ของประชากรในธรรมชาติจากแหล่งอาศัยต่างๆ เพื่อเป็นฐานข้อมูลในการคัดเลือกสายพันธุ์ที่เหมาะสมเพื่อใช้ในการเพาะเลี้ยงได้

การศึกษาครั้งนี้ใช้เครื่องหมายพันธุกรรมคือลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียบริเวณคอนโทรลรีเจียน (control region) ซึ่งเป็นบริเวณที่มีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงมากกว่าบริเวณอื่นในไมโทคอนเดรีย 5-10 เท่า และสูงกว่าในยีนในนิวเคลียส 25-100 เท่า อีกทั้งมีการถ่ายทอดพันธุกรรมทางแม่ทำให้ไม่ต้องใช้ตัวอย่างในการศึกษาเมื่อเทียบกับการใช้เครื่องหมายพันธุกรรมชนิดอื่น (Boore, 1999) จึงเหมาะสมในการนำมาศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในประชากร (Ghivizzani *et al.*, 1993; Douzery and Randi, 1997 ; Guo *et al.*, 2011) ผลการศึกษาครั้งนี้สามารถนำข้อมูลที่นำไปใช้ในการจัดการประชากรปลากระบอกในธรรมชาติได้อย่างมีประสิทธิภาพและยังคงไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมและการจัดการที่ยั่งยืนต่อไป

วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย

1. เพื่อวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระบอก (*L. subviridis*) ในประเทศไทย
2. เพื่อศึกษาประวัติประชากรของปลากระบอกในประเทศไทย
3. เพื่อเป็นข้อมูลในการหาแนวทางในการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลากระบอกในประเทศไทย

บทที่ 2

ตรวจเอกสาร

ปัจจุบันมีการตื่นตัวในการรักษาความหลากหลายทางชีวภาพในธรรมชาติเพิ่มมากขึ้น เนื่องจากในอดีตที่ผ่านมามนุษย์มีการพัฒนาด้านต่างๆ เป็นระยะเวลายาวนาน โดยมีวัตถุประสงค์ที่จะให้ได้ผลลัพธ์สูงสุดแต่ให้ความสำคัญต่อผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อมน้อยมากจึงทำให้ได้ผลผลิตที่ไม่ยั่งยืน จะเห็นได้จากตัวอย่างของการประมงที่เริ่มจับสัตว์น้ำได้น้อยลงหรือการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำที่ประสบกับ ปัญหาต่างๆ มากมาย เช่น โรคระบาด หรือสัตว์น้ำที่เลี้ยงมีขนาดไม่โตเหมือนในอดีตที่ผ่านมา จาก ความตอนหนึ่งในพระราชดำรัสของพระบาทสมเด็จพระเจ้าอยู่หัวพระราชทานแก่สมาชิกกลุ่ม เกษตรกรทั่วประเทศ ณ โครงการส่วนพระองค์สวนจิตรลดาเมื่อวันที่ 14 พฤษภาคม 2523 ว่า

“...ทรัพยากรด้านประมงจะต้องจัดเป็นระเบียบ ความสำคัญไม่ได้อยู่ที่ว่าปล่อยพันธุ์ปลาให้ดีหรือ เลี้ยงปลาให้เติบโต ความสำคัญอยู่ที่ด้านบริหารการจับปลาเพื่อให้ประชาชนได้ประโยชน์จริงๆ...”

ดังนั้นในการบริหารจัดการปลากระบอกอย่างยั่งยืนนั้นนอกจากจะต้องมีการจัดการทางการ ประมงที่ดีแล้ว จำเป็นมากที่จะต้องทราบข้อมูลทางพันธุกรรมซึ่งจะต้องใช้พิจารณาประกอบในการ จัดการเพื่อให้เหมาะสมกับแหล่งพันธุกรรมของปลากระบอกแต่ละท้องถิ่นเพื่อให้คงซึ่งความ หลากหลายทางพันธุกรรมไว้

2.1 ลักษณะทางอนุกรมวิธานของปลากระบอก

ปลากระบอกหรือมีชื่อเรียกอื่นว่า ปลากระบอกเกล็ดหยาบ และปลากระบอกหัวเสียม (ภาพ ที่ 1) มีชื่อสามัญภาษาอังกฤษว่า greenback mullet และมีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Liza subviridis* โดยมีชื่อพ้องคือ *Mugil subviridis*, *M. dussumieri*, *M.sundanensis*, *M. brachysoma*, *M. compressus*, *M.jerdoni*, *M. olivaceus*, *M. ruthveni*, *M. philippinus*, *M. lepidopterus*, *M. ampinensis*, *Liza dussumieri*, *Chelon compressa*, *Chelon dussumieri* มีการจำแนกทาง อนุกรมวิธานดังนี้ (Froese and Pauly, 2007)

| | |
|-----------|------------------------|
| Class | Osteichthyes |
| Subclass | Neoptergii |
| Order | Perciformes |
| Suborder | Mugiloidei |
| Family | Mugilidae |
| Subfamily | Mugilinae |
| Genus | Liza |
| Species | <i>Liza subviridis</i> |

ลักษณะทั่วไปปลากระบอกดำมีรูปร่างเรียวยาว ปลายหัวมน จะงอยปากกว้างและสั้น โดยมี ความยาวเป็นร้อยละ 6.1-8.8 ของความยาวมาตรฐาน (standard length: SL) ความยาวหัวเป็น ร้อยละ 21.3 -30.5 ของความยาวมาตรฐาน ตำแหน่งของปากจะอยู่บริเวณกึ่งกลาง (terminal mouth) ริมฝีปากบาง ไม่มีปุ่มปม ปลายสุดของมุมปากจะมีกระดูกขากรรไกรบนโผล่พ้นเมื่อปากหุบ กระดูกหน้าตา (preorbital) มีขอบหน้าตัดตรง ส่วนปลายเว้าเข้าเล็กน้อยตอนปลายคอด และมีหยัก ละเอียดที่ขอบปลายสุด รูจมูกช่องหน้า และหลังแยกห่างกันประมาณร้อยละ 42 ของความยาวหัว (head length : HL) เยื่อไขมันปิดตา (adipose eyelid) เจริญดีมาก โดยเฉพาะทางด้านขอบหลังตา นั้นจะปกคลุมไปถึง pupil มีความยาวเป็นร้อยละ 45.4 -56.3 ของความยาวหัว ฟันมีลักษณะแบบ villiform อยู่บริเวณขากรรไกรบนจำนวน 3-4 แถว และขากรรไกรล่าง 1 แถว ลิ้นมีลักษณะเป็นสัน ยกสูงขึ้นในแนวกึ่งกลาง ครีบหลัง (dorsal fin) มี 2 ตอน คือ ครีบหลังตอนแรกมีเฉพาะก้านครีบแข็ง (spine) จำนวน 4 ก้าน และตั้งอยู่บริเวณกึ่งกลางลำตัวที่ตำแหน่ง ร้อยละ 46.7-58.1 ของความยาว มาตรฐาน ครีบหลังตอนที่สองมีเฉพาะก้านครีบอ่อนจำนวน 9 ก้าน แบ่งเป็นก้านครีบอ่อนชนิดไม่แตก แขนง (unbranch ray) จำนวน 2 ก้าน และก้านครีบอ่อนชนิดแตกแขนง (branch ray) จำนวน 7 ก้าน ครีบกัน (and fin) ประกอบด้วยด้านครีบแข็งจำนวน 3 ก้าน และก้านครีบอ่อนจำนวน 8-9 ก้าน โดยอยู่ตำแหน่งเยื้องไปข้างหน้ากับครีบหลังตอนที่สองประมาณ 1 ใน 3 ครีบอก (pectoral fin) ประกอบด้วยก้านครีบอ่อนทั้งหมดจำนวน 11-16 ก้าน แบ่งเป็นก้านครีบอ่อนชนิดไม่แตกแขนง (unbranch ray) จำนวน 2 ก้าน และก้านครีบอ่อนชนิดแตกแขนง (branch ray) จำนวน 11-14 ก้าน โดยตำแหน่งครีบอกอยู่ตำแหน่งกึ่งกลางลำตัว และมีความยาวร้อยละ 15.5-21.8 ของความยาว มาตรฐาน ครีบหาง (caudal fin) มีลักษณะเป็นแฉกเว้าตื้น (slightly forked) เกสิดมีลักษณะแบบ cycloid โดยครีบหลังตอนที่สอง และครีบกันมีเกสิดขนาดเล็กปกคลุม ส่วนครีบอกไม่มีเกสิดแบบ axillary ใต้ครีบ เกสิดที่อยู่บนหัวจะปกคลุมถึงรูจมูกช่องหน้า เกสิดที่อยู่บนเส้นข้างลำตัว (lateral line scale) มีจำนวน 27-31 เกสิด สีบนลำตัวมีสีน้ำตาลอมเขียว และมีสีน้ำเงินวาวด้านข้างลำตัว ผสมกับแนวประของจุดสีดำจำนวน 5-6 แถว (ปิยะเทพ, 2553)



ภาพที่ 1 ลักษณะของปลากระบอก

การแพร่กระจาย

ปลากระบอกอาศัยอยู่ทั่วไปตั้งแต่บริเวณชายฝั่งจนถึงบริเวณปากแม่น้ำ ทั้งในเขตร้อนและเขตอบอุ่น มีการกระจายทั่วไปตั้งแต่บริเวณซีกโลกเหนือ และบริเวณซีกโลกใต้ ตั้งแต่ละติจูดที่ 42 องศาเหนือถึง 42 องศาใต้ ที่มีอุณหภูมิน้ำไม่ต่ำกว่า 16 องศาเซลเซียส พบทั่วไปในบริเวณน่านน้ำของประเทศนิวซีแลนด์ ออสเตรเลีย มาเลเซีย ฟิลิปปินส์ ศรีลังกา อินโดนีเซีย แอฟริกา และไทย โดยเฉพาะบริเวณที่เป็นปากแม่น้ำ หมู่เกาะหรือบริเวณน้ำจืดที่ติดต่อกับทะเล เป็นปลาที่มีการปรับตัวได้ดีในทุกช่วงความเค็ม และอาศัยอยู่รวมกันเป็นฝูง ในประเทศไทยพบการแพร่กระจายทั้งในอ่าวไทย และทะเลอันดามัน โดยจะอาศัยบริเวณปากแม่น้ำ ป่าชายเลน ชายฝั่ง ทะเล รวมถึงนาุ้งและลำคลองน้ำจืดเชื่อมต่อกับทะเล (ปิยะเทพ, 2553; Froese and Pauly, 2007)

การรวมฝูง

ปลากระบอกเป็นปลาผิวน้ำมีการอยู่รวมกันเป็นฝูงเพื่อแสดงพฤติกรรมต่างๆ ขนาดของฝูงมีขนาดไม่เท่ากันขึ้นอยู่กับฤดูกาล เช่น ก่อนการวางไข่ ปลาจะมีการรวมฝูงใหญ่กว่าปกติ ปลากระบอกมีนิสัยชอบอยู่รวมกันเป็นฝูงถึงแม้จะมีสมาชิกเพียงไม่กี่ตัวก็ตาม ซึ่งการรวมฝูงเป็นสัญชาตญาณอย่างหนึ่ง เช่น เพื่อการสืบพันธุ์ เพื่อการหลบหนีศัตรูและเพื่อหาอาหาร การเคลื่อนที่เป็นฝูงจะเป็นไปอย่างมีระเบียบถ้ามีตัวใดตัวหนึ่งแยกออกจากฝูงก็จะมีตัวอื่นๆ แยกออกไปโดยจะแยกเป็น 2 ฝูง แล้วจะกลับเข้ามาเป็นฝูงใหม่อีกครั้งหนึ่ง ในขณะที่ยังเป็นลูกปลาจะอยู่รวมกันเป็นฝูงหรือกลุ่มย่อย เมื่อเวลาหาอาหารจะแตกฝูงออกแต่อยู่ในบริเวณจำกัดและกลับมารวมฝูงใหม่เมื่อน้ำลงหรือตื่นตกใจ เมื่อโตเต็มวัยและถึงเวลาอพยพเพื่อการวางไข่จะรวมกันเป็นฝูงใหญ่มีการสลับตัวกันระหว่างฝูงบ้างแต่ไม่มากนัก อายุของสมาชิกในฝูงจะเป็นรุ่นเดียวกัน นอกจากนี้แสงยังมีอิทธิพลต่อการรวมฝูงของปลากระบอกโดยการรวมฝูงกันเป็นกลุ่มใหญ่อยู่ตามผิวน้ำและมีความว่องไวมากในเวลากลางวัน การอพยพของปลากระบอกแบ่งได้เป็น 2 ลักษณะคือการเคลื่อนที่ประจำวัน (daily movement) เป็นการเคลื่อนที่ที่ขึ้นกับการขึ้นลงของกระแสน้ำตามบริเวณแนวชายฝั่ง ซึ่งเป็นการเคลื่อนที่ระยะทางไม่ไกลมากนักขึ้นอยู่กับความลาดชันของชายฝั่ง และการอพยพตามฤดูกาล (seasonal migration) เป็นการเคลื่อนที่ที่เป็นระยะเวลายาวนาน เช่น การอพยพเพื่อการวางไข่ ปลากระบอกเมื่อโตเต็มวัยจะรวมกันเป็นฝูงใหญ่และอพยพออกสู่ทะเล หรือเคลื่อนที่ไปตามแนวชายฝั่ง และจะว่ายน้ำกลับมากินยังถิ่นอาศัยเดิมอีกครั้งเพื่อเข้ามาอาศัยและเจริญเติบโต (Liu *et al.*, (2009a) ; Liu *et al.*, (2009b))

พฤติกรรมการกินอาหาร

ปลากระบอกจะหากินตามบริเวณแนวชายฝั่ง หรือตามป่าชายเลนในเวลาน้ำขึ้น โดยอาหารที่กินจะถูกกรองผ่านซี่เหงือก (gill raker) ที่ยาวละเอียดแล้วผ่านเข้าระบบทางเดินอาหารที่บริเวณคอหอย (pharynx) โดยมีอวัยวะที่ใช้ในการกรองอินทรีย์วัตถุขนาดใหญ่ไม่ให้ผ่านลงกระเพาะ กระเพาะ

ค่อนข้างหนา มีกล้ามเนื้อที่แข็งแรง ผันด้านในมีส่วนยื่นออกมาเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการย่อยอาหาร ซึ่งมีลักษณะคล้ายกระเพาะนก ความยาวลำไส้ยาวประมาณ 7 เท่าของความยาวลำตัว พฤติกรรมการกินอาหารจะหากินตามพื้นท้องน้ำ อาหารที่กิน ได้แก่ แพลงก์ตอนสัตว์ ไดอะตอม ซากเน่าเปื่อย และอินทรีย์สาร เป็นต้น หลังจากที่ปลากระบอกมีความยาว 24 มิลลิเมตร พฤติกรรมการกินอาหารจะไม่มี การเปลี่ยนแปลงอีกต่อไป โดยอาหารที่พบในกระเพาะคือ ไดอะตอม ซากเน่าเปื่อย สาหร่ายที่มีลักษณะที่เป็นเส้นสาย และอินทรีย์สาร ปลากระบอกชอบหากินตามพื้นท้องน้ำโดย ลูกปลากระบอกจะกินเฉพาะแพลงก์ตอนเป็นอาหารเท่านั้น ส่วนอาหารที่พบในกระเพาะของ ปลากระบอก ได้แก่ แพลงก์ตอน เช่น ไดอะตอม สาหร่ายสีเขียว สาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน โรติเฟอร์ ตัวอ่อนหอย กุ้ง ปู ตัวอ่อนหนอนทะเล ตัวอ่อนแมงกะพรุน ไข่ปลา ลูกปลา นอกจากนี้ยังพบซากพืช เน่าเปื่อยและอินทรีย์วัตถุต่างๆ ตลอดจนเศษรากไม้ ใบไม้ ในช่วงการอพยพเพื่อการวางไข่ ปลากระบอกมีความต้องการอาหารน้อยมากหรือไม่กินอาหารเลย ลูกปลากระบอกแต่ละชนิดมีการเลือกกินอาหารที่แตกต่างกัน ปากลูกปลากระบอกจะเปิดหลังจากฟักเป็นตัวแล้วประมาณ 2 วัน ซึ่ง ลูกปลากระบอกจะเริ่มกินอาหารเมื่ออายุ 3 วัน และลูกปลาสามารถกินอาหารได้ก่อนที่ถุงไข่แดงจะ ยุบหมด (ปิยะเทพ, 2553)

2.2 ความสำคัญทางเศรษฐกิจของปลากระบอก

ประเทศไทยมีการจับสัตว์น้ำติดอันดับ 1 ใน 10 ประเทศแรกของโลกโดยเฉพาะอย่างยิ่งการประมงทะเล จากข้อมูลสถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ. 2553 พบว่าตั้งแต่ พ.ศ. 2544 - 2553 มีผลผลิตจากการจับสัตว์น้ำเค็มและเพาะเลี้ยงชายฝั่งคิดเป็นร้อยละ 77 ของผลผลิตจากการประมงทั้งหมด แบ่งเป็นการประมงสัตว์ทะเลร้อยละ 52.3 และการเพาะเลี้ยงชายฝั่งร้อยละ 24.7 หนึ่งในทรัพยากรประมงชายฝั่งที่สำคัญของประเทศไทยคือปลากระบอก จากข้อมูลปริมาณสัตว์น้ำเค็มที่จับได้ทั้งหมดรวมการเพาะเลี้ยงชายฝั่งตั้งแต่ปี 2549 - 2553 พบว่ามีการจับปลากระบอกเพิ่มสูงขึ้นเรื่อยๆ โดยมีปริมาณการจับเฉลี่ย 6,700 ตันต่อปีคิดเป็นมูลค่า 380 ล้านบาทต่อปี แบ่งเป็นผลผลิตจากฝั่งทะเลอ่าวไทย 180 ล้านบาท และฝั่งอันดามัน 200 ล้านบาท (กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง, 2555) นอกจากนี้ปัจจุบันมีการพัฒนาเทคนิคในการเพาะเลี้ยงนอกเหนือจากการจับปลาในธรรมชาติ เนื่องจากปลากระบอกเป็นปลาที่กินแพลงก์ตอนเป็นอาหารจึงช่วยในการควบคุมปริมาณแพลงก์ตอนในบ่อเลี้ยงได้ เกษตรกรจึงให้ความสนใจในการเลี้ยงปลากระบอกกันมากเนื่องจากการเลี้ยง กุ้งเริ่มประสบปัญหาการขาดทุนเพราะสิ่งแวดล้อมที่เปลี่ยนไปและการเกิดโรคกุ้งทำให้กุ้งตายก่อนโต ได้ขนาดที่ตลาดต้องการ จึงมีการนำปลากระบอกไปเลี้ยงในบ่อกุ้งเพื่อใช้เป็นเครื่องมือทางชีวภาพในการปรับปรุงสภาพน้ำและรักษาสมดุลตามธรรมชาติ อีกทั้งมีการเลี้ยงเป็นแบบเชิงเดี่ยวอีกด้วยจึงทำให้ ความต้องการพันธุ์ปลากระบอกจึงมีสูงมาก ปัจจุบันสามารถทำการเพาะฟักไข่ปลากระบอกโดยใช้ จากพ่อแม่พันธุ์ปลากระบอกจากธรรมชาติได้แล้วแต่ยังประสบปัญหาพ่อแม่พันธุ์ไม่เพียงพอกับความ ต้องการที่จะผลิตพันธุ์ดังนั้นหากทราบข้อมูลเกี่ยวกับแหล่งพันธุ์กรรมของปลากระบอกจะทำให้การ ปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพเพิ่มมากขึ้น

2.3 พันธุศาสตร์กับการจัดการทรัพยากรสัตว์น้ำ

ปัจจุบันกิจกรรมทางการประมงด้านการจับสัตว์น้ำและการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำมีการพัฒนาอย่างรวดเร็ว มีการนำความรู้ทางพันธุศาสตร์มาใช้ในการจัดการทรัพยากรเพื่อให้สามารถใช้ประโยชน์ได้อย่างยั่งยืนและมีประสิทธิภาพสูงสุด การที่สัตว์น้ำต่างชนิดกันมีลักษณะการดำรงชีวิต อัตราการเจริญเติบโต อัตราการรอด และรูปแบบการสืบพันธุ์ที่แตกต่างกันเป็นผลเนื่องมาจากพันธุกรรมที่แตกต่างกันในแต่ละชนิด ปัจจุบันเทคนิคทางด้านอนุพันธุศาสตร์มีความก้าวหน้าเป็นอย่างมากทำให้สามารถตรวจสอบความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตได้ในระดับโมเลกุลโดยอาศัยโมเลกุลเครื่องหมาย เช่น โปรตีนเครื่องหมาย ได้แก่ อัลโลไซม์ ซึ่งเป็นการตรวจสอบและเปรียบเทียบความแตกต่างของโปรตีนชนิดต่างๆ และดีเอ็นเอเครื่องหมาย ได้แก่ ไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellites), เครื่องหมายอาร์เอพีดี (Randomly Amplified Polymorphic DNA; RAPD), เครื่องหมายเอเอฟแอลพี (Amplified fragment length; polymorphism; AFLP) และเครื่องหมายจากไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ รวมทั้งการตรวจสอบความแตกต่างในการเรียงตัวของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่บริเวณต่างๆ ซึ่งดีเอ็นเอเครื่องหมายสามารถบอกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้ละเอียดและถูกต้องกว่าโปรตีนเครื่องหมาย และใช้ปริมาณตัวอย่างในการตรวจสอบเพียงเล็กน้อย ดีเอ็นเอเครื่องหมายที่พัฒนาขึ้นในสัตว์น้ำชนิดต่างๆ ในประเทศไทยมีประโยชน์ต่อการวางแผนและการจัดการในเชิงอนุรักษ์ไม่ให้เกิดการปะปนของสายพันธุ์ที่ทำให้สูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมและอาจทำลายลักษณะทางพันธุกรรมที่เป็นประโยชน์ต่อการเพาะเลี้ยง การปรับปรุงพันธุ์ การจัดการเกี่ยวกับโปรแกรมการคัดเลือกเพื่อการผสมพันธุ์ ความผันแปรทางพันธุกรรมภายในประชากร และความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรของสัตว์น้ำ ดังนั้นการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสัตว์น้ำแต่ละชนิดทั้งระดับภายในประชากรและแต่ละประชากรจึงมีความสำคัญอย่างยิ่งต่อการจัดการทรัพยากรสัตว์น้ำแต่ละชนิด ซึ่งความรู้ที่ได้จากงานวิจัยพันธุศาสตร์พื้นฐานสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการจัดการทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดเป็นอย่างดี (Frankham *et al.*, 2002)

ปัจจุบันมีการนำความรู้เกี่ยวกับพันธุศาสตร์และเทคนิคทางอนุชีววิทยา มาศึกษาและประยุกต์ใช้ประโยชน์ของทรัพยากรสัตว์น้ำในด้านต่างๆ ให้เป็นไปอย่างยั่งยืน เช่น การระบุสปีชีส์ การศึกษาโครงสร้างประชากร การผสมข้ามสายพันธุ์ การวิเคราะห์ผลกระทบทางพันธุกรรมต่อการจับสัตว์น้ำและการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ เครื่องหมายพันธุกรรมนั้นมีประโยชน์อย่างยิ่งในการจัดการทรัพยากรทางน้ำ โดยช่วยในการจำแนกและติดตามลักษณะทางพันธุกรรมที่น่าสนใจในสัตว์น้ำที่ต้องการคัดพันธุ์เพื่อเป็นพ่อแม่พันธุ์ที่ดี รวมถึงการวางแผนการผสมข้ามสายพันธุ์ สำหรับการสร้างโปรแกรมการคัดพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพนั้นต้องมีความรู้พื้นฐานทางพันธุกรรมเป็นอย่างดี ต้องเข้าใจถึงความถี่ของยีน (gene frequency) และค่า heritability ในแต่ละประชากรสามารถประเมินระดับการอพยพได้รวมถึงการคาดการณ์การ mixed stock ระหว่างประชากรการศึกษาและติดตามพันธุกรรมของสัตว์น้ำซึ่งจะช่วยให้เข้าใจการเปลี่ยนแปลงของประชากรสัตว์น้ำทั้งในธรรมชาติและในโรงเพาะเลี้ยงได้ง่ายขึ้น

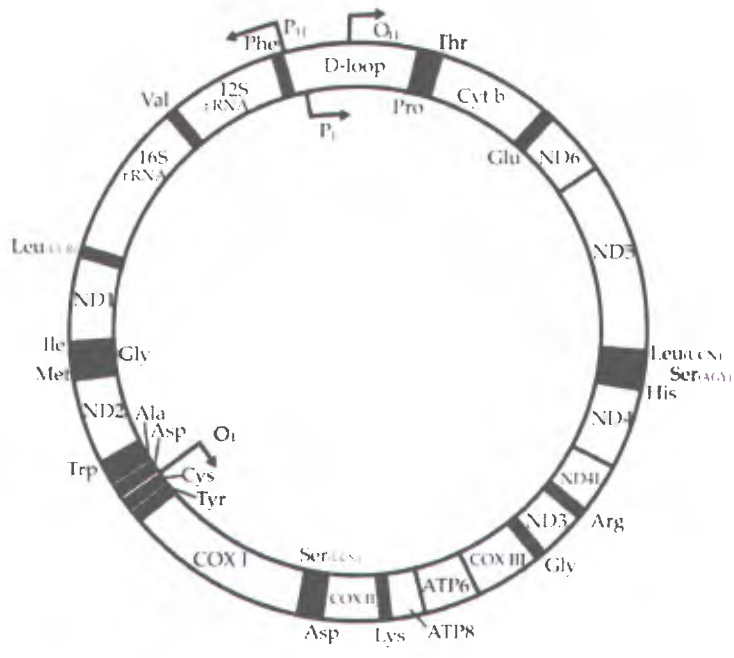
ในสัตว์ทะเลหลายชนิดจะมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำเนื่องจากพฤติกรรมการวางไข่ การอพยพหรือการไม่กลับมาวางไข่ที่แหล่งน้ำเดิมซึ่งส่งผลให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำและมีความเสี่ยงสูงต่อการสูญพันธุ์ ดังนั้นการปรับปรุงพันธุกรรมสัตว์น้ำที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำและการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์น้ำที่เป็นสัตว์น้ำในธรรมชาติ และโรงเพาะเลี้ยงจะทำให้สามารถจัดการการเพาะพันธุ์และผสมข้ามพันธุ์ได้อย่างเหมาะสม รวมถึงสามารถเฝ้าระวังการเกิดการผสมกันเองในกลุ่มเครือญาติ นอกจากนี้เครื่องมือพันธุกรรมยังช่วยในการจำแนกชนิดของสัตว์น้ำเพื่อผลประโยชน์ทางการค้าและเพื่อการอนุรักษ์อีกด้วย

2.4 ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในสัตว์

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลมีเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อใช้ในการตรวจสอบหลายวิธีเช่น Random amplification of polymorphic DNA (RAPD), Amplified fragment Length Polymorphism (AFLP) และ Simple Sequence Repeat (SSR) (Klinbunga *et al.*, 2007) ปัจจุบันนี้เครื่องหมายโมเลกุลที่กำลังได้รับความนิยมในปัจจุบันได้แก่ การศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียเนื่องจากมีข้อดีหลายประการเช่น มีการถ่ายทอดพันธุกรรมทางแม่ ทำให้มีความคล้ายคลึงกันของสมาชิกภายในประชากรจึงทำให้ไม่ต้องใช้ตัวอย่างในปริมาณที่มากในการเก็บตัวอย่างแต่ละครั้ง (Brown *et al.*, 1982) อีกทั้งไมโทคอนเดรียมีจำนวนมากในแต่ละเซลล์ ทำให้การสกัดดีเอ็นเอในแต่ละครั้งจะได้ปริมาณดีเอ็นเอเป็นจำนวนมาก รวมทั้งไม่มีการเกิดรีคอมบิเนชัน (recombination) ทำให้สามารถตรวจสอบสายสัมพันธ์ภายในประชากรได้ และที่สำคัญคือมีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงซึ่งเหมาะแก่การศึกษาในเรื่องของความแปรปรวนทางพันธุกรรม โครงสร้างทางพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากร (Guo *et al.*, 2011)

ไมโทคอนเดรียประกอบไปด้วยดีเอ็นเอประมาณ 2-10 ซ้ำ (Boore, 1999) ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอในสัตว์จะมีลักษณะเป็นวงกลม (circular DNA) โดยมีลำดับนิวคลีโอไทด์ประมาณ 15,000-17,000 คู่เบส ประกอบไปด้วยยีนจำนวน 37 ยีน ได้แก่ยีนที่แปลรหัสเพื่อเป็นเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการ oxidative phosphorylation 13 ยีน แปลรหัสเป็น transfer RNAs 22 ยีน และ แปลรหัสเป็นเป็น small และ large subunits of ribosomal RNAs จำนวน 2 ยีน ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอมีการจัดเรียงตัวของยีนที่ไม่ทับซ้อนและไม่มีส่วนที่เป็นอินทรอน มีส่วนที่เรียกว่าคอนโทรลริเจียน ซึ่งเป็นส่วนที่ไม่มีการแปลรหัสเป็นโปรตีน (Crease, 1999; Avise, 1986; Ouithavon, 2009) บริเวณคอนโทรลริเจียนมีชื่อเรียกอีกชื่อว่า D-loop เป็นบริเวณที่มีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงกว่าบริเวณอื่นในไมโทคอนเดรียซึ่งเป็นจุดเริ่มต้นของการเกิดจำลองดีเอ็นเอ (replication) และการแสดงออกของยีน (gene expression) (Boore, 1999) อัตราการเกิด nucleotide substitution ของบริเวณคอนโทรลริเจียนจะสูงกว่าบริเวณอื่น 5-10 เท่าและสูงกว่าใน nuclear genes 25-100 เท่า นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณคอนโทรลริเจียนมีขนาดที่เหมาะสมในการใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอเนื่องจากสามารถแยกดีเอ็นเอ ได้ด้วยวิธี gel electrophoresis ซึ่งเป็นวิธีการแยกดีเอ็นเอขั้นพื้นฐาน เช่นในปู *Geothelphusa dehaani* มีขนาด 0.51 kb และในปู *Callinectes sapidus* มีขนาด 1.44 kb (Segawa and Aotsuka, 2005, Place *et al.*, 2005) ดังนั้นการใช้ลำดับ

นิวคลีโอไทด์ในคอนโทรลริเจียนจึงเหมาะสมในการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในสปีชีส์ ได้แก่ การศึกษาโครงสร้างทางพันธุศาสตร์ประชากร ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร และผลจากการเกิดปรากฏการณ์คอขวด (bottleneck effect) (Ghivizzani *et al.*, 1993; Douzery and Randi, 1997 ; Guo *et al.*, 2011)



ภาพที่ 2 โครงสร้างของดีเอ็นเอในไมโทคอนเดรีย
ที่มา: Avise (1994)

2.5 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม

ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นส่วนหนึ่งของความหลากหลายทางชีวภาพ (biodiversity) ซึ่งประกอบด้วยความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) ความหลากหลายของชนิด (species diversity) และความหลากหลายทางนิเวศวิทยา (ecological diversity) ความหลากหลายทางพันธุกรรมหมายถึงความผันแปรของยีนหรือหน่วยของพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตชนิดใดชนิดหนึ่งทั้งภายในประชากรและระหว่างประชากร ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรเกิดจากการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศโดยการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนและการรวมตัวกันใหม่ (rearrangement) ของยีนหรือโครโมโซมในระหว่างการแบ่งตัวแบบไมโอซิสรวมทั้งการกลาย ส่วนความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากรเกิดขึ้นเมื่อสมาชิกในประชากรมีการแยกตัวออกจากประชากรเดิมและเริ่มแยกกลุ่มผสมพันธุ์ ลดการถ่ายเทยีนระหว่างประชากรทำให้ความถี่ของแอลลีลเปลี่ยนแปลงไป ซึ่งถ้ามีการถ่ายเทของยีนมากประชากรก็มีความแตกต่างกันเล็กน้อย แต่ถ้ามีการถ่ายเทของยีนน้อย หรือไม่มีเลยประชากรก็จะแตกต่างกันมากจนในระยะเวลาหนึ่งประชากรที่แยกจากกันจะมีวิวัฒนาการที่แตกต่างกัน เนื่องมาจากการปรับตัวให้เข้ากับ

สภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไป จึงทำให้เกิดความแตกต่างระหว่างประชากรและนำไปสู่การวิวัฒนาการเกิดเป็นชนิดพันธุ์ใหม่ (speciation)

ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นพื้นฐานที่สำคัญต่อความอยู่รอดของชนิดพันธุ์ (species) โดยสิ่งมีชีวิตที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ จะไม่สามารถปรับตัวได้หากสภาพแวดล้อมเปลี่ยนแปลงไปก็จะนำไปสู่การสูญพันธุ์ นอกจากนี้ความหลากหลายที่ต่ำหากเป็นผลมาจากจำนวนพ่อแม่พันธุ์ทางพันธุกรรม (effective population size, N_e) น้อยจะนำไปสู่การผสมเลือดชิด ซึ่งมีผลให้ลักษณะที่จำเป็นต่อการอยู่รอด เสื่อมถอยลง การอนุรักษ์จึงจำเป็นต้องรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างประชากรไว้ ซึ่งจะทำให้ได้อย่างมีประสิทธิภาพก็ต่อเมื่อมีข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรเป้าหมาย (Frankham *et al.*, 2002)

กระบวนการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมภายในประชากร

ประชากรในธรรมชาติมักมีพฤติกรรมที่เบี่ยงเบนไปจากประชากรทางทฤษฎี เนื่องจากเกิดกระบวนการทางพันธุกรรมต่างๆ กระบวนการสำคัญที่เกี่ยวข้องมีดังนี้คือ

1) การขาดช่วงทางพันธุกรรม (genetic drift) คือการที่ความถี่ของแอลลีลเปลี่ยนแปลงไปอย่างไม่มีทิศทาง เกิดจากการที่มีพันธุกรรมเพียงบางส่วนเท่านั้นที่ได้ถ่ายทอดไปสู่ชั่วอายุต่อไปทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลง 2 ประการ คือ (1) พันธุกรรมของรุ่นลูกแตกต่างจากรุ่นพ่อแม่ (2) ประชากรจะสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยแอลลีลจำนวนหนึ่งจะสูญหายไปโดยเฉพาะแอลลีลที่มีความถี่ต่ำ ดังนั้นจำนวนแอลลีลต่อตำแหน่งจะลดลงเมื่อเทียบกับประชากรธรรมชาติ กระบวนการขาดช่วงทางพันธุกรรมมักเกิดขึ้นกับประชากรขนาดเล็กมากกว่าประชากรขนาดใหญ่

2) การถ่ายเทยีนระหว่างประชากร (gene flow) เกิดจากสมาชิกของประชากรหนึ่งไปผสมพันธุ์กับอีกประชากรหนึ่ง หากสิ่งมีชีวิต 2 กลุ่มมีการถ่ายเทยีนในระดับที่สูง ความแตกต่างระหว่างประชากร 2 กลุ่ม ก็จะน้อยลงจนกระทั่งเป็นประชากรเดียว หากระดับการถ่ายเทยีนระหว่างกลุ่มต่ำ ทั้งสองกลุ่มก็อาจจะมี ความแตกต่างทางพันธุกรรม ปัจจัยที่ขัดขวางการถ่ายเทยีนระหว่างกลุ่ม อาจรวมถึงปัจจัยทางกายภาพ เช่น สภาพภูมิประเทศหรือสิ่งก่อสร้าง และปัจจัยทางชีววิทยา เช่น ความจำเพาะต่อแหล่งวางไข่ หรือการมีฤดูกาลวางไข่ต่างกัน

3) การเกิดสภาวะคอขวด (demographic bottlenecks) เกิดจากการที่แต่ละจีโนไทป์มีโอกาสถูกคัดเลือกออกจากประชากรได้ไม่เท่ากัน การคัดเลือกในประชากรสัตว์น้ำธรรมชาติสามารถเกิดได้จากสภาวะธรรมชาติ เช่น การเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิของน้ำหรือจากการกระทำของมนุษย์ เช่น การใช้เครื่องมือที่จำเพาะต่อสัตว์ลักษณะหนึ่ง การคัดเลือกอาจทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรเท่าเดิมหรือลดลงขึ้นอยู่กับลักษณะจีโนไทป์ที่เป็นโฮโมไซโกตหรือเฮเทอโรไซโกตที่ถูกคัดออกจากประชากร ผลของการคัดเลือกต่อลักษณะปริมาณคือการเปลี่ยนค่าเฉลี่ยของลักษณะของประชากรรุ่นถัดไป (วันศุกร์ และจิราภรณ์, 2551)

2.6 การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรเป็นการศึกษาการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมอันเนื่องมาจากปัจจัยต่างๆที่มีผลกระทบต่อ การเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนหรือความหลากหลายทางพันธุกรรมซึ่งอาจเกิดจากการปัจจัยทางสิ่งแวดล้อม การอพยพหรือการกลายพันธุ์ (Ayala, 1982; Slatkin, 1987) รูปแบบโครงสร้างทางพันธุศาสตร์ประชากรจะบ่งบอกถึงความสามารถในการอยู่รอดที่สิ่งมีชีวิตสามารถปรับตัวให้เหมาะสมกับแหล่งที่อยู่ต่างๆโดยแสดงออกในรูปแบบของความหลากหลายทางพันธุกรรมที่เหมาะสมกับกลุ่มประชากร โดยการเกิดโครงสร้างประชากรเกิดจากการที่มีการขัดขวางความสามารถในการส่งถ่ายยีนในกลุ่มประชากรเช่นการขัดขวางการเกิดการถ่ายยีนอันเนื่องมาจากปัจจัยต่างๆ เช่น ปัจจัยทางสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ หรือความสามารถในการสืบพันธุ์ วิธีการวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรนั้นมีหลายวิธีเช่น การเปรียบเทียบค่า heterozygosity หรือการเปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรม สำหรับการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรด้วยเครื่องหมายโมเลกุลที่เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์นั้นนิยมใช้วิธีการเปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมด้วยวิธี Analysis of molecular variance (AMOVA) โดย AMOVA จะทำการประมาณการความแตกต่างทางพันธุกรรมโดยตรงจากความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์โดยคำนวณในรูปแบบของ squared-distances matrix จากการเปรียบเทียบระหว่างคู่ของแฮพลไทป์โดยจะคำนวณออกมาเป็นความแปรปรวนออกมาแล้วแสดงค่าในรูปแบบของค่า *F*-statistic analogs ตามระดับของการแบ่งกลุ่มประชากรตรวจสอบ (Excoffier and Lischer, 2010)

2.7 การศึกษาประวัติประชากร

การศึกษาประวัติประชากรเป็นการศึกษาถึงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของ effective population size ในช่วงระยะเวลาที่ผ่านมา การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่สามารถที่จะนำมาสร้างเป็นโมเดลของรูปแบบของการกลายพันธุ์เพื่อใช้คาดคะเนการเปลี่ยนแปลงที่ผ่านมาได้เช่น การตรวจสอบการขยายขนาดของประชากรโดยการศึกษาย้อนกลับด้วยวิธีการทาง coalescent เพื่อคาดคะเนประชากรก่อนและหลังการขยายตัว (Tajima, 1989 ; Rogers and Harpending, 1992) อีกวิธีหนึ่งซึ่งนิยมใช้ในการตรวจสอบประวัติประชากรคือการศึกษา Neutrality tests (Tajima's *D* and Fu's *F* statistics) โดยวิธีนี้เป็นการตรวจสอบประชากรที่มีการเบี่ยงเบนไปจากประชากรที่เป็น neutral population ซึ่งเป็นประชากรที่มีการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนอันเนื่องมาจากปัจจัยของการเกิดการกลายพันธุ์และ genetic drift เท่านั้น และยังสามารถตรวจสอบการเปลี่ยนแปลงของ population size ได้อีกด้วย (Mousset *et al.*, 2004) โดยในการตรวจสอบด้วยวิธี Tajima's *D* test และ Fu's *F*s test หากมีค่าติดลบ แสดงว่าประชากรเคย ผ่านการถูกคัดเลือกแบบ purifying selection หรือเคยเกิดการขยายขนาดประชากร (population expansion) มาก่อน โดยค่า Fu's *F*s จะมีความสามารถในการตรวจสอบการเกิดการขยายขนาดประชากรได้สูงหากมีค่าติดลบ (Fu, 1997) การตรวจสอบประวัติประชากรอีกวิธีการที่นิยมคือการศึกษาตรวจสอบด้วยวิธี mismatch

distribution โดยวิธี mismatch distribution เป็นการตรวจสอบการแพร่กระจายของความถี่เมื่อเปรียบเทียบกับเป็นรายคู่ของจำนวนของการกลายพันธุ์ โดยแสดงออกมาในรูปแบบของพารามิเตอร์ ได้แก่ θ_0 , θ_1 (ก่อนและหลัง population growth) และค่า τ (ระยะเวลาในการกลายพันธุ์) และยังแสดงผลในรูปแบบของกราฟการกระจายได้ (Rogers and Harpending, 1992) โดยหากกราฟเป็นรูปแบบ smooth unimodal distributions แสดงว่ามีการสะสมของการเกิดการกลายพันธุ์มาเรื่อยๆ แสดงว่าประชากรน่าจะเริ่มมีการขยายขนาดมาเมื่อไม่นานมานี้ แต่ถ้าหากว่ารูปแบบของกราฟเป็นแบบ ragged multimodal distributions แสดงว่าประชากรมีการขาดหายของการกลายพันธุ์มานานการฉีกขาดของกราฟเป็นเพียงการกลายพันธุ์เพื่อรักษาความสมดุลในประชากรเท่านั้นซึ่งแสดงว่าประชากรมีขนาดที่คงที่และเป็นประชากรที่เป็น constant population size. (Cassone and Boulding, 2006)

2.8 การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรในปลาทะเล

การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของปลาทะเลสามารถที่จะทำให้เข้าใจในกลไกของการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรม (Tudela *et al.*, 1999) ซึ่งสามารถนำข้อมูลไปใช้ในการวางแผนจัดการทรัพยากรได้ (Roldan *et al.*, 2000) สาเหตุของการเกิดโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลมีหลายปัจจัยเช่น ปัจจัยทางฟิสิกส์ทางทะเล ได้แก่ กระแสน้ำ น้ำขึ้นน้ำลง พายุ เป็นต้น ปัจจัยทางชีววิทยา เช่น การเคลื่อนที่ของตัวอ่อน กลยุทธ์ในการสืบพันธุ์ เป็นต้น (Roman and Palumbi, 2004) การเกิดการแยกของโครงสร้างประชากรของปลาอาจเกิดจากการที่มีระยะห่างระหว่างประชากรมากเกินไปหรือมีปัจจัยทางภูมิศาสตร์มาขวางกั้นทำให้ไม่สามารถเกิดการถ่ายเทยีนระหว่างกันได้ หรือเกิดจากการที่มีการจำกัดของแหล่งที่อยู่โดยจะเลือกเฉพาะแหล่งที่อยู่ที่เหมาะสมเท่านั้น (Bowen *et al.*, 2001; Guarnieo *et al.*, 2002; Carmill *et al.*, 2003; Bernal-Ramirez *et al.*, 2003; Hoffman *et al.*, 2005)

การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของกลุ่มปลากระบอกมีรายงานการศึกษารายงานเฉพาะในต่างประเทศ เช่น การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรในปลากระบอกเทา (*Mugil cephalus*) จาก 14 สถานีเก็บตัวอย่างทุกทวีปได้แก่ เอเชีย ออสเตรเลีย อเมริกาเหนือ อเมริกาใต้ ยุโรปและแอฟริกา โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน *cyt b* พบว่ามีความแตกต่างของโครงสร้างประชากรของทุกทวีปและยังพบว่าประชากรมีการขยายขนาดมานานแล้ว (Livi and Crosetti, 2011) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระบอกเทาจากชายฝั่งของตูนิเซียโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ บริเวณอินทรอนของยีน *Prl* พบว่าไม่เกิดโครงสร้างของประชากรเกิดขึ้นเนื่องจากปลามีความสามารถการแพร่กระจายและยังพบว่าประชากรเคยผ่านการคัดเลือกมาแล้ว (Blal *et al.*, 2010) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระบอกเทาจากชายฝั่งของประเทศจีนโดยใช้เทคนิค AFLP ผลการศึกษาพบว่าเกิดโครงสร้างของประชากรเกิดขึ้นอันเนื่องมาจากการเกิดการถ่ายเทยีนได้น้อย (Liu *et al.*, 2009a) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรในปลากระบอกเทาระหว่างประชากรจากชายฝั่งตอนใต้และชายฝั่งตอนเหนือโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของคอนโทรลรีเจียนในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอพบที่มีความ

แตกต่างของโครงสร้างประชากรของทั้งสองชายฝั่งและยังพบว่าประชากรมีการขยายขนาดในยุคไพลสโตซีน (Pleistocene) (Liu *et al.*, 2009b)

สำหรับการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระบอกในประเทศไทยยังไม่เคยมีรายงานมาก่อนมีแต่รายงานการศึกษาของปลาชนิดอื่นเช่น การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลาช่อนทะเล (*Rachycentron canadum*) ในทะเลฝั่งอ่าวไทยและอันดามันโดยใช้โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ ผลการศึกษาพบว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาช่อนทะเลทั้งสองฝั่งใกล้เคียงกันและไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรทั้งสองฝั่งซึ่งคาดว่าการศึกษาที่ไม่มีความแตกต่างของโครงสร้างประชากรน่าจะเกิดจากการที่มีการผสมกันเองภายในกลุ่ม (Phinchongsakuldit *et al.*, 2013) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของม้าน้ำ (*Hippocampus kuda*) ในประเทศไทยโดยเก็บตัวอย่างจากทะเลฝั่งอ่าวไทยและอันดามันโดยใช้โดยใช้โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์จากไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณคอนโทรลริเจียน ผลการศึกษาพบว่ามีการสร้างประชากรเกิดขึ้นและยังพบว่าทั้งสองฝั่งทะเลมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงจึงควรมีการจัดการแยกกันในแต่ละฝั่งทะเล (Panithanarak *et al.*, 2010) การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลากะรัง (*Epinephelus coioides*) ในทะเลไทยและอินโดนีเซียโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ ในประเทศไทยเก็บตัวอย่างที่จังหวัดนครศรีธรรมราชและตรัง ผลการศึกษาพบว่ามี ความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อยและพบว่าโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรในจังหวัดนครศรีธรรมราชแตกต่างจากประชากรในแหล่งอื่น (Antoro *et al.*, 2006)

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของกลุ่มปลาทะเลที่อาศัยตามบริเวณชายฝั่งมีหลายรายงานเช่นการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลา Korean threadsail filefish (*Stephanolepis cirrhifer*) จากบริเวณชายฝั่งของประเทศเกาหลี โดยใช้โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ 11 ตำแหน่ง ผลการศึกษาพบว่ามี ความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงและพบว่ามีโครงสร้างของประชากรเกิดขึ้นโดยบริเวณชายฝั่งจาก Geomundo มีความแตกต่างจากจากบริเวณอื่นซึ่งคาดว่าน่าจะเกิดจากบริเวณนี้มีการเกิดปรากฏการณ์คอขวด (genetic bottleneck) มาก่อน (An *et al.*, 2013) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระเบนสามชนิด ได้แก่ *Himantura gerrardi*, *Neotrygon kuhlii* และ *Taeniura lymna* จากพื้นที่เขต Central Indo – West Pacific โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมจากตำแหน่ง polymorphic site ของอินทรอนจากยีนต่างๆ จำนวน 7 ยีน พบว่ามี ความแตกต่างของโครงสร้างประชากรเกิดขึ้นโดยพบว่ายิ่งระยะห่างระหว่างแหล่งที่อยู่เพิ่มมากขึ้นจะยิ่งมีความแตกต่างของโครงสร้างประชากรมากขึ้น (Borsa *et al.*, 2012) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลา whitefish (*Coregonus maraena*) จากทะเลบอลติกและชายฝั่งของสวีเดนโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ 7 ตำแหน่งผลการศึกษาพบว่ามีโครงสร้างของประชากรโดยแยกเป็นทางฝั่งตอนใต้และตอนเหนือและพบว่าความแตกต่างจะยิ่งเพิ่มมากขึ้นเมื่อระยะทางเพิ่มมากขึ้น (Olsson *et al.*, 2012) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลา spottedtail goby (*Synechogobius ommaturus*) จากชายฝั่งประเทศเกาหลีและญี่ปุ่นโดยใช้เทคนิค AFLP ผลการศึกษาพบว่าไม่มีโครงสร้างของประชากรเกิดขึ้นแต่พบว่ามี ความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงมากแสดงว่าปลา spottedtail goby มีความสามารถในการแพร่กระจายสูงมาก (Song *et al.*, 2010) การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์

ประชากรของปลาในแนวปะการังสองชนิดคือ *Plectropomus maculatus* และ *Lutjanus carponotatus* จากแนวปะการัง Great Barrier Reef ของออสเตรเลีย โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์จากไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณคอนโทรลรีเจียน ผลการศึกษาพบว่าไม่มีโครงสร้างของประชากรของทั้งสองชนิดและในการจัดการไม่ควรจัดการแยกกัน (Evans *et al.*, 2010)

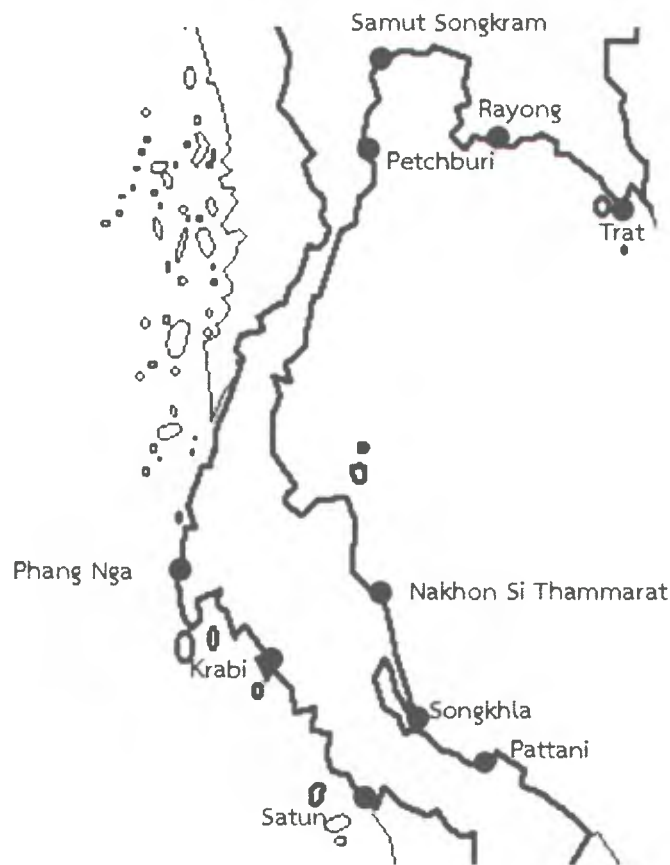
ปัจจุบันนี้การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและการศึกษาโครงสร้างประชากรในสัตว์ทะเลมีการศึกษาโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ บริเวณคอนโทรลรีเจียนเริ่มเป็นที่นิยมมากขึ้น และจากการที่ข้อมูลทางพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระบอกในประเทศไทยยังไม่เคยมีรายงานมาก่อน ดังนั้นในงานวิจัยครั้งนี้จึงใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณคอนโทรลรีเจียนเพื่อศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลากระบอกในประเทศไทยโดยข้อมูลเหล่านี้สามารถนำไปใช้ในการพิจารณาในการจัดการและการประมงปลากระบอกในอ่าวไทยได้อย่างมีประสิทธิภาพและยังคงไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรม

บทที่ 3 วิธีการดำเนินการวิจัย

3.1. วัสดุและอุปกรณ์

3.1.1 ตัวอย่าง

เก็บตัวอย่างปลากระบอกจากจังหวัดสตูล กระบี่ พังงา ปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด รวมทั้งหมดจำนวน 175 ตัว (ภาพที่ 3 , ตารางที่ 1) หลังจากนั้นเก็บตัวอย่างสดไว้ในน้ำแข็งแล้วส่งเข้าห้องปฏิบัติการและเก็บรักษาไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส



ภาพที่ 3 บริเวณพื้นที่เก็บตัวอย่าง

3.1.2 ชุดสกัดดีเอ็นเอ

Genomic DNA Mini Kit

3.1.3 ชุดทำ PCR product ให้บริสุทธิ์

Gel/PCR DNA fragments extraction kit

3.1.4 โปรแกรมวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์ประชากร

3.2. การสกัดดีเอ็นเอและการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมาย

3.2.1 การสกัดดีเอ็นเอ

นำเนื้อปลา (muscle tissue) น้ำหนักประมาณ 20–30 มิลลิกรัม มาสกัด total genomic DNA ด้วยชุดสกัด Tissue Genomic DNA Extraction Mini Kit (FAVORGEN, BIOTECH CORP.)

3.2.2 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมาย

เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมายบริเวณคอนโทรลรีเจียนด้วยการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ (PCR) โดยใช้ forward primer LSCR_H1 5'- TCA ACT CCT ATC TAT AGC TCC C 3' และ reverse primer LSCR_L1 5'- GTC CAT CTT AAC ATC TTC AGT GTC 3' ในหลอดพีซีอาร์ ประกอบด้วย 10X *Taq* buffer 5 ไมโครลิตร, 25 mM MgCl₂ 7.5 ไมโครลิตร, 2 mM dNTPs mix 4 ไมโครลิตร, 10 μ M primer forward 2 ไมโครลิตร, 10 μ M primer reverse 2 ไมโครลิตร, *Taq* DNA polymerase (RBCbiosciences, USA) 0.5 ไมโครลิตร (2.5 unit), DNA template 5 ไมโครลิตร (50-100 ng) และ ultrapure water 24 ไมโครลิตร เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยเครื่อง Mastercycler, Eppendorf (Germany) เริ่มต้นโดยการแยกสายดีเอ็นเอ (initial denaturation) ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส 4 นาที จากนั้นแยกสายดีเอ็นเอ (denaturation) ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส 40 วินาที ลดอุณหภูมิเพื่อให้ไพรเมอร์เข้าคู่กับดีเอ็นเอต้นแบบ (annealing) ที่อุณหภูมิ 54 องศาเซลเซียส 1 นาที และเพิ่มอุณหภูมิเพื่อต่อสังเคราะห์ดีเอ็นเอ (extension) ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส 1 นาทีรวมเป็นจำนวน 35 รอบ และใช้อุณหภูมิสุดท้ายเพื่อสังเคราะห์สายดีเอ็นเอ (final extension) ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส 10 นาที

3.2.3 การตรวจสอบดีเอ็นเอเป้าหมายและการหาลำดับนิวคลีโอไทด์

นำผลการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ไปตรวจสอบด้วยเทคนิค agarose gel electrophoresis นำผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้ทำให้บริสุทธิ์ด้วย Gel/PCR Purification Mini Kit (FAVORGEN, BIOTECH CORP.) จากนั้นส่งดีเอ็นเอบริสุทธิ์ที่ได้ไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ที่หน่วยบริการ (1ST Base Laboratory, Malaysia)

3.3. การจัดการข้อมูลและการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

3.3.1 การจัดการข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์

เชื่อมต่อข้อมูลชิ้นส่วนลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม CAP3 software (Huang and Madan, 1999) ทำการ alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW version 2.0.12 (Larkin *et al.*, 2007) แล้วปรับด้วยสายตาอีกครั้ง

3.3.2 การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยหาค่า nucleotide diversity (π ; Nei, 1987), haplotype diversity (h ; Nei, 1987) และค่า mean number of nucleotide differences ระหว่างแฮพลไทป์ทั้งหมดด้วยโปรแกรม DnaSP version 5.00 (Librado and Rozas, 2009)

3.4. การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร

3.4.1 โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร

วิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรด้วยวิธี analysis of molecular variance (AMOVA) เพื่อเปรียบเทียบระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในและระหว่างประชากรโดยใช้โปรแกรม ARLEQUIN version 3.5.1.2 (Excoffier and Lischer, 2010) ใช้การทำซ้ำ 10,000 permutations วิเคราะห์ค่า F -statistic ได้แก่ Φ_{CT} , Φ_{SC} และ Φ_{ST} ใช้การทำซ้ำ 10,000 permutations โดยทำการวิเคราะห์เป็น 6 แบบ ได้แก่

การวิเคราะห์แบบที่ 1 แบ่งประชากรเป็น 10 กลุ่มประชากรตามจังหวัดที่เก็บตัวอย่าง (single region) ได้แก่จังหวัดสตูล กระบี่ พังงา ปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด

การวิเคราะห์แบบที่ 2 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา และกลุ่มทะเลอ่าวไทย ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด

การวิเคราะห์แบบที่ 3 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสามกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา, กลุ่มอ่าวไทยตอนล่างประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลาและนครศรีธรรมราช และกลุ่มอ่าวไทยตอนบนประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด

การวิเคราะห์แบบที่ 4 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา และกลุ่มอ่าวไทยตอนล่างประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลาและนครศรีธรรมราช

การวิเคราะห์แบบที่ 5 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา และอ่าวไทยตอนบนประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด

การวิเคราะห์แบบที่ 6 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มอ่าวไทยตอนล่าง ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลาและนครศรีธรรมราช และกลุ่มอ่าวไทยตอนบน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด

3.4.2 ระยะห่างทางพันธุกรรม

วิเคราะห์ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรด้วยวิธี pairwise F_{ST} ใช้การทำซ้ำ 10,000 permutations โดยใช้โปรแกรม ARLEQUIN version 3.5.1.2 (Excoffier and Lischer, 2010)

3.5. การวิเคราะห์ประวัติประชากร

3.5.1 ทดสอบ neutrality test

วิเคราะห์ค่า Tajima's D (Tajima, 1989) และ Fu's F_s (Fu, 1997) เพื่อทดสอบการเบี่ยงเบนของประชากรจาก neutral population ใช้การทำซ้ำ 10,000 permutations โดยใช้โปรแกรม ARLEQUIN version 3.5.1.2 (Excoffier and Lischer, 2010)

3.5.2 ทดสอบ mismatch distribution

วิเคราะห์ mismatch distribution เพื่อศึกษาการขยายขนาดของประชากรภายใต้สมมติฐาน sudden expansion model โดยใช้ค่าทดสอบ Harpending Raggedness index (Harpending, 1994) และ sum of squared deviations (SSD) เพื่อทดสอบ goodness-of-fit ใช้การทำซ้ำ 10,000 permutations โดยใช้โปรแกรม ARLEQUIN version 3.5.1.2 (Excoffier and Lischer, 2010) ประเมินขนาดของประชากรด้วยพารามิเตอร์ θ_0 และ θ_1 เมื่อ θ_0 และ θ_1 เท่ากับ $2N\mu$ เมื่อ N คือค่า effective female population size

3.5.3 สร้าง minimum spanning tree (MSN)

สร้าง minimum spanning tree เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ของแต่ละแฮพลไทป์ โดยใช้ค่า mean number of pairwise differences ระหว่างแฮพลไทป์ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN version 3.5.1.2 (Excoffier and Lischer, 2010) ใช้การทำซ้ำ 10,000 permutations

3.5.4 ทหาระยะเวลาในการขยายขนาดประชากร

หาเวลาในการขยายขนาดประชากร (t) โดยใช้สูตร $t = \tau/2\mu$ เมื่อ τ คือ expansion time และ $2\mu = \mu \times \text{generation time} \times \text{number of bases}$ เมื่อค่า μ คือค่า mutation rate และมีค่าเท่ากับ 3.6% per million year (Henriques *et al.*, 2014)

บทที่ 4 ผลการวิจัย

4.1. ความหลากหลายทางพันธุกรรม

ลำดับนิวคลีโอไทด์ของปลากระบอกแต่ละตัวมีลำดับเบสตั้งแต่ 538–545 คู่เบส มีตำแหน่ง align sites 546ตำแหน่ง แบ่งเป็น monomorphic sites 430 ตำแหน่ง polymorphic sites 116 ตำแหน่ง (singleton variable site 15 ตำแหน่ง และ parsimony variable site 116 ตำแหน่ง) มีแฮพลไทป์ทั้งหมด 50 แฮพลไทป์ ประกอบไปด้วยแฮพลไทป์ที่เป็น shared haplotype จำนวน 21 แฮพลไทป์โดยแบ่งเป็นแฮพลไทป์ที่เป็น shared haplotype ระหว่างประชากร 11แฮพลไทป์ และ shared haplotype ภายในประชากร 10 แฮพลไทป์ โดยแฮพลไทป์ H10 เป็นแฮพลไทป์ที่มีสมาชิกจากทุกจังหวัดในกลุ่มจังหวัดในทะเลอันดามัน ส่วนแฮพลไทป์ H34 มีสมาชิกจากทุกจังหวัดในกลุ่มทะเลอ่าวไทยยกเว้นจังหวัดสงขลา (ตารางที่1) โดยทุกกลุ่มประชากรยกเว้นจังหวัดกระบี่มี rare haplotype รวมจำนวน 29 แฮพลไทป์ โดยจังหวัดปัตตานี จังหวัดสงขลา และจังหวัดระยอง มี rare haplotype มากที่สุดคือ 7 แฮพลไทป์ สำหรับค่า haplotype diversity มีค่าอยู่ในช่วง 0.125 – 0.956 ส่วนค่า nucleotide diversity มีค่าอยู่ในช่วง 0.000 – 0.072โดยค่า haplotype diversity ของประชากรทั้งหมดมีค่า 0.916 ± 0.014 และค่า nucleotide diversity ของประชากรทั้งหมดมีค่า 0.063 ± 0.002 สำหรับค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมได้แก่ จำนวนแฮพลไทป์, จำนวน polymorphic sites, haplotype diversity (h) และ nucleotide diversity (π) แสดงใน ตารางที่ 2

ตารางที่ 1 การกระจายของแฮพลไทป์ในแต่ละจังหวัดที่เก็บตัวอย่าง

| Haplotype | ST | KB | PN | PT | SK | NS | PB | SM | RY | TR | TOTAL |
|-----------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|-------|
| 01 | 6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 |
| 02 | 1 | - | - | 3 | 1 | - | - | - | - | - | 5 |
| 03 | 1 | - | - | 2 | 3 | 2 | - | - | - | - | 8 |
| 04 | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 |
| 05 | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 |
| 06 | 3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 |
| 07 | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 |
| 08 | 1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 09 | 4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 |
| 10 | 1 | 12 | 8 | - | - | - | - | - | - | - | 21 |
| 11 | - | 3 | 10 | - | - | - | - | - | - | - | 13 |
| 12 | - | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 |
| 13 | - | 3 | 2 | - | - | - | - | - | - | - | 5 |
| 14 | - | 4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 |
| 15 | - | - | 3 | - | - | - | - | - | - | - | 3 |
| 16 | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 17 | - | - | - | 1 | 1 | - | - | - | - | - | 2 |
| 18 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 19 | - | - | - | 1 | - | - | 1 | - | - | - | 2 |
| 20 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 21 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 22 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 23 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 24 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 25 | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | - | 1 |
| 26 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 27 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 28 | - | - | - | - | 2 | - | - | - | - | - | 2 |
| 29 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 30 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 31 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 32 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 33 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 1 |
| 34 | - | - | - | - | - | 11 | 9 | 15 | 3 | 4 | 42 |

ตารางที่ 1 การกระจายของแฮพลোটป์ในแต่ละจังหวัดที่เก็บตัวอย่าง (ต่อ)

| Haplotype | ST | KB | PN | PT | SK | NS | PB | SM | RY | TR | Total |
|--------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|
| 35 | - | - | - | - | - | 1 | - | - | - | - | 1 |
| 36 | - | - | - | - | - | 1 | 6 | - | - | - | 7 |
| 37 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | - | - | 1 |
| 38 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | - | - | 1 |
| 39 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | - | 1 |
| 40 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 41 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 42 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 43 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 44 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 45 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 46 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 4 |
| 47 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 6 | 7 |
| 48 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 1 |
| 49 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 |
| 50 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 |
| Total | 23 | 24 | 24 | 14 | 14 | 15 | 18 | 16 | 13 | 14 | 175 |

หมายเหตุ : อักษรย่อคือจังหวัดที่เก็บตัวอย่างซึ่งแสดงไว้ในตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

| Locality | Code | No. | No. haplotypes | No. polymorphic sites | Haplotype diversity (h) (mean \pm SD) | Nucleotide diversity (π) (mean \pm SD) |
|---------------------|------|------------|----------------|-----------------------|---|--|
| Satun | ST | 23 | 10 | 11 | 0.893 \pm 0.039 | 0.007 \pm 0.000 |
| Krabi | KB | 24 | 5 | 5 | 0.714 \pm 0.079 | 0.002 \pm 0.000 |
| PhangNga | PN | 24 | 5 | 4 | 0.721 \pm 0.058 | 0.001 \pm 0.000 |
| Pattani | PT | 14 | 11 | 63 | 0.956 \pm 0.045 | 0.029 \pm 0.012 |
| Songkhla | SK | 14 | 11 | 12 | 0.956 \pm 0.045 | 0.004 \pm 0.000 |
| Nakhon Si Thammarat | NS | 15 | 4 | 57 | 0.467 \pm 0.148 | 0.025 \pm 0.012 |
| Petchburi | PB | 18 | 5 | 4 | 0.667 \pm 0.083 | 0.001 \pm 0.000 |
| Samut Songkhram | SM | 16 | 2 | 1 | 0.125 \pm 0.106 | 0.000 \pm 0.000 |
| Rayong | RY | 13 | 10 | 78 | 0.949 \pm 0.051 | 0.072 \pm 0.007 |
| Trat | TR | 14 | 5 | 77 | 0.758 \pm 0.084 | 0.059 \pm 0.014 |
| Total | | 175 | 50 | 116 | 0.916\pm0.014 | 0.063\pm0.002 |

4.2. โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร

จากการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรเมื่อทำการวิเคราะห์แบบต่างๆตามสภาพภูมิศาสตร์ได้ผลดังนี้

วิเคราะห์แบบที่ 1 โดยแบ่งประชากรเป็น 10 กลุ่มประชากรตามจังหวัดที่เก็บตัวอย่าง (single region) ได้แก่จังหวัดสตูล กระบี่ พังงา ปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด พบว่าค่าความแตกต่างระหว่างประชากรมีค่า $\Phi_{ST} = 0.417$ ($p=0.000$) (ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์แบบที่ 2 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา และกลุ่มทะเลอ่าวไทย ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด พบว่าค่าความแตกต่างระหว่างกลุ่มประชากร มีค่า $\Phi_{CT} = 0.401$ ($p=0.033$), ค่าความแตกต่างระหว่างประชากรย่อยมีค่า $\Phi_{SC} = 0.670$ ($p=0.000$) และค่าความแตกต่างภายในประชากรมีค่า $\Phi_{ST} = 0.802$ ($p=0.000$) (ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์แบบที่ 3 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสามกลุ่มได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา, กลุ่มอ่าวไทยตอนล่างประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลาและนครศรีธรรมราช และกลุ่มอ่าวไทยตอนบนประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด พบว่าค่าความแตกต่างระหว่างกลุ่ม

ประชากร มีค่า $\Phi_{CT} = 0.479$ ($p=0.011$), ค่าความแตกต่างระหว่างประชากรย่อยมีค่า $\Phi_{SC} = 0.594$ ($p=0.000$) และค่าความแตกต่างภายในประชากรมีค่า $\Phi_{ST} = 0.788$ ($p=0.000$) (ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์แบบที่ 4 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา และกลุ่มอ่าวไทยตอนล่างประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลาและนครศรีธรรมราช พบว่าค่าความแตกต่างระหว่างกลุ่มประชากร มีค่า $\Phi_{CT} = 0.225$ ($p=0.099$), ค่าความแตกต่างระหว่างประชากรย่อยมีค่า $\Phi_{SC} = 0.653$ ($p=0.000$) และค่าความแตกต่างภายในประชากรมีค่า $\Phi_{ST} = 0.731$ ($p=0.000$) (ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์แบบที่ 5 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มทะเลอันดามัน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดสตูล กระบี่และพังงา และอ่าวไทยตอนบนประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด พบว่าค่าความแตกต่างระหว่างกลุ่มประชากร มีค่า $\Phi_{CT} = 0.667$ ($p=0.026$), ค่าความแตกต่างระหว่างประชากรย่อยมีค่า $\Phi_{SC} = 0.546$ ($p=0.000$) และค่าความแตกต่างภายในประชากรมีค่า $\Phi_{ST} = 0.849$ ($p=0.000$) (ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์แบบที่ 6 แบ่งกลุ่มประชากรเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ กลุ่มอ่าวไทยตอนล่าง ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดปัตตานี สงขลาและนครศรีธรรมราช และกลุ่มอ่าวไทยตอนบน ประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด พบว่าค่าความแตกต่างระหว่างกลุ่มประชากร มีค่า $\Phi_{CT} = 0.256$ ($p=0.111$), ค่าความแตกต่างระหว่างประชากรย่อยมีค่า $\Phi_{SC} = 0.591$ ($p=0.000$) และค่าความแตกต่างภายในประชากรมีค่า $\Phi_{ST} = 0.696$ ($p=0.000$) (ตารางที่ 3)

ผลการวิเคราะห์ค่า pairwise F_{ST} พบว่าประชากรของทุกกลุ่มประชากรมีความแตกต่างกัน ยกเว้นประชากรระหว่างจังหวัดปัตตานีกับจังหวัดสงขลา จังหวัดสงขลา กับจังหวัดสมุทรสงคราม จังหวัดนครศรีธรรมราชกับจังหวัดเพชรบุรี จังหวัดสมุทรสงครามกับจังหวัดเพชรบุรี และจังหวัดระยองกับจังหวัดตราดที่ไม่มีความแตกต่างกัน (ตารางที่ 4)

ตารางที่ 3 การวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี AMOVA

| Source of variation | df | Sum of squares | Variance components | Percentage of variation | p-value |
|--|-----|----------------|---------------------|-------------------------|-------------------------------------|
| 1) Single region | | | | | |
| Among populations | 9 | 2260.896 | 14.188 Va | 75.76 | $\Phi_{ST} = 0.757^*$ ($p=0.000$) |
| Within populations | 165 | 748.944 | 4.539 Vb | 24.24 | |
| Total | 174 | 3009.840 | 18.727 | | |
| 2) Andaman sea and Gulf of Thailand | | | | | |
| Among groups | 1 | 968.035 | 9.214 Va | 40.11 | $\Phi_{CT} = 0.401^*$ ($p=0.033$) |
| Among populations within groups | 8 | 1292.861 | 9.218 Vb | 40.13 | $\Phi_{SC} = 0.670^*$ ($p=0.000$) |
| Within populations | 165 | 748.944 | 4.539 Vc | 19.76 | $\Phi_{ST} = 0.802^*$ ($p=0.000$) |
| Total | 174 | 3009.840 | 22.972 | | |
| 3) Andaman sea, Lower Gulf of Thailand and Upper Gulf of Thailand | | | | | |
| Among groups | 2 | 1421.963 | 10.321 Va | 48.00 | $\Phi_{CT} = 0.479^*$ ($p=0.011$) |
| Among populations within groups | 7 | 838.933 | 6.644 Vb | 30.90 | $\Phi_{SC} = 0.594^*$ ($p=0.000$) |
| Within populations | 165 | 748.944 | 4.539 Vc | 21.11 | $\Phi_{ST} = 0.788^*$ ($p=0.000$) |
| Total | 174 | 3009.840 | 21.504 | | |
| 4) Andaman sea and Lower Gulf of Thailand | | | | | |
| Among groups | 1 | 213.082 | 2.243 Va | 22.50 | $\Phi_{CT} = 0.225$ ($p=0.099$) |
| Among populations within groups | 4 | 394.425 | 5.050 Vb | 50.66 | $\Phi_{SC} = 0.653^*$ ($p=0.000$) |
| Within populations | 108 | 288.993 | 2.675 Vc | 26.84 | $\Phi_{ST} = 0.731^*$ ($p=0.000$) |
| Total | 113 | 896.500 | 9.970 | | |
| 5) 4) Andaman sea and Upper Gulf of Thailand | | | | | |
| Among groups | 1 | 1343.513 | 18.895 Va | 66.73 | $\Phi_{CT} = 0.667^*$ ($p=0.026$) |
| Among populations within groups | 5 | 499.697 | 5.152 Vb | 18.20 | $\Phi_{SC} = 0.546^*$ ($p=0.000$) |
| Within populations | 125 | 533.691 | 4.269 Vc | 15.08 | $\Phi_{ST} = 0.849^*$ ($p=0.000$) |
| Total | 131 | 2376.902 | 28.317 | | |

ตารางที่ 3 การวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี AMOVA (ต่อ)

| Source of variation | df | Sum of squares | Variance components | Percentage of variation | p-value |
|-------------------------------------|-----|----------------|---------------------|-------------------------|---------------------------------|
| 6) Lower and Upper Gulf of Thailand | | | | | |
| Among groups | 1 | 453.928 | 5.893 Va | 25.68 | $\Phi_{CT}=0.256$ ($p=0.111$) |
| Among populations within groups | 5 | 783.745 | 10.099 Vb | 44.00 | $\Phi_{SC}=0.591$ ($p=0.000$) |
| Within populations | 97 | 675.203 | 6.960 Vc | 30.33 | $\Phi_{ST}=0.696$ ($p=0.000$) |
| Total | 103 | 1912.875 | 22.953 | | |

หมายเหตุ : * มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$)

ตารางที่ 4 ค่า pairwise F_{ST}

| | ST | KB | PN | PT | SK | NS | PB | SM | RY | TR |
|----|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|----|
| ST | - | | | | | | | | | |
| KB | 0.557* (0.000) | - | | | | | | | | |
| PN | 0.538* (0.000) | 0.157* (0.001) | - | | | | | | | |
| PT | 0.130* (0.001) | 0.456* (0.000) | 0.448* (0.000) | - | | | | | | |
| SK | 0.230* (0.001) | 0.779* (0.000) | 0.777* (0.000) | 0.677 (0.062) | - | | | | | |
| NS | 0.823* (0.000) | 0.871* (0.000) | 0.874* (0.000) | 0.646* (0.000) | 0.828* (0.000) | - | | | | |
| PB | 0.945* (0.000) | 0.980* (0.000) | 0.982* (0.000) | 0.838* (0.000) | 0.972* (0.000) | 0.081 (0.087) | - | | | |
| SM | 0.949* (0.000) | 0.985* (0.000) | 0.987* (0.000) | 0.837* (0.000) | 0.978 (0.092) | 0.755* (0.001) | 0.159 (0.087) | - | | |
| RY | 0.702* (0.000) | 0.741* (0.000) | 0.744* (0.000) | 0.536* (0.000) | 0.675* (0.000) | 0.381* (0.002) | 0.534* (0.000) | 0.522* (0.000) | - | |
| TR | 0.757* (0.000) | 0.792* (0.000) | 0.794* (0.000) | 0.620* (0.000) | 0.737* (0.000) | 0.575* (0.000) | 0.709* (0.000) | 0.701* (0.000) | -0.005 (0.232) | - |

หมายเหตุ : * มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$)

อักษรย่อคือจังหวัดที่เก็บตัวอย่างซึ่งแสดงไว้ในตารางที่ 2

ค่าในวงเล็บคือค่า p -value

4.3. ประวัติประชากร

จากการทดสอบการเบี่ยงเบนไปจาก neutral population พบว่าค่า D statistic มีค่า -2.240 ($p=0.037$) และค่า F_s statistic มีค่า -4.614 ($p=0.028$) ซึ่งเบี่ยงเบนไปจาก neutral population สำหรับการทดสอบ mismatch distribution พบว่าสอดคล้องกับ sudden expansion model โดยค่า SSD มีค่า 0.048 ($p=0.073$) และค่า Harpending Raggedness index มีค่า 0.019 ($p=0.091$) ค่าพารามิเตอร์ θ , มีค่ามากกว่า θ_0 ในทุกจังหวัดแสดงว่าประชากรกำลังมีการขยายขนาดประชากร (ตารางที่ 5) เมื่อคำนวณระยะเวลาในการขยายขนาดประชากรพบว่า ประชากรมีการขยายขนาดมาประมาณ $150,000-50,000$ ปีที่ผ่านมา จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของแต่ละแฮพลไทป์พบว่าเป็นแบบซับซ้อน (complicated MSN) ไม่สามารถแบ่งแยกกลุ่มประชากรตามสภาพภูมิศาสตร์ได้แต่สามารถแบ่งกลุ่มของแฮพลไทป์ออกได้เป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่หนึ่งมีรูปแบบเป็น star-like network โดยมีการเชื่อมต่อของแต่ละแฮพลไทป์เป็นแบบ short genealogy โดยมี common haplotype คือ H34 ซึ่งมีสมาชิมาจากจังหวัดนครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด โดยกลุ่มที่หนึ่งเชื่อมต่อกับกลุ่มที่สองด้วยการกลายพันธุ์จำนวน 5 mutation step กลุ่มที่สองมีลักษณะแบบ long genealogy โดยมี common haplotype คือ H10 ซึ่งมีสมาชิมาจากจังหวัดสตูล กระบี่ และพังงา เชื่อมต่อกับกลุ่มที่สามด้วยการกลายพันธุ์จำนวน 6 mutation step โดยกลุ่มที่ 3 มีลักษณะแบบ star-like network มีการเชื่อมต่อของแต่ละแฮพลไทป์เป็นแบบ short genealogy โดยมีแฮพลไทป์ 46 เป็น common haplotype ซึ่งมีสมาชิมาจากจังหวัดระยองและตราด (ภาพที่ 2)

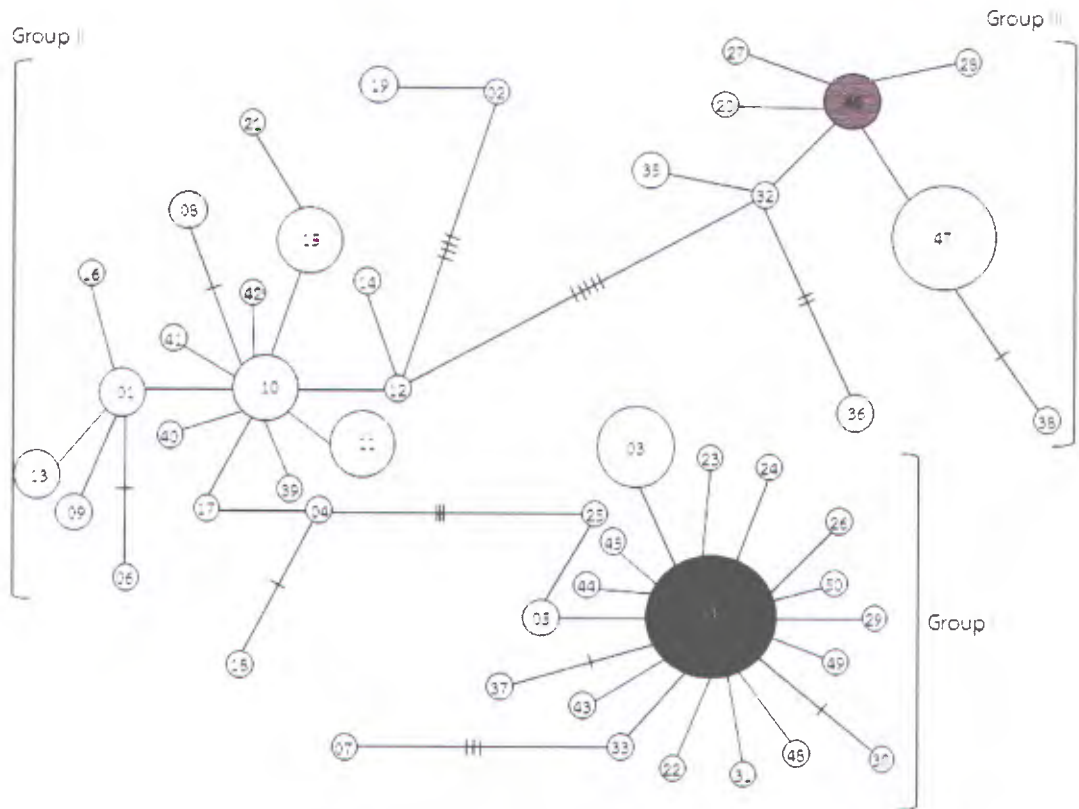
ตารางที่ 5 ค่าพารามิเตอร์ในการวิเคราะห์ประวัติประชากร

| Locality | Tajima's D | Fu's FS | τ | θ_0 | θ_1 | SSD | Rag | Expansion time (year ago) |
|----------|--------------------|---------------------|--------|------------|------------|------------------|------------------|---------------------------------|
| ST | -1.670* (0.010) | -0.795* (0.037) | 3.302 | 0.000 | 7.135 | 0.037 (0.288) | 0.040 (0.663) | 163,789 |
| KB | -0.341* (0.040) | -0.455* (0.036) | 1.130 | 0.007 | 99999.000 | 0.011 (0.297) | 0.115 (0.208) | 56,051 |
| PN | -0.209* (0.042) | -0.914* (0.037) | 1.144 | 0.000 | 99999.000 | 0.018 (0.138) | 0.152 (0.091) | 56,746 |
| PT | -0.771* (0.022) | -0.131* (0.044) | 3.091 | 0.007 | 23.476 | 0.033 (0.159) | 0.041 (0.682) | 153,323 |
| SK | -1.512* (0.027) | -7.786* (0.000) | 2.373 | 0.000 | 99999.000 | 0.006 (0.538) | 0.074 (0.353) | 117,708 |
| NS | -0.899* (0.016) | -10.478* (0.039) | 1.000 | 0.000 | 99999.000 | 0.307 (0.063) | 0.219 (0.982) | 49,603 |
| PB | -0.673* (0.027) | -1.521* (0.034) | 1.011 | 0.000 | 99999.000 | 0.014 (0.304) | 0.143 (0.255) | 50,148 |
| SM | -1.162* (0.041) | -0.700* (0.028) | 2.982 | 0.112 | 0.450 | 0.042 (0.095) | 0.578 (0.371) | 147,916 |
| RY | -2.675* (0.016) | -2.693* (0.026) | 2.025 | 0.000 | 99999.000 | 0.122 (0.055) | 0.063 (0.553) | 100,446 |
| TR | -1.526* (0.046) | -13.523* (0.029) | 2.453 | 0.007 | 3.165 | 0.146 (0.092) | 0.272 (0.126) | 121,676 |
| Total | -2.240* (0.037) | -4.614* (0.028) | 2.843 | 0.000 | 51.777 | 0.048 (0.073) | 0.019 (0.091) | 141,021 |

หมายเหตุ : * มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$)

อักษรย่อคือจังหวัดที่เก็บตัวอย่างซึ่งแสดงไว้ในตารางที่ 2

ค่าในวงเล็บคือค่า p -value



ภาพที่ 4 ความสัมพันธ์ระหว่างแฮพลอไทป์ (minimum spanning network)

หมายเหตุ : ขนาดวงกลมแสดงตามสัดส่วนของจำนวนสมาชิกในแต่ละแฮพลอไทป์, รายละเอียดสมาชิกในแต่ละแฮพลอไทป์แสดงในตารางที่ 1, วงกลมที่แรเงาคือ common haplotype ของแต่ละกลุ่ม, หมายเลขในวงกลมคือชื่อแฮพลอไทป์, เส้นที่เชื่อมระหว่าง แฮพลอไทป์และเส้นที่ขีดคั่นคือจำนวนครั้งของการเกิด mutation step

บทที่ 5

วิจารณ์และสรุปผลการวิจัย

5.1. ความหลากหลายทางพันธุกรรม

จากแฮพลไทป์จำนวน 50 แฮพลไทป์พบว่ามี rare haplotype จำนวน 29 แฮพลไทป์ และเป็นแฮพลไทป์เฉพาะของแต่ละจังหวัดซึ่งแสดงว่าปลากะบอกในประเทศไทยยังคงมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง และจากการที่มีจำนวนของ rare haplotype จำนวนมากในประชากร แสดงว่าประชากรปลากะบอกในประเทศไทยมีปลากะบอกเพศเมียที่มีความสามารถในการขยายพันธุ์เป็นจำนวนมากจึงทำให้มีจำนวนแฮพลไทป์ที่มีความแตกต่างกันเป็นจำนวนมาก (Lewontin, 1974) สอดคล้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในปลากะบอก grey mullet (*Mugill cephalus*) ที่พบว่ามีความ rare haplotype เป็นจำนวนมากเช่นเดียวกัน (Liu *et al.*, 2009b ; Livi and Crosetti , 2011) และการที่ทุกกลุ่มประชากรในแต่ละจังหวัดมี rare haplotype เฉพาะท้องถิ่นนั้นสามารถใช้ระบุแหล่งที่มาของสายพันธุ์หรือแหล่งทางพันธุกรรม (genetic stock) ของปลากะบอกได้เนื่องจากจะมีความจำเพาะเจาะจงกับแหล่งที่อยู่ (Xu *et al.*, 2009) สำหรับค่า haplotype diversity ที่มีค่าสูงในขณะที่ค่า nucleotide diversity มีค่าต่ำแสดงว่าประชากรกำลังมีการขยายขนาด (population expansion) โดยสาเหตุเกิดจากการที่ประชากรกำลังเริ่มมีการกลายพันธุ์เรื่อยๆ ตามระยะเวลาที่ผ่านมา (Avice *et al.*, 1984; Rogers,1995) ซึ่งลักษณะแบบนี้สามารถพบได้ในสัตว์ทะเลที่อาศัยบริเวณชายฝั่งทะเล เช่น กุ้ง fleshy shrimp (Kong *et al.*, 2010) และปูก้ามดาบ (*Uca sindensis*) (Shih *et al.*, 2015) เป็นต้น

5.2. โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร

จากการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมพบว่าประชากรปลากะบอกในทะเลประเทศไทยมีความแตกต่างทางพันธุกรรม โดยเฉพาะประชากรจากจังหวัดในทะเลอันดามันมีความแตกต่างกับประชากรในอ่าวไทยแสดงว่าปัจจัยทางภูมิศาสตร์ของภาคใต้ระหว่างทะเลอ่าวไทยและทะเลอันดามันที่ถูกแบ่งแยกด้วยคาบสมุทรมลายู มีผลในการขัดขวางการผสมพันธุ์ระหว่างประชากรซึ่งเป็นการขัดขวางการแลกเปลี่ยนลักษณะทางพันธุกรรมระหว่างประชากรทั้งสองฝั่งทะเล ซึ่งความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรสัตว์น้ำในทะเลอ่าวไทยและทะเลอันดามันสามารถพบได้ เช่น ใน กุ้ง shovel-nosed lobster (*Thenus indicus*) (Iamsuwansuk and Denduangboripant, 2011), หอย Asian moon scallop (*Amusium pleuronectes*) (Mahidol *et al.*, 2007) และ ม้าน้ำ spotted seahorse (*Hippocampus kuda*) (Panithanarak *et al.*, 2010) เมื่อวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในอ่าวไทยโดยแบ่งประชากรออกเป็นสองกลุ่มจากรวมประชากรของทุกจังหวัดในอ่าวไทยตอนล่างและจังหวัดในอ่าวไทยตอนบนเข้าด้วยกันพบว่าไม่มีความแตกต่างทางพันธุกรรม ซึ่งน่าจะเกิดจากตำแหน่งที่ตั้งของถิ่นอาศัยยังอยู่ในเขตทะเลเดียวกันจึงทำให้ไม่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรเกิดขึ้นซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาโครงสร้างพันธุ

ศาสตร์ประชากรของปูแสมก้ามม่วง (*Episesarma mederi*) ในอ่าวไทย (Supmee *et al.*, 2012) ที่พบว่าไม่มีความแตกต่างของโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรระหว่างอ่าวไทยตอนล่างและอ่าวไทยตอนบนเช่นเดียวกับการศึกษาในครั้งนี้ เมื่อเปรียบเทียบโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในทะเลอันดามันกับอ่าวไทยตอนล่างพบว่าไม่มีความแตกต่างกัน ซึ่งคาดว่าน่าจะมีการแลกเปลี่ยนทางพันธุกรรมกันได้ระหว่างประชากรทั้งสองฝั่งทะเลโดยเคลื่อนที่อ้อมทางแหลมมลายูโดยอาศัยกระแสน้ำตามร่องน้ำในช่องแคบมะละกา เมื่อเปรียบเทียบโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในทะเลอันดามันกับอ่าวไทยตอนบนซึ่งมีระยะทางที่ไกลกว่าอ่าวไทยตอนล่าง พบว่ามีความแตกต่างกัน ซึ่งแสดงให้เห็นว่าปัจจัยจากระยะทางที่อยู่ห่างกันมากน่าจะส่งผลในการขัดขวางการผสมพันธุ์ระหว่างประชากรซึ่งจะเป็นการขัดขวางการแลกเปลี่ยนลักษณะทางพันธุกรรมระหว่างประชากรด้วย ซึ่งเป็นการยืนยันว่าปัจจัยจากระยะทางน่าจะส่งผลต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมของปลากระบอกในประเทศไทย รูปแบบโครงสร้างทางพันธุกรรมของปลากระบอกในประเทศไทยที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมเพิ่มขึ้นตามระยะทางน่าจะมึรูปแบบเป็น stepping stone model สำหรับผลการวิเคราะห์ค่า pairwise F_{ST} พบว่าระหว่างจังหวัดในแต่ละจังหวัดส่วนใหญ่มีความแตกต่างกันแม้ว่าจะมีตำแหน่งที่ตั้งที่อยู่ใกล้เคียงกันซึ่งสาเหตุที่มีความแตกต่างกันน่าจะเกิดจากรูปแบบการสืบพันธุ์ของปลากระบอกที่มีการผสมพันธุ์โดยการวางไข่ใกล้บริเวณชายฝั่งที่เป็นแหล่งที่อยู่เดิม หลังจากนั้นตัวอ่อนจะว่ายน้ำเข้ามาหากินและเจริญเติบโตในป่าชายเลนที่เคยอาศัยอยู่เดิมเพื่อทำการรวมฝูง (Lee, 1992 ; Chang and Tzeng, 2000) ซึ่งจากความสามารถในการแพร่กระจายของตัวอ่อนที่เคลื่อนที่ได้ในระยะทางจำกัดทำให้มีโอกาสในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมระหว่างประชากรได้น้อยและทำให้มีโอกาสเกิดความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรได้สูงขึ้น

5.3. ประวัติประชากร

จากการทดสอบ neutrality test พบว่าค่า Tajima's D มีค่าเบี่ยงเบนไปจาก neutral state โดยมีค่าติดลบแสดงว่าประชากรน่าจะมีการคัดเลือกแบบ purifying selection หรืออาจเกิดการขยายขนาดของประชากรมาก่อน (Yang, 2006) อีกทั้งพบค่า Fu's F_s ซึ่งเป็นพารามิเตอร์ที่ใช้ในการตรวจสอบการขยายขนาดของประชากร (Ramirez-Soriano *et al.*, 2008) มีค่าติดลบด้วยเช่นกันจึงเป็นการยืนยันว่าประชากรปลากระบอกน่าจะเคยมีการขยายขนาดประชากรมาก่อน สอดคล้องกับผลการทดสอบด้วยการวิเคราะห์ mismatch distribution ที่สอดคล้องกับสมมติฐาน sudden expansion model และยิ่งสอดคล้องกับค่า θ , ซึ่งมีค่ามากกว่า θ_0 ในทุกกลุ่มประชากร แสดงว่าประชากรกำลังมีการขยายขนาดประชากรจากขนาดเล็กสู่ขนาดใหญ่ จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของแฮพลไทป์พบว่าไม่สามารถแบ่งกลุ่มประชากรตามสภาวะภูมิศาสตร์ได้อย่างชัดเจน แต่พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มตามแฮพลไทป์ออกได้เป็น 3 กลุ่ม โดยพบว่ากลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยสมาชิกที่มาจากอ่าวไทยตอนล่าง อ่าวไทยตอนบน และทะเลอันดามัน ซึ่งกลุ่มนี้น่าจะมีการขยายขนาดประชากรมาเมื่อไม่นานมานี้เนื่องจากลักษณะของการเชื่อมต่อระหว่างแฮพลไทป์เป็นแบบ short genealogy และมีรูปร่างเป็นแบบ star-like network สำหรับกลุ่มที่สองประกอบด้วยสมาชิกที่มาจากอ่าวไทยตอนบน และทะเลอันดามัน และกลุ่มที่สามประกอบด้วยสมาชิกที่มาจากอ่าวไทย

ตอนล่าง และอ่าวไทยตอนบน ทั้งสองกลุ่มนี้มีการเชื่อมต่อของแฮพโลไทป์เป็นแบบ long genealogy ซึ่งแสดงว่าประชากรในสองกลุ่มนี้น่าจะมีการขยายขนาดประชากรมานาน เมื่อนำค่าพารามิเตอร์ T มาคำนวณระยะเวลาในการขยายขนาดประชากรพบว่าการขยายขนาดประชากรเมื่อประมาณ 150,000 – 50,000 ปีที่ผ่านมาสอดคล้องกับรายงานของ Sinsakul (2000) ที่รายงานว่าชายฝั่งทะเลในประเทศไทยเริ่มกำเนิดในยุคไพลสโตซีน (Pleistocene) ประมาณ 125,000 ปีที่ผ่านมาโดยในช่วงนี้ระดับน้ำทะเลจะท่วมสูงเนื่องมาจากมีการละลายของน้ำแข็งจากขั้วโลกหลังจากนั้นระดับน้ำทะเลจะเริ่มลดระดับลงเรื่อยๆเข้าสู่ยุคโฮโลซีน (Holocene) ประมาณ 10,000 ปีที่ผ่านมา ซึ่งในช่วงนี้เริ่มมีการทับถมของตะกอนเกิดขึ้นเป็นพื้นที่ชายฝั่งและกลายเป็นแหล่งที่อยู่ของปลากระบอก เช่น ป่าชายเลน ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่าประชากรปลากระบอกในประเทศไทยน่าจะมีการขยายขนาดเพิ่มขึ้นตามการเพิ่มของแหล่งที่อยู่

5.4. แนวทางในการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

5.4.1 การอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมในแหล่งน้ำธรรมชาติ

การปล่อยปลาลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติที่มีประชากรปลาชนิดนั้นอาศัยอยู่อาจส่งผลกระทบต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรธรรมชาติได้ โดยจะเกิดการแข่งขันกันในระบบนิเวศระหว่างปลาในธรรมชาติและปลาที่ทำการปล่อย นอกจากนี้ยังส่งผลกระทบโดยตรงต่อพันธุกรรม เช่น อาจเกิดการแยกกลุ่มย่อยทางพันธุกรรม หรือการเกิดการผสมข้ามระหว่างประชากร ซึ่งการจัดการทางการประมงในปัจจุบันนี้มักจะไม่ให้ความสำคัญต่อกรณีดังกล่าว ดังนั้นในกรณีที่ต้องการปล่อยปลาลงสู่ธรรมชาติควรทำในลักษณะบำรุงพันธุ์และรักษาพันธุกรรมดั้งเดิมซึ่งทำได้โดยการใช้พันธุ์ท้องถิ่นที่มีอยู่ในธรรมชาติปล่อยลงสู่แหล่งน้ำและต้องมีการตรวจสอบค่าทางพันธุกรรมต่าง ๆ เช่น ความหลากหลายทางพันธุกรรม และความถี่ของแอลลีลในประชากร (Alendorf, 1986)

จากผลการวิจัยครั้งนี้พบว่ามีความแตกต่างของโครงสร้างประชากรปลากระบอกในประเทศไทยแสดงให้เห็นว่าประชากรในแต่ละจังหวัดมีรูปแบบของความหลากหลายทางพันธุกรรมที่แตกต่างกันดังนั้นแนวทางในการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมสามารถทำได้โดยการใช้แม่พันธุ์ของในจังหวัดนั้นๆ ปล่อยปลาลงสู่ธรรมชาติเพื่อขยายพันธุ์ภายในประชากรเดียวกันเพื่อคงไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมเอาไว้ และจากผลการทดลองที่พบว่าประชากรปลากระบอกกำลังมีการขยายขนาดประชากรอยู่นั้นวิธีที่สามารถจัดการคือการรักษาถิ่นที่อยู่ตามธรรมชาติเอาไว้โดยไม่ทำลายแหล่งที่อยู่หรืออาจจัดการโดยการเพิ่มขนาดของแหล่งที่อยู่ เช่น การเพิ่มพื้นที่ป่าชายเลนให้มากขึ้นเพื่อรองรับการขยายขนาดประชากรและไม่ควรจับปลาตัวเมียที่กำลังวางไข่เนื่องจากเป็นการขัดขวางการขยายขนาดประชากร สำหรับจังหวัดสมุทรสงครามซึ่งพบว่ามีภาวะเสี่ยงเนื่องจากความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อยที่สุดดังนั้นจึงควรมีมาตรการในการจัดการเพื่อเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมอย่างเข้มข้นเป็นกรณีพิเศษ

5.4.2 การจัดการประชากรในระบบการเลี้ยง

การลดลงของความหลากหลายทางพันธุกรรมอาจส่งผลกระทบต่อความอยู่รอดของประชากรโดยเฉพาะประชากรในระบบการเลี้ยง (Frankham *et al.*, 2002) โดยตามปกติทั่วไปนั้น การเพาะเลี้ยงหรือการปรับปรุงพันธุ์จะทำให้องค์ประกอบพันธุกรรมของประชากรพื้นฐาน (base population) มีการลดลงทุกครั้งที่มีการเพาะพันธุ์แต่ละรุ่น (พนม และคณะ, 2555) ซึ่งการลดลงของความหลากหลายทางพันธุกรรมมาจากการใช้ประชากรเริ่มต้นจำนวนน้อยและได้มาจากประชากรเดียวกันมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ส่งผลกระทบต่อประชากรรุ่นต่อมาที่เกิดในระบบเพาะเลี้ยงโดยก่อให้เกิดความผิดปกติเนื่องจากการผสมภายในเครือญาติ (inbreeding depression) ซึ่งเป็นผลของปรากฏการณ์คอขวดอย่างรุนแรง ซึ่งการจัดการประชากรสัตว์น้ำในระบบเพาะเลี้ยงที่เหมาะสมต้องมีขนาดประชากรที่ขนาดใหญ่เพียงพอที่จะไม่ก่อให้เกิดผลกระทบจากเจเนติกส์ดริฟท์ นอกจากนี้ประชากรต้องมีการผสมพันธุ์แบบสุ่มเพื่อเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรม และมีอัตราส่วนระหว่างเพศในอัตราส่วนที่เท่ากันเพื่อรักษา effective population sizes ในแต่ละรุ่นให้มากที่สุด

จากการศึกษาในครั้งนี้แนะนำว่าการจัดการปลากระบอกในระบบเพาะเลี้ยงหรือเพื่อปรับปรุงสายพันธุ์ต้องเริ่มจากพ่อแม่พันธุ์ที่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูงพอสมควร โดยพนม และคณะ (2548) ระบุว่าปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรเริ่มต้นอย่างน้อยที่สุดไม่ควรต่ำกว่าหรืออยู่ในระดับเดียวกันเมื่อเทียบกับประชากรที่อยู่ในธรรมชาติ ซึ่งจากการศึกษาครั้งนี้พบว่าปลากระบอกในอ่าวไทยมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่สูง ดังนั้นในการปรับปรุงพันธุ์ของประชากรในระบบเพาะเลี้ยงจึงควรสร้างประชากรพ่อแม่พันธุ์ที่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับในธรรมชาติโดยอาจมีการผสมระหว่างประชากรหรือนำประชากรจากธรรมชาติเข้ามาผสมเพื่อให้ได้ประชากรพ่อแม่พันธุ์ที่มีคุณภาพทางพันธุกรรมที่สมบูรณ์และมีศักยภาพที่ยั่งยืนในการเป็นพ่อแม่พันธุ์ที่ดี และจากผลการศึกษานี้พบว่าปลากระบอกจากจังหวัดปัตตานี สงขลา และระยองมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงและมีจำนวน rare haplotype มากที่สุดเหมาะสมสำหรับการนำพ่อแม่พันธุ์มาใช้ในการสร้างโปรแกรมเพื่อคัดเลือกพันธุ์สำหรับการเพาะเลี้ยงหรือใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ เนื่องจากมีโอกาสที่จะคัดเลือกแฮพลไทป์ที่เหมาะสมเพื่อนำมาปรับปรุงพันธุ์ได้และยังคงรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในระบบการเลี้ยงได้มากที่สุด

สรุปผลการวิจัย

1. ประชากรปลากระบอกในประเทศไทยมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง
2. มีความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมของปลากระบอกในประเทศไทย
3. ประชากรปลากระบอกในประเทศไทยกำลังมีการขยายขนาดประชากร

เอกสารอ้างอิง

- กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง. (2555). สถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ.2553. เอกสารฉบับที่ 12/2555. กรมประมง. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.
- ปิยะเทพ อวาทกุล. (2553). พลวัตประชากรปลากระบอกดำ (*Chelon subviridis Valenciennes, 1836*) ในอ่าวปากพนัง จังหวัดนครศรีธรรมราช. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิตสาขาวิทยาศาสตร์การประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- พนม กระจำพงณ์ สอดสุข สุภัทรา อุไรวรรณ และศรีรัตน์ สอดสุข. (2548). การวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้ไมโทคอนเดรียเครื่องหมายในกระบวนการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์กุ้งกุลาดำ. เอกสารวิชาการฉบับที่ 5/ 2548. สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.
- พนม กระจำพงณ์ สอดสุข สุภาพ ไพรพนาพงศ์ นิพนธ์ เสนอินทร์ ศรีรัตน์ สอดสุข และ พลชาติ ผิวเณร. (2555). การวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ในประชากรปลากระพงขาวจากแหล่งเพาะพันธุ์. *Thai Journal of Genetics*. 5 (22) , 166-182.
- วันศุกร์ เสนานาญ และจิราภรณ์ ไตรศักดิ์. (2551). การประยุกต์ใช้พันธุศาสตร์ประชากรในการจัดการทรัพยากรประมง. *พันธุศาสตร์ประชากรเพื่อการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ*. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์และกองทุนสนับสนุนการทำวิจัย. กรุงเทพฯ.
- Alendorf, F.W. (1986). Genetic drift and the loss of alleles versus heterozygosity. *Zoo. Biol.* 5 ,181–190.
- An. H.S., Lee, J. W., Hong, S.W. and Myeong ,J. I. (2013) Population genetic structure of the Korean threadsail filefish (*Stephanolepis cirrhifer*) based on microsatellite marker analysis. *Biochemical Systematics and Ecology*. 50 , 397–405.
- Antoro, S., Na-Nakorn, U., Koedprang, W. (2006). Study of genetic diversity of orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides* from Thailand and Indonesia using microsatellite markers. *Mar. Biotechnol.* 8, 17-26.
- Avise, J.C., Helfman, G.S., saunders, N.C. and Hales, L.S. (1986). Mitochondrial DNA differentiation in North Atlantic eels: Population genetic consequences of an unusual life history pattern. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 83, 4350-4354.
- Avise, J.C., Neigel, J.E. and Arnold, J. (1984). Demographic influences on mitochondrial DNA lineage survivorship in animal populations. *J Mo. Evol.* 20 , 99-105.
- Ayala, F.J. (1982). *Population and Evolutionary Genetics: A Primer*. The Benjamin Cummings Pub. Co. Inc, California.

- Bernal-Ramirez, J.H., Adcock, G.J., Hauser, L., Carvalho, G.R. and Smith, P.J. (2003). Temporal stability of genetic population structure in the New Zealand snapper, *Pagrus auratus*, and relationship to coastal currents. **Mar. Biol.** 142, 567-574.
- Blel, H., Panfili, J., Guinand, B., Berrebi, P., Said, K. and Durand, J.D. (2010) Selection footprint at the first intron of the Prl gene in natural populations of the flathead mullet (*Mugil cephalus*, L. 1758). **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology.** 387 , 60-67.
- Boore, J. L. (1999). Survey and summary animal mitochondria genome. **Nucleic acids research.** 27(8) , 1767-1780.
- Borsa, P., Arlyza, I. S., Laporte, M. and Berrebi, P. (2012). Population genetic structure of blue-spotted maskray *Neotrygon kuhlii* and two other Indo-West Pacific stingray species (Myliobatiformes: Dasyatidae), inferred from size-polymorphic intron markers. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology.** 438 , 32–40.
- Bowen, B. and Grant, W. (1997). Phylogeography of the sardines (*Sardinops* spp.): Assessing biogeographic models and population histories in temperate upwelling zones. **Evolution.** 51, 1601–1610.
- Bowen, B.W., Bass, A.L. , Rocha, L.A. , Grant, W.S. and Robertson, D.R. (2001). Phylogeography of the trumpetfishes (*Aulostomus*): ring species complex on a global scale. **Evolution.** 55, 1029-1039.
- Brown, W.M., Prager, E.M., Wang, A. and Wilson, A. C. (1982). Mitochondrial DNA sequences of primates, tempo and mode of evolution. **J. Mol. Evol.** 18, 225-239.
- Carmill, P., Umbanhowar, C.E. , Teed, R., Geiss, C.E. , Aldinger, J., Dvorak, L., Kenning, J., Limmer, J. and Walkup, K. (2003). Late-glacial and Holocene climatic effects on fire and vegetation dynamics at the prairie-forest ecotone in south-central Minnesota. **Journal of Ecology.** 91, 822-836.
- Cassone, B.J. and Boulding. E.G. (2006). Genetic structure and phylogeography of the lined shore crab, *Pachygrapsus crassipes*, along the northeastern and western Pacific coasts. **Marine Biology.** 149, 213-226.
- Chang, C.W., and Tzeng, W.N. (2000). Species composition and seasonal occurrence of mullets (Pisces, Mugilidae) in the Tanshui Estuary northwest Taiwan, **J. Fish Soc. Taiwan.** 27, 253–262.

- Crease, T.J. (1999). The complete sequence of the mitochondrial genome of *Daphnia pulex* (Cladocera: Crustacea). **Gene**. 233, 89-99.
- Douzery, E. and Randi, E. (1997). The mitochondrial control region of Cervidae evolutionary patterns and phylogenetic content. **Mol. Biol. Evol.** 14 , 1154-1166.
- Excoffier, L. and Lischer, H.E.L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**. 10, 564-567.
- Evans, R.D., van Herwerden, L., Russ, G.R. and Frisch, A.J. (2010). Strong genetic but not spatial subdivision of two reef fish species targeted by fishers on the Great Barrier Reef. **Fisheries Research**. 102 , 16–25.
- Frankham, R., Briscoe, D. A. and Ballou, J. D. (2002). **Introduction to conservation genetics**. Cambridge University Press, New York, New York, USA.
- Froese, R. and Pauly, D.. (2007). *Chelon subviridis*. Available Source : www.fishbase.org.
- Fu, F.X. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. **Genetics**. 147, 915–925.
- Ghivizzani, S., MacKay, L.D., Madsen, C.S., Laipis, P.J. and Hauswirth, W.W. (1993). Transcribed heteroplasmic repeats sequences in the porcine mitochondrial DNA D-loop region. **J. Mol. Evol.** 37, 36-47.
- Guarnieo, I., Franzellitti, S., Ungaro, N., Tommasini, S., Piccinetti, C. and Tinti, F. (2002). Control region haplotype variation in the central Mediterranean common sole indicates geographical isolation and population structuring in Italian stocks. **J. Fish. Biol.** 60, 1459-1474.
- Guo, E., Li, X., Liu, Y., Cheng, Y. and Wu, C.X. (2011). Genetic variation and population structure of swimming crab (*Portunus trituberculatus*) inferred from mitochondrial control region. **Mol Biol Rep.** doi 10.1007/s11033-011-0882-3.
- Harpending, R.C. (1994). Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. **Hum. Biol.** 66, 591-600.
- Henriques, R., Potts, W. M., Santos, C. V., Sauer, W. H. H. and Shaw, P. W. (2014). Population Connectivity and Phylogeography of a Coastal Fish, *Atractoscion aequidens* (Sciaenidae), across the Benguela Current Region: Evidence of an Ancient Vicariant Event, **PLOS ONE**, 9 (2) : 1-11.

- Hoffman, E.A., Kolm, N., Berglund, A., Arguello, J.R. and Jones, A.G. (2005). Genetic structure in the coral-reef-associated Banggai cardinal fish, *Pterapogon kauderni*. **Mol. Ecol.** 14, 1367-1375.
- Huang, X. and Madan, A. (1999). CAP3: a DNA sequence assembly program. **Genome Res.** 9, 868–877.
- Iamsuwansuk, A. and J. Denduangboripant. (2011). Phylogenetic study of shovel-nosed lobster *Thenus indicus* in Thailand. *In The 37th Congress on Science and Technology of Thailand*. 10-12 October 2011. Bangkok, Thailand.
- Klinbunga, S., Khetpu, K., Khamnamtong, B. and Menasveta, P. (2007). Genetic heterogeneity of the blue swimming crab (*Portunus pelagicus*) in Thailand determined by AFLP analysis. **Biochem. Genet.** 45, 725-736.
- Kong, X.Y., Li, Y. L. and Kong, W.S.J. (2010). Genetic variation and evolutionary demography of *Fenneropenaeus chinensis* populations, as revealed by the analysis of mitochondrial control region sequences. **Genetics and Molecular Biology.** 33(2), 379-389.
- Larkin, M.A., Blackshields, G., Brown, N.P., Chenna, R., McGettigan, P.A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I.M., Wilm, A., Lopez, R., Thompson, J.D., Gibson T.J. and Higgins, D.G. (2007). Sequence analysis Clustal W and Clustal X version 2.0. **Bioinformatics Applications Note.** 23 (21), 2947-2948.
- Lewontin, R.C. (1974). **The genetic basis of evolutionary change**. Columbia University Press, New York.
- Lee, S. C. (1992). Fish fauna and abundance of some dominant species in the estuary of Tanshui, northwestern Taiwan., **J. Fish Soc. Taiwan.** 19, 263–271.
- Librado, P. and Rozas, J. (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. **Bioinformatics.** 25, 1451-1452.
- Liu, J., Lun, Z., Zhang, J. and Yang, T. (2009a). Population genetic structure of striped mullet, *Mugil cephalus*, along the coast of China, inferred by AFLP fingerprinting. **Biochemical Systematics and Ecology.** 37, 266–274.
- Liu, J., Brown, C. L. and Yang, T. (2009b). Population genetic structure and historical demography of grey mullet, *Mugil cephalus*, along the coast of China, inferred by analysis of the mitochondrial control region. **Biochemical Systematics and Ecology.** 37, 556–566.
- Livi, S., Sola, L. and Crosetti, D. (2011). Phylogeographic relationships among worldwide populations of the cosmopolitan marine species, the striped gray mullet (*Mugil cephalus*), investigated by partial cytochrome b gene sequences. **Biochemical Systematics and Ecology.** 39, 121-131.

- Mahidol, C., U. Na-Nakorn, S. Sukmanomon, N. Taniguchi and T.T.T. Nguyen. (2007). Mitochondrial DNA diversity of the Asian moon scallop, *Amusium pleuronectes* (Pectinidae), in Thailand. **Marine Biotechnology**. 9, 352-359.
- Mousset, S., Derome, N. and Veuille, M. (2004). A neutrality test based on the mismatch distribution. **Mol. Biol. Evol.** 21, 724-731.
- Nei, M. (1987). **Molecular Evolutionary Genetics**. Columbia University Press, New York.
- Olsson, J., Florin, A., Mo, K., Aho, T. and Ryman, N. (2012). Genetic structure of whitefish (*Coregonus maraena*) in the Baltic Sea. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**. 97, 104-113.
- Ouithavon, K. (2009). **Molecular Phylogenetic Relationships among Thai Deer (Subfamily Cervinae)**. Ph.D. Thesis, Kasetsart University.
- Place, A.R., Feng, X., Steven, C.R., Fourcade, H.M. and Boore, J.R. (2005). Genetic markers in blue crabs (*Callinectes sapidus*) II: complete mitochondrial genome sequence and characterization of variation. **J Exp Mar Biol Ecol**. 319, 15-27.
- Panithanarak, T. Karuwancharoen, R., Na-Nakorn, U. and Nguyen, T. T.T. (2010). Population Genetics of the Spotted Seahorse (*Hippocampus kuda*) in Thai Waters: Implications for Conservation. **Zoological Studies**. 49(4), 564-576.
- Phinchongsakuldit, J., Chaipakdee, P., Collins, J. F., Jaroensutasinee, M. and Brookfield, J. F. Y. (2013). Population genetics of cobia (*Rachycentron canadum*) in the Gulf of Thailand and Andaman Sea: fisheries management implications. **Aquacult Int**. 21, 197-217.
- Ramirez-Soriano A., Ramos-Onsins, S.E., Rozas, J., F. l and Navarro, A. (2008). Statistical power analysis of neutrality tests under demographic expansions, contractions and bottlenecks with recombination. **Genetics**. 179, 555-567.
- Rogers, A.R. and Harpending, H. (1992). Population growth makes waves in the Distribution of pairwise genetic differences. **Mol. Biol. Evol.** 9, 552-569.
- Roldan, M.I., Perrotta, M., Cortey, R.G. and Pla, C. (2000). Molecular and morphologic approaches to discrimination of variability patterns in chub mackerel, *Scomber japonicus*. **J. Exp. Mar. Biol. Ecol.** 253, 63-74.
- Roman, J. and Palumbi, S. R. (2004). A global invader at home : population structure of the green crab, *Crcinus maenas*, in Europe. **Molecular Ecology**. 13, 2891-2898.

- Segawa, R.D. and Aotsuka, T. (2005). The mitochondrial genome of the Japanese freshwater crab, *Geothelphusa dehaani* (Crustacea: Brachyura): evidence for its evolution via gene duplication. **Gene**. 355, 28-39.
- Shih, H., Saher, N. U., Kamrani, E., Ng, P. K., Lai, Y. and Liu, M. (2015). Population genetics of the fiddler crab *Uca sindensis* (Alcock, 1900) (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae) from the Arabian Sea. **Zoological Studies**. 54, 1 DOI 10.1186/s40555-014-0078-3.
- Sinsakul, S. (2000). Late Quaternary geology of the Lower Central Plain, Thailand. *Journal of Southeast Asian*. **Earth Science**. 18, 415–426.
- Slatkin, M. (1987). Rare alleles as indicators of gene flow. **Evolution**. 39(1), 53-65.
- Song, N., Zhang, X. and Gao, T. (2010). Genetic diversity and population structure of spottedtail goby (*Synechogobius ommaturus*) based on AFLP analysis. **Biochemical Systematics and Ecology**. 38, 1089–1095.
- Supmee, V., Ngernsiri L., Swatdipong A., Wonnapijit, P., Sangthong, D. and Sangthong, P. (2012). A single population of Thai vinegar crab (*Episesarma mederi*) living in the Gulf of Thailand. In **Proceeding of the 38th Congress on Science and Technology of Thailand (STT38)**. 17-19 October 2012. Chiang Mai, Thailand.
- Tajima, F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. **Genetics**. 123, 585–595.
- Tudela, S., Garcia-Marynn, J.L. and Pla, C. (1999). Genetic structure of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*, in the north-west Mediterranean. **J. Exp. Mar. Biol. Ecol.** 234, 95-109.
- Xu, Q., Liu, R. and Liu, Y. (2009). Genetic population structure of the swimming crab, *Portunus trituberculatus* in the East China Sea based on mtDNA 16S rRNA sequences. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**. 371, 121-129.
- Yang, Z. (2006). *Computational molecular evolution*. Oxford University Press, New York.

ภาคผนวก

ภาคผนวกที่ 1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแฮพลোটป์ของปลากระบอกจำนวน 175 ตัว

>STLS_01

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_02

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_03

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_04

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_05

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_06

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_07

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_08

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_09

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAATTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_10

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAATTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_11

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_12

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATCGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_13

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_14

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_15

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_16

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_17

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_18

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATCGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_19

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAATTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_20

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_21

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_22

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>STLS_23

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAAACCCCACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATTTTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_01

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_02

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCTCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_03

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCTCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_04

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_05

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_06

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_07

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_08

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_09

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAGGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_10

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_11

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAGGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_12

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_13

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_14

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_15

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_16

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_17

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_18

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_19

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBLS_20

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATCCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBL5_21

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAGGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBL5_22

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBL5_23

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>KBL5_25

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG



>PNLS_01

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGA ACTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTG CATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_02

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTG CATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_03

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTG CATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_04

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTG CATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_05

TGAGGGACAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_06

TGAGGGACAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_07

TGAGGGACAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_08

TGAGGGACAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_09

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_10

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_11

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_12

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGACATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_13

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_14

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_15

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_16

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_17

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_18

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_19

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_20

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_21

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_22

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAACTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_23

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAACTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PNLS_24

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAATGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCCTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCATAACAAGAAACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_01

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCCTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_02

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCCTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_03

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCCTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAACCTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAATCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_04

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCCTTTCCTTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_05

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTAAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_06

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAGGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTACCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_07

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGACTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_08

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_09

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_10

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_12

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_13

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTATTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTGCAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_14

TGAGGGACAAAAATGGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PTLS_15

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCGAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTGCAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_01

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGTACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_02

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAGGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_03

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_04

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCGTAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_05

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACAGGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_06

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACACTGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_07

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_08

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGGACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_09

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_10

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTACAGTGCAGCGCTAA
 GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_11

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTTAGGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGAAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_12

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_14

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAATCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SKLS_15

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
 TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
 AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
 TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTTCCTTTCACCTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
 GGTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
 TTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
 ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
 AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
 GAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
 CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_01

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATAACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_02

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATAACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_03

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATAACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_04

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATAACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_05

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTCTCTTTTATTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_06

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_07

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_08

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_09

TGAGGGACAAAAATCGTGGGGGTTTCACAAATTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAAGAACCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCGTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTATTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGTTATCAAGATAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTCTGTAGTGA
TTTTAAGATCCTTCAGAAAGACTTGCATACCTGATATCAAGGGCATAACTGATCCTT
ATCTACCCCTGGATTATCAAGAAACCTTTATCTCTCAGAAACCTCAGGACTGAAATA
AGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGTTATCCT
GAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTCAGAAGCTTGAATTATAATACATGTCT
CAAGTTAAGATCTCGTACAAGAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_10

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_11

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_12

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>NSLS_13

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_14

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>NSLS_15

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_01

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACTGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_02

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_03

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_04

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_05

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_06

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTT CACACGTTGAACTATTCCTGGCATT TGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_07

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTT CACACGTTGAACTATTCCTGGCATT TGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTT GAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_08

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTT CACACGTTGAACTATTCCTGGCATT TGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_09

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTT CACACGTTGAACTATTCCTGGCATT TGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTAGT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_10

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGNTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_11

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_12

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_13

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_14

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTG CATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTAAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_15

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTG CATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_16

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTG CATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_17

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTG CATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTT CAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>PBL5_18

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAATTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_01

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_02

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_03

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_04

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_05

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_06

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_07

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATA CATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_08

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_09

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_10

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_11

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTA ACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_12

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_13

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_14

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_15

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>SMLS_16

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTCTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>RYLS_01

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>RYLS_02

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACA ACTTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTCATTGACGCTTGATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTTCGCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATGATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGA ACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAACCTTG

>RYLS_03

TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>RYLS_04

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCCTTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTGAAACATTTTCTTGAATTCAAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGAA
AACCCCCCGGAACCAGGAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCAA
TATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAACCTTG

>RYLS_05

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATCAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>RYLS_06

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGATCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAGACCTTG

>RYLS_07

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>RYLS_08

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTCTTTTTTTTCTTTCACTTGACATTCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAATT
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>RYLS_09

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTTCTCTTTCTTTTTTTTCTTTTCGCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAAACCTTG

>RYLS_10

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTTCTCTTTCTTTTTTTTCTTTTCGCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAAACCTTG

>RYLS_12

TGAGGGACAAAATTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTTCTCTTTCTTTTTTTTCTTTTCGCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAAACCTTG

>RCLS_13

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>RCLS_15

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGACTTTCCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_01

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATTTCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTGCCTGGCATTTTAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_02

TGAGGGACAAAATTTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATAATCCCACCTCTTTCATTGACGCTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTGACATTCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGTCTTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAACTC
CTTGTTTACCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATAACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGAAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>TRLS_03

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCCTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACCTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_04

TGAGGGACAAAATTTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATAATCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTTCAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAATC
CTTGTTTACCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCGGAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATAACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAACCTTG

>TRLS_06

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCCTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACCTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_07

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCCTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCTACCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACCTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_08
TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAATC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>TRLS_09
TGAGGGACAAAAATTGTGGGGGTTTCACACGTTGAACTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTA AAAATCCCCACTCTTTCATTGACGCTGCATAAGT
TAATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGT
GTTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTAGAGTGCAGCGCTA
AGGTTATCAAGAGAGGGTGGACATTTTCTTGAATTCAGAGAACATGTAATGTGAT
GATTTAAAGGTCCTTCAGAAAGATTTGCATAACTGATATCAGGTGCATAACTAATC
CTTGTTTACCCCCGGATTACCAAGAGTTTCCCTTCTTAGAACTGTAGAACCGAAA
CGAGTTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCACACTCCTAAAGTTTATGCTACC
CTGAAAACCCCCCGGAAACAGGGAATAAACCTTAGAAGCTTAAATTATCATACATG
TCTCAAAGTGAATTTATGCAAAGACAAGTAAGTAAAACCTTG

>TRLS_10
TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCTGCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAAACCTTG

>TRLS_11
TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTGAATTATTCCTGGCATTGTTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGTG
TTTGGGGTTCTCTTTTCTTTTTTCTTTTCTGCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCCCGGAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAAACCTTG

>TRLS_12

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTGGTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCCTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_13

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTGGTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCCTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_14

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTGGTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCCTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAAGGGACATGTCTGCATTGAC
GTAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGTGCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

>TRLS_15

TGAGGGACAAAACCTTGTGGGGGTTTCACAACCTTGAATTATTCCTGGCATTGTTGGTCC
TACTTCAGGAACATGACTTGTAATTTCCCCACACTTTCATTGACGCTTGCATAAGTT
AATGCTTTTAATACATAATCTCCTTTACCCAACATGCCGGGCGTTCCTTCCAGAGTG
TTTGGGGTCTCTTTTCTTTTTTTCCTTTCGCCTGGCATTTCAGAGTGCAGCGCTAA
GGCAATAATAACAAGGTTGAACATTTTCTTGAATTCAAGGGACATGTCTGCATTGAC
ATAGGGCCCGTAAGGAAGACTTGCATAACTGATATCAAGTGCATAATGGAGCCTTAC
CTACCCCGGATTATCAAGAGTCCCCTTTTCTCAGAACTGCAGGACCAAAGTAAAG
TTTTTTGAGGGAAACCCCCCTACCCCCCTAACTCCTAAAGTTTATGTTACCCTGA
AAACCCCGGAAACCAGGAAATAAACCTCAGAACTTTAATTGTATTATTTGCCTCA
ATATAGAATCTATGCAGAAGACAAGTAATAAAACCTTG

ภาพภาคผนวก



ภาพภาคผนวกที่ 1 การลงพื้นที่เก็บตัวอย่างปลากระบอก



ตัวอย่างปลากระบอก



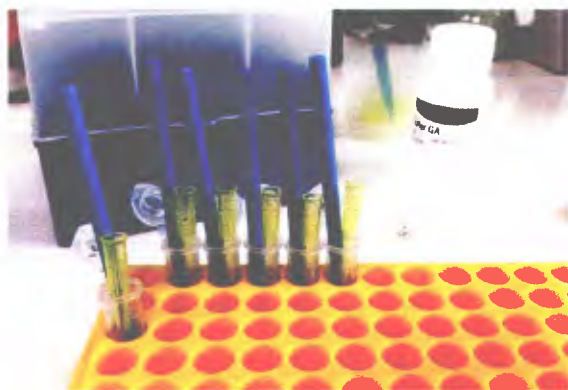
การตัดชิ้นเนื้อ



การบรรจุชิ้นเนื้อลงในหลอดทดลอง



ตัวอย่างชิ้นเนื้อในหลอดทดลอง



การสกัดดีเอ็นเอ



การบดเนื้อเยื่อ

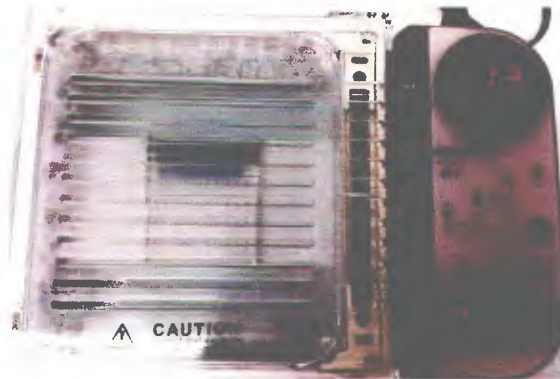
ภาพภาคผนวกที่ 2 การจัดการตัวอย่างและการสกัดดีเอ็นเอ



เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม



การเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม



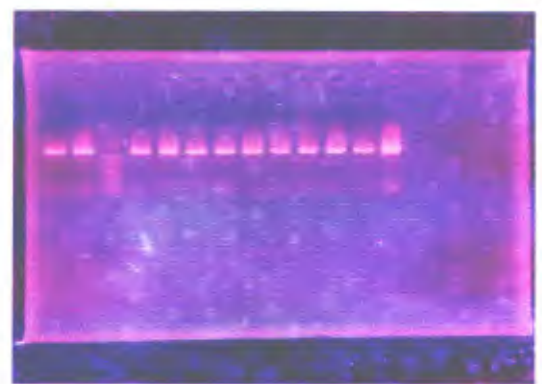
การแยกดีเอ็นเอด้วยกระแสไฟฟ้า



การย่อยสัดีเอ็นเอด้วยเอริเตียมโบรไมด์

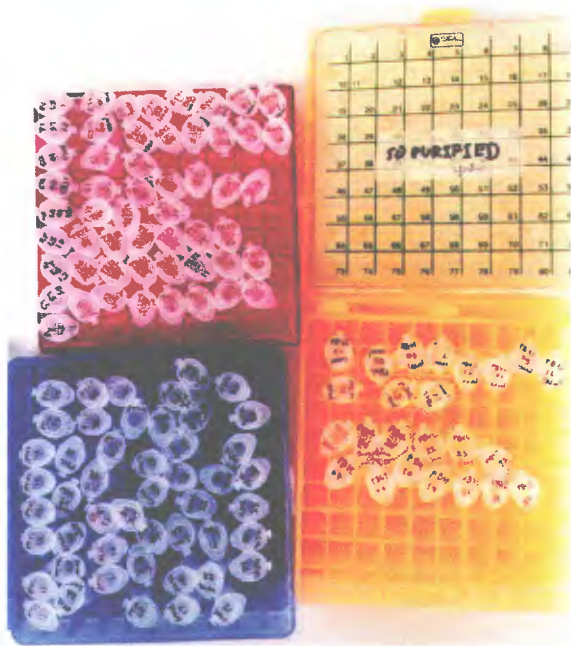


เครื่องตรวจสอบดีเอ็นเอ



ผลการตรวจสอบดีเอ็นเอ

ภาพภาคผนวกที่ 3 การเพิ่มปริมาณและการตรวจสอบดีเอ็นเอ



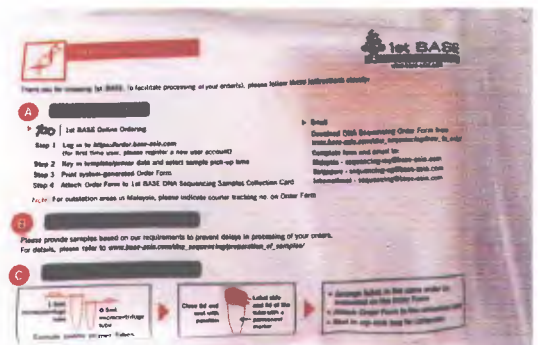
ตัวอย่างดีเอ็นเอที่รอการทำให้บริสุทธิ์



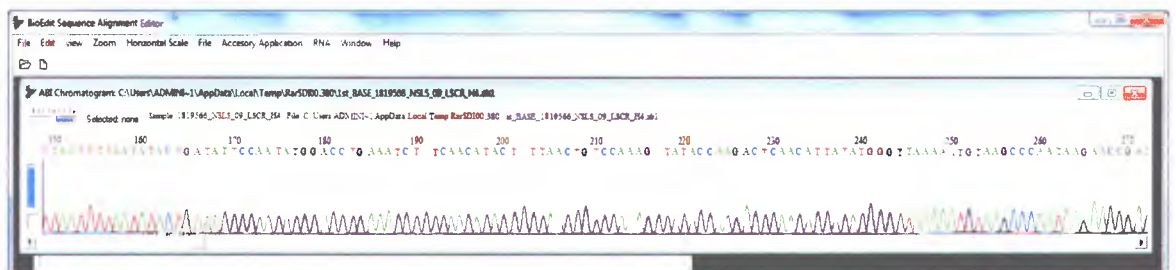
การทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์



การเตรียมตัวอย่างเพื่อส่งหาลำดับนิวคลีโอไทด์



ตัวอย่างดีเอ็นเอที่พร้อมส่งหาลำดับนิวคลีโอไทด์



ผลลำดับนิวคลีโอไทด์อ่านโดยโปรแกรม BioEdit Sequence Alignment Editor

ภาพภาคผนวกที่ 4 การทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์และการส่งตัวอย่างเพื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์



ภาพภาคผนวกที่ 5 กิจกรรมการบูรณาการงานวิจัยร่วมกับการเรียนการสอนในรายวิชาพันธุศาสตร์
ในหน่วยเรียนเรื่อง พันธุวิศวกรรม โดยการจัดกิจกรรม อบรมเชิงปฏิบัติการพันธุวิศวกรรมให้
นักศึกษารายวิชาพันธุศาสตร์ 2/2557 หลักสูตรวิทยาศาสตร์ คณะครุศาสตร์



ภาพภาคผนวกที่ 6 การบริการวิชาการโดยการบูรณาการงานวิจัยกับการวิจัยวิทยาศาสตร์
สำหรับนักศึกษาสาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย