**Supporting Information S5.** The independent dataset contains 268 positive sample and 280 negative sample. All these samples were derived from the genome of *Saccharomyces cerevisiae*.

1. There are 268 positive sample:

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:17023-17112

TAGTTTTTCTCTTGGCAAAAGTTTTTCGCACCCCGATCTTTTTTTGCATACGTAGTTCACTGCCGCTGCTTACGGCAGCGTTTCACTTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:22503-22792

TATATTTATCATTTAAATCACATGGACACCCACCGAACTGGTTACAAGCTATATTCGCATCACACAGAATGATGTGGCGTCTATGCTATACGGCGATGTTACTATATCATTAACCTCTCTTTTCGGTTCCGAGCGCTTTCGGCTCAAGAACTGGGGATGACTAAAAAAAAAGAACTGTGTACGTGATTTCTTTGTCCCCTGCGGTTGCATAGACATCGCTGTCGCACGGCAAGAGCGCACACAGTCATCAGTCTACAAAACCTAACTTTTCAAGAGCAACCAGTATAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:24745-24839

GAATTCCTTTGTAACGTGCAAAGCATTTTATAGCCTGGCGCTCGCATTGTTAAGCAACAGGCGGTGCGGCAACGTTGAAATGTTTCACGCAGGGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:28391-28584

ATACTCAGCCTCGAAACAGTTTTCAATTTATGTGCGTATGCATGGCTATAATCTTCTATTTCTGTCACCTTTCGTTTATTCTAAACGAATTTGCGACGTTCAACGAAAGCGCGTTGAAAAAATTAATCTCTGAAGTTAAACGGTCGGAAAACAGACAAAAAAGTTGTTGTTATTACTTGTAGAGGAAAGAGCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:29841-30032

CCTTATTAGGAAATACGCTAAACTAGGTAATAGCAGATGATTTACTAGCTTACTATCTCACACTAAGTCTGGCAACGCGCTTATTTTTTAATACTTTTATACGAACCAATGAAATTTGATCCTCCCCTTTTTCGTCTAGTTAAATGAAGAGATACAAGTAGGCCTTTCTATTGAGTACTTAGCAAGATATGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:40141-40727

ATTCAAAATTAAGCTTATCTTGACAGCGGGGCTGGTTTGTTTCTAGAAGACAAAAAGTGGGGAATCATTTTTACGTAACTCCCCCTGATAAGAAGGACTCACATCCTTATAGGTACGATAAAGAATGGTTGTATCTTTCCTATTTTTCGAAATCGTTATCTTATATAGTTGAACTACTACGGTTAAAAAGCTTAAGCCTCAGCCCTCTTAGTCAAACTTCTTTTTTGAAGGCACCAGGGTGCATAAAAGTGCGTCTATTGTTTCCCAGTGGAACTCTGTTGAGATAGCGATGTTTGTTTTTTTTTCACTTAACGGCAACCAATACCGATAGCGACGTCGCTGGCAGTGTAGAGTGGCCGTACGGCGTCGCTAGATGGCACGGCACTGATTGCGGCGGGAGTCGCTAGGCGGTGATGCATTTCCGCACAGGGACCAGAGGAAGCTTCCCAGGCGGTGACAGTAAGTGAACTCATTATCATGTCTTCTCCAAAACATTCGTGACATCTAGTCATGCTCCTCGCAATTCACTCCGATTGGTATAGCTTTTTCGGTAGTTTTAGCTACTATGCTTAGGGGAAAGAGGAGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:46577-47226

CATCATTTTTTTTTTTCATTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTTTCTACAATTTCATCAAATCAATGGTTAAACCGGGCAGAAAAACTACCAAGCGTTACTTTTACTGATGTTAGTACTACTACCGCAGTTATTGCGACTACTACATTAACTATAACTATACAAGAAAAAAAGTAAAGAGGGCTCGTAAAGCAAAGCTTGGTATCTCCTACATAGTCAATACATAGTAGTGAGTCGCCTATAGCCATTCTGTAATGCCATTTGTTAAGACGTGTCCTTAAACCCTTCCGAATCGCCGCGGGCGACATCATAATGTCAGTACCTAATAATGGTTATTATTCGTACCCTGTGGTTAGAGAGCTATGGAAGCTAGCAGTAAATGTCTCTAGTTCTTGCTATCACTACCATATTGGAGAGGCTTCAGGCCCCTCCCCTGAGCCGATCCTCGGAATGACTACCCCGATTCCCGGAATGGGCGTTCGATGATTGGCTCTTTCCTGTAAAGCCTTTTTGCGTTTCTTATAGGCTATATATAATCTTCATCACTGTTGTAGACGTTAAACAAGCATCCAACAGGAGGCCGGACCGAACACACGGGGGAGTGACTCTAGCTCTTTCTTCTGGGATATTCATATCGTTTCTCCATTACATACAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:49011-49136

TATACAAGTTATAATAAAATAGTTCATAAATGAATATTTTGCGTCATTTTTTAATTTCTTGTCGTCGGGTAAGGGACCTAGTATTACCCGCATCACGGAAAGGGGAATTTTCAGAAATGATAACGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:52716-52929

CCTATATTTAATTGTACGACTTAGTTTCTCTATATGCTTTTTTTTGTTCAGCCCACTTTCCGTTTAACTCTTAATTTTTCATCGTCTAGCAATATTTCAATACGTTCAATTAACATCGCTATCAACGACTTTCAAAGACTATTATCATAATTAGAGATACCCTTTCTCGCTTAGTTGAAGTTACGTCTAATGATGGCTATAGTATATCGAGCGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:54772-54909

CTGGGTCAACTACTAGCTTAGGTCTATTTTCGCCGAGCTGCAGCAGTTTTTCGTGCAAAACCTCGATAGCAGCTGTCGTAAGCATGCCAGTCTTGATGACGTCACATTTCATGTCTTGTAAATTGGCGTCCAAAATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:55452-55537

GTGTTACTATGGTACTTCGTGTGTATATGCAAATATGGGAAGCGGACTCTAAGTCGGTAATAAAATGATGAAAATCGCGTTTCTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:56034-56373

GTTATACCAGCGAACGATGGATGATTGTTGAGCTTGATGCGATAATGTTAAATGCTACTCTTGAAGCTGAGTGTCCGCTGTGATGATGATAGCGGATAGCGTCCCATATAATGAGAGATGGGGAAAAAAATTAATTGAAACGGACAGGAATTGAACCTGCAACCCTTCGATTGCAATCTTATTCCGTGGAATTTCCAAGATTTAATTGGAGTCGAAAGCTCTACCATTGAGCCACCGCTTCAACTATTGTTGAAAGTGTTGTATCTCAAAATGGGATACGTCAGTATGACAATACGTCATTCTAAACGTTCATAAAACACATATGTTGGAATAAAAATCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:63115-63188

TTCATACGAGATTTTTTTCACCGTTGATTTGGAAACACTAGACAAATTGGAGATAAAGGCGCTTCCTTAAACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:63901-64079

AACCAGAATACACACTGTACCTTTTAAAATTTTACTCATAGTAGATAATGGCATAAATCAGTGGTAAAAAAAGAATACGCATGACAAATTTTGAAAACCGTACGTGACATAAAATACCTATAATAAGATGAAGACATCAATTCTCAAGTTCCACTTTTCGCCGGTTGAGTGTATCGGTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:66986-67661

GCCTGTCAGATCAACATTTCGCAGGTTAGATCCTCAAAAAGGGCCAACAGTTGTTTCAGTTGGTGTTCATTTCAATTTTTAGCAGTTATACTTAACAGGCTACGCCAAATGTGCTCTTCGCTAGGTATCCGCATGCGGAAACATAACGGTTTTTGGCGCGTTTCGTGACTAGAACACGCAGTTTTGAGGTTCAGCGGGACGAATTTCGTGTACTTCCGTTGAGACAAATTTCGCGATGATTTCCGTTTTCGGAAAGATGGAGCCGGGTAAAGCGCGCATGAATTGATAACTTGGCACTTTTGAACCTCAGTATCATTATTAACAATGTATAGTTGCTTTAGTTCGCATTTCAGGGTAAAAGTGCGGAGGATACGAAAAAGATGAGATAACTTACAGAAGGAAACGAATAGTGGTTTCAAAAAATGCCTTTCACTCGTAGAGAAAACAATAAAAGTTACCGCACTCCAACACAGGCGATACTGGAGGAATATTTTCAAGAGTAAATAGAAGCAAAGATGCTTAAAAATGGATACTTGAACCAATTTTTCTGTAGCGGTATATTACGCTGCTCTTTTAAAATTATTTCTGACGCGACCCGTTTTTGTGTCGCTCGGTGAAAATCACGAAAAACTTGACACTTTGAAAACTAATACAACATAAAGAGACTGAAGACGAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:69101-69214

TACGTTCTTATTATCATCACTCAACACGAGCTGTAATTCCCGCCCATTTTTTCTTCATTATCAGGTTGCGATTTTGAACAAAAAAAGTGAAACTTGAAGTTACGATGTGACATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:73964-74162

TATATACATATATATATTTTGCATACATATTCATTTTTAAAAAAATGCAACTGCTACACGCTTTGAAAGATTCAATGAAAAGTTTTTCCGACGACCAGAATTGGCTAGCAAAAAAACGAAAATGTAATGGAGTCATGCAAACATGACTAATAGTAACAAAAAAAAAAGATATAGTAGAATTGAGTAAGTAAGTTCTATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:74511-74636

GTGTGCGTGCATTCTGACTCATCGACAATCGGGTACGATAGCGGAAAAGTTAGCAATTCTTGCTGGTAAGATTGAGAAAAGTCATCGGCATAAGTCGATCTGTCCGGGCTATGCGAGAGCATAGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:74912-75257

GTAATTACCGAATTGCAAAACCACCCGGGTGTGGATGTGGATGCAAAATAACAGTGAAATGAGTAATAACAATGGTCATAAACATGTGGTGTGCAATGTGTCATCTTCGCGCGCGTGCTAAAAAAAACGAATAACGGTGGTGATCCCGCGGCTTTCCACACTGACGGGGTCACGTGTGTTTATTCTGTTTTCTTCTAACGGCTTCTGTAGATTTCCGGACGGTTCCACGCAGCGCCACAGCTTGGTTCCAGATCGACGGAAGAGAACGTGCAACCCTTTGGGCTGGTTATGAAACAACGCAGATGGAGAATATGGCTCACAACCCCAAGGGACTTCTTGGTTTGGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:82386-82569

CTTAAAATGATGGCGTGCATTACGTAGACACAATCTGGAGATGAAGCTGAAAATCTGGGGAAGGATGACGGAAAAAATAGCTCATAAAACAGAAAAAGGCCCGAAGTAACAATAGGAAAAATTAATTGCACTAAACAAAGAAAACGATATTATGGTGATTAAACTGATACAGAATTATGTAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:84259-84791

TTGTATGCCACTCTCGAAAACCTAAAGAACTGATTACTAAATTATTTATACAAGATTTCAGATGACAAGATGGTTCACCCCTTGCCCCTGGTCTTCCTCCCAGTAATTATTCATATTCCATTTTTTTTCATAAACGCACGCTAAGGAAAAAGAAGAGACTGAAAATTCTTGCATATTAGAATATAAAATGATATATACTACATTTATATACATCCTTAAACTGTGAAAGAAAGAATAGCGATACAAATGTCTAGGCAGTCCCTAGGACAGTGCCGGAGTTGTCATTGTGGAGAGGCAATGGTGTTTCTGTGGACATTAACGGTTCGTAATCTTTAGTTCTGTCGATATCCTCATCTCTGTAATACTTAATTCCCCAAGGTATTAATCGAATTAAACCGTCTAAACTTTTTTCGATTTTGGTGATGATCCATCCTGGTGGAGTGATCTTGTTAAACCACGATTCCTTGTAGCCTATGGCGTAACCGACACATAAGCCGAAAAAATGACCCCAGAAACTGGAGCCAGGTATAACG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:85362-85577

GCCTTTCCCATCCCCCTATTCTTCTTGTATCGATGCAGTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGGCTTTAGATCTCAAAGGGCCGAAAAAAGTGAAAAATTTTCTCGAGAAATCATAAAAGCAGCCATCGCCATATATAAACAATCTATGCATATGTATGCAGCATGGCATCGCATCTTTCTTGGCGACCCGGTAGTAGCATTTAACTTCCATTAGAAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:86478-86596

CAATCAAGGAGAAAGACCGTCAATACGGCCAATGTAGGATGCTATCTACTTACGATTTTCCCTATCGCTTGGACGGAAAAGACTATTACGTTGAATGTGGTGACAATTTCAAAGTTCGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:87576-87680

CCTATAGTGAAAATAGTGACACCGAGACTTACCAAGAGAGCTACAACTTTTTTTTGGCTTGCTATGGGCGTCCTATACAAAAGCAAATGCACCAACAACACGGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:88043-88445

CGAATACTGCCTTGTTTACTTCTTCTTGTTACGTTGTAATTCTGGTTCTAATTACATTGCTGTCATTTTTTCATGTTCGATGGGATCTACAAAACAACCTTTAGAAGCGATCTCAGGGAAGCTTTGGAAGAGAAACAGCTGATGATTCTGGCATTCCACAAACTACAACAACGAACCAAACGACATATTCCATTGCAGTGATTTGATTGGGAGTAAGCTTTTATAAACGAGCAGACCAATATGATTTACGTAGTATTTCGTTGTCTTTACCACATCGTTGTTCGTGATAAGTTCTGAAAATTTTTTTTGGAGTATATTTGCTAGAGTTAATCCAACAATATTAGCATAAACGAGCAGCTGGAGACTAGGTTATTTGAATTATTTGAGCATCAAAGTGATCAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:98858-98990

GAAAAAAAAGAAAAATTCAAAAAGTTCTGCGAAACTCGAAAGAACCAGAATTGTTCGAACAATATGTGACAAGCGTATGAGTTAATAATCCGATTAAGCTTTATTCCTGTTCTTTTTTACGTGTATGTAAAAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:99201-99273

GGAATAAAAAGTCCCGCGCCACTAATTACAGGAAAAGAAAAATAGGACAATTCCATTTGATGTCACCGTGGTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:100230-100341

GTAATAATGTATATTTCTCTCACAAACTAAGTAACCGCTTCAAAAGCGTATATTTTGAATGCATTGAACTTTCCATTTCATTACCCGCAGAGCCGGAGTCCTCATCAACGAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:105535-105719

TAGGTTATCTATGTTCCTTTTTCTAACTAATCACTCTTTCACTAAAGAATATTTCTTAGCAAAAATATGCGTACCTGCGTACCGGGTAAAAAGTCGCATTGTCCAAGTGCTGCTGCTTTTACGCAAAAGAACACATCTAACCGAAGAGGAATAAGCAGACCTGAACAATACCAAATAAAGAAGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:105953-106075

GCCAAAATAAACGTTCATGATATATAGTGAGAAAAAAAGATCGATGGGACGACTCGCGGCCATTCCTTGTGCGTGCAGGAATCAAGAAAATAAACAAACCGGTACAGTACAATAAGCAGGCTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:106867-107087

ATATTCTGGGGCTTTATTCATTTTTTTACACTTTTTTATCTTTGTACGAAGAGCTGAAAATAAAAAAGTATAGAGCCAGCCTTTTCCCACACACTAACGACAAAAGACGATATGCAGGCTGTGCGCATGGGGGAGAATCCAGTTTTTGCCCGTTAAAGAGAAAAAATTAGTGTCTGTGAAACGCGAATACAAAAAAAGAAAAGTAGCAGGATCTTACTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:108299-108542

TATTTAGTTTAGCCAAGCAATATTTAAATATCACTCTTCCTAAAAATACATTGGGCATTACCCGCAAACTAACCCATCGCTTAGCAAAATCCAACCATTTTTTTTTTATCTCCCGCGTTTTCACATGCTACCTCATTCGCCTCGTAACGTTACGACCGAAATCTCACTAAGGCACGGTTTGTTGGGCAGTTTACAGATGTTGGATAACCAGTTGTTTCTAAACGGTTATGCCTCATATATAACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:114495-115058

CTTCTATTTGGTCGGCCCACACAAATTCGCGCGGGGGCATATTGACGCGTGGAAGAATAGAAGTCCGCGTAGCAGCTCTGGGGTAATTAGGCTTTTACGATATCGGCTGGCCCAGCACCGGTTTTTATTCCTCCCGTGGTTGTTGTCTCTACCGTGAGGAGGGGAAAGGGTCAGGGACGGCCGGTAGTTATGTTGTCTCAACGATTACTGCCATCTATTGTTTACACCAATCGCGTGGGGCAAGGGGCTGGAAGGCTGTGGTGTACAGAATAGGGTCTAATACCCGATGCGCGACGCTCCTGCGACTGGTTGTGTGAGCCACCCCTTGATCGCCTCTGCCAAATACTCAGGGAAGAGAAAAATCGCGAAGGTGGACGAGTGCCCTTAAAGAACCAGCATCCTCGATCGCCGCTGCCGTTCGCCCTGGCTTAGCGGTGGGAAGCATCCTTTGGCTTTCGAATTCTCCGCCGTTGAGTCCCCCTAAGGGCCTTATTTATCCCCTCTATTTTTTTTTAGAAAATGTTTTCTTTTTCAAGATTTGTTTGCTCCTTCACGGCTTCCCCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:116827-116962

ACTAACGGTGGATTGTGAATACGGAACGAACAATCCTGCATCTTGACTTCAAAACTTGATCATATACACCTATACCGCCATGGTTATCTCGCCCTTACGCTCACCCGGACCCCCGTTAATTGCAATAATAAGAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:118053-118144

CCATACATAATGCCAGAAACAGGACCTGCGTAGATAACATATAACATGTACCAGTCATGATTACCCAACGTGCCGTTACAAATGATATATAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:121349-121692

TTGTTTACACTTTTTTTCGAATACGCCAAATTTCGCTTTCTCATGAAAAAAATGGCATACACTGCTTCGAAAGATACAACAGAGCCATGTGCATTAATATATATAAATTAAAAGGTACTGAAGTGATAACGGTGAAAATAGGATAACTATGTACACTTGACTTTGGACTTGTTAGTTGTGACTAGTATAGAAGTTACAAGATCAAATGGAATAAACCCAAACACCACATCTAATTTTTCAATGGAAAAAGAAAAGTTTCAAGGTGGAAAAAAAATTTTCAGCAGCATCGCAATAAATGTTAAAAAATAATAATATATTGCAACCTATTTAAGATAATACATATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:128137-128519

AGAATAAAAAAGTATGGTTGTAAGAACGCACTTGAAAAGGCACCAATCTGCTCGGGTTTTTACAACTAACACTAACCTAGATGAGAGGTAAAAAGAAATCGTAAAAAAAAGTTGTTGCCCAGCACAATAACGACACTTTACCCGCTAATTCCAGGAGGTTTGAGTTAGACAACGACCTTCCCACCCCGTTTTCCCATAATTCTATTGTTATACACCTGGATCTGGAGGTCCGTGAAACGGCATACCTCGACGAAAAAGGTCACTACTAATCAAATCAAACTGACATTAATAAAAACGTATAAACTGACAGCTGTAGATCTAAATAAACTAGATTAAACATATGAAATAGTTTGTAAAAAGTGGCATCATGACCAATAATAGGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:129876-130060

TCTAGCTCCTTTAAGATACGTAATTCTCCTTCTGTTTTCCCTTAATTATTCGGGTGAAATACCACATGGTCGCACGGCTGACGGGGAACTCCGGAATTGGACGATGAAGAACTTAACGGTGATATGAGGTGATCGTGGAACAAAACGTTGTGCCAAAGAAGCCACAAATACGTCACTGTAATTAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:132265-133005

ATATACATATATATATATACATGTAATATGGCGCAAGTAGGCACGGTAGTCACCAATTGCTCAGGTATCTCCTCGGTGTAAAAGCACGTACACCGCGTTCGGAGAGTCGTTTATAAACTCAAAAGGGGAAAGAGACAAGGGTAGCCGAACGACTGGCACCGGACACGAACACGAAAACTTATTTAGATTATTAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAGGAAACGAGGCGGAGGCGGAGAGGAGGAGAGAGACAAGAGACGGGCAGAACAAGAAGGGTAAAAACAGTGAGAAACAGTCTCCGCCGTTTTGACTGCGTATCCATCGTTATTGTCCACTACGAGACGCTAATGACGAAACGAGCTACCACATGCGTTTCCTACGCACCTGCTAAAGACCTGACACTTTAAAGGACCCATCTTCTGGCCTTCTGTCCCGGGTGCTGACCAAGCTCTCTTCCTTTTCCTTGCATTTTTTATATATTAATACTCACTTTCTTTCCGATTTTTATTTTTGAGTCTTCTTAAGCAAAATCCTGCTATGCGAATCTGAACCGATCGCTCGAGAACTAACTTAACCATACTTGCTCACATTGCCGTTTTGGGAAACTGCGGAATTTTTTTGGGAAAGAACAAGAAATAAGCGGAGGCACACATAGAAAAAAGAAACGCAGAAAGATCAAGCACGGATATTTCTGGCTAGAGGTTTATAAAAGAAAGAATACCTGGCAGCAAAGAGATTATTTTCAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:135524-135732

TCAATTACTTTCAAGGATAAATATTCTAATATTCATATTATTCACTTATGTATTTTTAACGAAACTCTACTCCATTCTACTGGGATCGGGCATACTTTACGGGGTGCACGGATTTTAGCAGTCTTTTTCTTTCTTGGCTTTTGCGAGATGCCTTGAGAGGAAGATTTTTTTTTCACTCAAAACCTCTGTCTTGTACATATCTAGAACAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:138344-138604

GCTAAGAAAGTAATTCCGCATAATTAAACGTGTGCTGGCCTCGATAGGTACCTATAGTATACAGAAGCTTACGAAAAGCTCCTGCAGGATGGCACTTCTAAAATTCGCGCTCAACATGGCCGTATTGTACATTATATCGTTCTATCATTATATCGTATACGCCCGCATTACCCGACAACTCCGTCTGCAACGCGTTGACCAGAAAACTCGAACAAGAGATCGCATAAAAAACCAAAAGGAAACGAATTACTTGTCAAATAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:141588-141720

GGAAAACTCATCTTCACTCTCTTCAAATTCAGAATCTGTTTCCAAAGCTAATTTTTCGGCACCCTGCTCACCGGTATTATTGAAATCGATTTCAACCATCCTTGGTTCGGAGTCCTGCACGTCGTCATCATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:142177-142287

TTAGCCTTTGCCTCTTCTTTCATTTTTTCACGTTCAAAATCATCCAGTTTCTGTTGGTAAAAAGGTGTGGGACATGGATCTGGTAATTTTTCAATTTGTGCTACTGAGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:150300-150560

TAAATATATGTAGTATTGATTTTGTTACACCTGCTAAATAGGTTCTTACGATTGCCTTTTTCCTATAATATGCATAAATTATGTTGCCCTAAAAGAGTGAAATAAACCTTATCTATCTTTTTTTTGTTCCTGGTTTTCAAAGTTGATTTTCGACAGACCCTAGTTAATTATAGGAAAAAGCCCTATTAGTCTTTTTCTTATCATAGATGACATTTACTTATATTAGGCCAATCGCATACTCTGCATCCAACAAGCCTTCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:153217-153433

TTGTATTTCAAATTTCTCGAACTATAGCGATGACTAAAAGTGAAAAATTTCAAAGCCAAAAGAAAAAAAAAAAAAGAAAATATTATTTCAGCGGCTAATAGTTACCCGCATCAAAATAATATATCTCTGTACGGTAATGAAAATTTTTGAAATATGCGATGAGCTTAGAACTAAAGTAAGCAATGTATTATTGAGGTAATTGACGGTTTAGTGATTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:156291-156402

AATTTTCAGCTTGTTTTCCTCTTTTCTTTCGACAAAGGCGAAAGAAAAGAGGAAAAAATGAACAAGAAAATTTAATCAAATATCGCAATATACGATGCCGAAAAGAGTAATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:157670-157799

ATGCATTCACTTGAGCAATTGCATCAGTTGGCCTTAGCTCAAGGTTTTTATAGAATGGTAAACAAATTAAGCGCTTTACAGGAAAAACGCGTGAAGTTAAACTTACTGTTCAATAAGCAATGCTGTATCG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:159584-159795

ACGTAAGTAGCTTTTCCTTATAGAATGTTAGAGTAGAGTACGTAATTACATCTGCACTTATTTAATAAATGCACTTACTAACAAACTGGGTTCTCATTGGTCAGAAGTGTCCCGGGTATCCGAATATGGCTTCGATGAAATTTTTCGCCATGGAGCTGCGATGCCCGATATTTGTGTATAAAACATGGAAATGAGCTTATATAGTGACTACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:163646-164082

AGTAACATCAACAACACCAATTTTATATCTCCCTTAATTGTATACTAAAAGATCTAAACCAATTCGGTATTGTCCTCGATACGGCATGCGTATAAAGAGATATAATTAAAAGAGGTTATAGTCACGTGATGCAGATTACCCGCAACAGTACCACAAAATGGATACCATCTAATTGCTATAAAAGGCTCCTATATACGAATAACTACCACTGGATCGACGATTATTTCGTGGCAATCATATACCACTGTGAAGAGTTACTGCAACTCTCGCTTTGTTTCAACGCTTCTTCCCGTCTGTGTATTTACTACTAATAGGCAGCCCACGTTTGAATTTCTTTTTTTCTGGAGAATTTTTGGTGCAACGAGGAAAAGGAGACGAAGAAAAAAAGTTGAAACACGACCACATATATGGAACGTGGTTGAAATACAAAGAGAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:165837-166016

TATTATTATTATTATTTACATATACGTACACACAATTCCATATCGAGTTAATATATACAATTCTGGCCTTCTTACCTAAAAAGATGATAGCTAAAAGAACCACTTTTTTTATGCATTTTTTTCTTCGGGAAGGAAATTAAGGGGGAGCGGAGCACCTCTTGGCCAATTTGTTTTTTTTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:169419-169708

CACTATTATGTATAGGTCCATCAGTTTAATTTGCACAGTTTTTGCCTTAATCAAAAGAAAATCAATTCTGACTAAAAGAAAGCCACTTTACCGATCTCGGCCCACGAAACGATTTTTTTTTTTACGGTGCTTTTTTCTTTCTTTTTTTTGTTCTTTCTATTTTTTCCCTTTGCTTTTCGCACAATACCGCTTACCGTCAATCGAATAATGAATGGCTCTGGTATCGTTCAATAAAATGAGAAACGTGCTTCCAGTTCAAAACCAAACAGCTCAGACAGGTTAAAGTGAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:171200-171479

CATTATTATCCTTGTGATTTCGCTTATACACATGTAGGATTTCCTCCTTATATATTACAAGTGTGTCACCATTTCCGGCCCACCAATAGCCGCCGACCTCCAAATTACCCCAAATAAAAAAAAAGAAAACTCCGGAAATGCGGGGTTGAGCTGCAATATAATAATAATATGGCAACTTTAGCCGCGCAATCGAAGATACAGTAAATATAGTAAAAACGTGTCTGCAAATGGCTACTTTCGATCCTTCTTCCCAAAAGGCAATATTGCAGAAGAAGAACTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:172784-173086

ACTGACTCATGGTTGCGTAAAAACATGGTTGCTTTTTGTCGTTTTCCTCGAAAGGCTTTACCTTTTCATTAAGCCGCTCCATTTTAAAATGTTTTAATAAATCCACTTTTTTCCGGCGCATAATGGATCCAGAAAGGAACTGGCAACTAAATCCGTACATTTCTGAAATTATTTCAGTTCGCAGATTATTTTCTCAGTTTTACCGTATATTCTTATGTATTACAGTTGAGGTACCCACACGCGCACTTGAAAAGTATATAAAAGTGAAATATTTCAGAGCTCTTCCTATTGCTTTTTCAATAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:174816-174968

TTCTATACGTAGTTGAGTTTTCACTCACGTACAGCTAGAGAATCTCACATAGGAGTATCCCTGTAGTTAGTTCCGCGCGGTTCGATCACGGATATACTTTCAACAATGGCAGTATGAAAGCCTGTTATAAAAAAGAAGGAAACAATAAACGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:176023-176179

ATAGGAAAAGAAAAATATTTTAATACAAACTATCATTTATTGAAATGCTCTTTTTCATTTTCTTCATTAAATCATTGTATGCAGGCTGGGAAAAACAACCTTGCAATCTCCCAATGTGAAAAAAAAAAGAAAATGAAGATACGAACATACCTGAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:179076-179178

TATAATTAATTTAAGTATTTTATTCTGCATAGTATATTATTGCGGTGCACTCAATTTGCCGAAAGAGACGGCATATTTAATAATGACGCGAATGAATCAAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:188695-188979

CATCCCATCAAAAAAAATAAAAAAAGAAAACCCTTGCAGAAGGAGAACTGGTGTAGAGGTTTCCGGTCTTAATGGACTTAAGCACGTGACTTTTAAAACCCATGCATCGGTTACTATGGTTACCATTACTTACGATTTTTTTTTTTTCGTTATGAACCCTGTGCCCGAGGGGTTTTCAGGCACATAGATCAAAGTTCTACTCGTTTACCTGTAATCTTGGCGCGTTTAGGTCTCTTTTTTTTTCTTTTTTTTTTCTTCTTTTTTCATTTGTACTGCGTTATAGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:195691-195785

TAAAATATTACCGCTTCGGAGATTTCTTTGACAGGGGAGCAGGGAAAAAGCGATGAGTGAAAGAAAGGGAATGCGATGATAAAGATGATAATGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:198476-198944

ACCACAAGATCCACTTTCTGGTAAAGTTAATTTCAAGATCGTGTTTTTTTCTGTCTTTTCTTTCTCTTCTCATAGCCAAAATCGTACCACAAGGAAAAAAAGCACCGGGTTACCATGATGGTGGAATCCCACTGTAAGAACATAAGAATGATAAGTACGCAACTGCCACGGCAGTTGGAAGAAAGACATAGTCTGCCCTCATTCGGCGTGTATTATTGGACGTCAAGTTACCTTTTCCAAGTGTTTCCCTTTTTTGTCTTTTGAATTTGTCAATAGGGAGTGAAAGGTCCATAGTTCAAGGGCATTCCAAAAGTGAGGATAAAAAAAGCGTAGTCATAAACACTTCAACGGTGTTGCCGAGAATGACGACGGTCCGGTAGAAGGTGGTGCTTTTATCTATGTATTAGTTATTTACTATCTGCGTAACGAAACTATGATTTTTTTTTTCTCTCACCCAAGCCGAAATTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:202945-203290

TAATATTTTTTTATTGAGTTAAGTTCACCCACTTCTGGCACTTCTTATAACCTTGATAATTAAAAAGACCTCGGCGGTTATTTTTTATTTTGAGCAGTTATAAAGGGCATTACCCTCATCATCTTGCGGAAATAGGACGGAGCACGTCGCAGACAGGCTTTAACGTAATCAATTAGTTTTGAAAAATTTCTCCGCTATGGGTAAACTAGGTAAACCGCACAGCACAATCAGCTGCATTTTCTATTTTCAATTTTCTATTGGTGGCTTTTCACTGCATGATCAAAAAATAACGTTTTGTTGATTAGTTTTTTCTTTTTTGTTCTTGTTGGTTTTCGTATATGAATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:211952-212081

AGTGTATGGTATAAACGTTAATAAGTGCTTATCAAAGTATTACCCGCTTTAACAGTTTTTGTGTTTTTTTCAAGAAAAATATTATATGTATGAATATAGAACATGAGTTTATATGGAGAAAGTGTCTCGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:214118-215317

TAATCTTACCAATTAACAGAAACAGGAGGCATTAAGAGACAAGAAAACGCCGGGCGCGACGAAATCAGTCATAGAAAATTAATCATTAATATATACACGCTGTAAGAAAACAAAAGGACAAAAATTAATTACCAAAAGAAAAAAACAAACTACAGCTTGATGTACATGAATAAATTAAGGTTCAACAAAAGAGAAAAGCTGAGAGACGTAAGATGGCAGAAATGACCCGTTCCCACAGAAAGAAATCTGAATCCGAAGAAGGAAGTAATACGCGCGTGAGCGGATAAGGTTTCTTATCTAGCCAATCACAAAAATCAACAGTAGTAATTCTCGTGGGATTCTTTTGTGTCTCTTAAAATTGCCCTTTACGTACAGTCTTCGTCCATTATCAGGACGATTTGACAGAAAATGAGCGAGATCAGAAATATACCGCTACCGATCATGAGTGCTCAGAAAACCCCGTGGATAACCCAACGGTCCGAAAGTGACAGTTTTTTCTTTTGCCGCTTTACTTTTTTTGCGTCTTAAAGGGCTGTGGCTCCTCTGCGCCTGCGCCAGAGTAGCGGTAGGGTTCTTACTTCGGGCAACGCCGACTCTGGGTGCATTCGCCAGTGTGAGGAAGCACGCTGCTTGTGCTTGTTGGAAGTGTGGACTAGGTCAAGCCCGCCGGACACTAGGAAACACGCACAAAATTCTCAGGCACTAAATAGGCCAGAAGCAAAAAGCCGTCGGTAGTGCTCCTTTTCTCTGTTGCCGTTAACGGTCAGGTCTGTTAAGACACATAACGAAAAGCATATGTATAATAGGCACCGACATTTGTGCGGCATATTCTGTGCTTAGTTTGCAGTACAAGACGAGCTTCGGAGGCATACTACTTTAATCATATTTGCTCACTTTTAAGTTGCTCACTTTCTAATACGTGCATTCCTTTACAAGCTTACTAACACATTGGCTTGGCACTTAAAACACTAATGAAACGTGTTTAAGGGGCCCGACAATATTGCTATTATGTCGCTCTCAACAGCTTGTTTGCGAATTTTAAATTTGATAGCTCCCTCTTTCTCCTCCTCTACCGTTCGACATGACTAAAAGGCGTTGGCACGATTTTCTTTGATGCTAATGTAATCAAGTCAAGTATGGGTTGCTTTGACGATCCAGATGCAGAAGTCAAAGTTACGAGTCAAAACCTACGAGACTAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:215667-215865

GGCGGAGGTGTAATAAAAACAAGAAAAAAAAAAAAAAGAGGAAATTTGTGGCAATCTTCCTAATATAACTATGTTGAAATGTGTGTACTAACACCTTATACTATCTATATCCTTTGTCTAAACAGCTCTGCCGATAAAAAAATTCCCCGCGGAGATGTCCATACTGACTAATAAAATTGTCCCGCACAGGCAAAAAGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:218417-218543

ACAGCTTGAAAAAAATCTCAGGGTCTTTTCATTGAATAATCTCATTCTGCTATTTTAAGTTTTTCGTTTGCAACCCGAGACTGTCGAGCTAGAAAATTTCATTGATACGATTTAAAAATAATCGATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:222945-223056

ACGTTTACATAAGTGACTTTTCAACATATATGCATTTTTTGTTAAGCATTGTAAAATACCCGGTTGAAAAGCGACATGAAAAATAACGACATGTTAGATTCAAAAGTACCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:225902-226049

TGGGCTTGCAAGCATAAAAAAGTCATTTTATTATTCCCTTTGAACAGCGCGCGGGCACGAGAAAGCTGCCCTATATAAACAAAGATCGAGTCTTTTTGGCTTGGATGATGTTTAAAATACTTTAAAAAGTGAAGACAAAAACTATCTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:227537-228256

TCCTTGTTCTGAACGGAGTTATATCAGGAACGCAAACTGCTTACTAAGGAGCCCTTCTAAGGAGCCCTCCGCAAATAATAGGATCGGCAATTTCAGACGGAGGACGGAGCCGCCTAAGTGCCAAGAACATTAAAGAAGAAAGAAATAAACCTTGAGCGGCTACACGAAACAGTGGTCAAGAGTAGAATCTCTGAAACGTCGAACCCTCTTTGTCAGTTATCGCGGGCATATTCTGAGAAGAAGCAATATACAACAAACGAGCAGGACAGATTAAAATTTTCAAGGCGAGGTAAGCTGTGCCAGATCAGTGTGGGACGACGCTCAGTAGTTGGCGATCGAAGCACGTGATCAGTTTTCCACATCCGTGATTTGGCGCAAATTACCATGTGAGCGTGCGGGAATAAGCTCCTTTATTTGCGGAGCGACAAAGGAAACGAGACCATATTACCCTACCTTCCTTGTTTTATTTTACTTTTTTTTCTAATTTTAATTTTCTTCGTTCCTTCAACTGTATGTACCCTTTTTCTACCGGAAATAAGACGGTCGTAGTGTCCGCGTTTTTGGTTCTTTAACGACAAGACATCAGTGCCTTCTCGCATTTTTGTTGAATTGTATTGTATTATGCTCGATGTTTCCAGAACGATATATACATCTGAGAGTTTATATATCAACGATCATTTTCTTGTTGCAGTAAGCTATAATAGACGCGTCAAATAGTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:230873-231102

ACGATTTATTTTACTCTTCCTTCTTAGAGTAAGTATGTCTTCAACAGTCTGTTACTATTTTTTTTTCTACATACTCAATTCAGCTCTTACTGAAATTTTCTTCTGGAAAAAAAAGGAAGACGGGTAATGATGATCTTATATAACAGTATAATCTGTAGGTATATTTATCGTTAGAATCCTCTACGAAAGGCAAGTGGGCATGGATTTCTAGCTTTTGAAGCCGCGTTTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:237209-237262

ACACTATTTCTAGACGCACTGCACTCGTCAAAAAAATGATTCAAGGTGAAAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:241574-241738

ATCATTCGATGTTTATTGCAAACTATTGATCTTTTTTTCCTGCCCCTTCTCGTGGCGCTCGCAAATAAACGCAAACTAAATATAAGCGTACAAACAGACAGATTTTGTGCTACTTATTGATTATTTAGAAAAGCTACTATTGTTCTTGAAAGTCATAATAGAACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:242842-243060

ATGTCTACCTCTTCTAAGCCATCTGAAATTCTTGGGTCTTTCTCTGTTTACGGTTATTTGAAACACGAAATTACTTAAGAACACGAAATGCCAATTATTAGCGTCGCGAATTGAATATCCAATGCGGCGGGAAAATCAAAAAACGAAAATAGAATAGGAAAAACTGCCGTAGTTATAGAATCAAACCTGAGCGCCAGTTTCATTCTTCTAGCGGAGAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:244142-244259

CGCATCTGCAATAAACTTTTAATCTCCCTTCCACTCTCATCGTCTACAAACCCATACACCATTTGTCAAGCACATGCTTAATCCAACAATATTCAAGATTTAATATTTATATATATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:246330-246789

TTGTCTTCAGCCATTTTACGTTGCTTGGCTTGCCGCCGGCGGGTAATATGATCTTATTTTGACATGGTTAAAGAAAAATACTTTTGACTAAGTACCTTTATCACAAGAAAGTTTAGGAAGGGATTCACTATTTGAAGATCAGACAAATGAGTATACGATATTGGCTCAATATTTTAGCCGAGTTTGCTTAAACTTAGTGGCAGAACTTTAGTCATGGGAAGACAAGAACGATCTTACGAGGCCCTTAGGACCTCGGCGGCTAACAGTAAAACTGGTAACTGACGGACAAGGAATATCAAGGTCATATTTTGAAAAGGTCTTTTTGGGTGACTACTTGGGTAAGAAATAATTAGACGAAGTTTCTTTCTGATGTGTATTGAACTAGTGCTCGTGCTTACATACACATCGCCCATTATTGCCTATAGTTATCCTCACTTTATACGAGGTCTGGCCGTTAACG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:251838-251994

ACCCTTTGGGATAAACGATTCTGATATTGCGAGCGAAAAAAAGAAACGGTAGACAGAATAGGCGTTTGTTATCGTCGATGGTGATAAAAGGCGATATCGCCATTAAGGTAAACAATTATTATGATTATGGTTCTTATGGTTGATACGTTGATTTATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:253705-253820

TTGGGTCGACGGCAGAATGGCGCTTTTAGATGTCGATTTCCTTGGTAATAACGATGATGCTGATGACGGCGCGATATCGTAGGAAACATTATCTGCTGTTGGGATAGTCTGGAATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:254535-254661

TTATCTTACTAACCGAAATATTGAATTGCCTGTGTAATGAATGGCTGGAGCAGCCTTTTTTTTATCTTCGCCAGCCATCGCTTTTTTTGAATATTTTCCACATGAAAACAATGTATGAAAAATTCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:256914-257391

CAATCTTTATATATTAATCCCTTTAGTACCTGCACAATTAAGGCCGAGACAGACTCGAAACAACCCCAAAACTTCTTGATCTTTATTAGCTGATGCCAAATTTTTTGGTACCACACTGAAACGAACTTCGTAAATCCATTATTTGTGTATTTTCTTAACGAGAAGTGCCTAAAAACTGCCTTTTATGCGCTGTCTTCTGAGAATAGATCCCGTTCAAGGCAAGCGCCGGGCAAGCGGAGGCGCAGTCTACAGAACAATCCGCACAAGGAAAAAAGCACCCGAGATCTGGGACCCTCACCTAATCATTTATCGTTATCCACGACAGGGTGCGGTGATTGCTGTGTATTAATGAGTGGTTTCAAAGCCCTATCCCGCAGTCGTTTGGCACTCTGCAGGGCCTCAATCATTTTATCCTTCCTCTCGAGCATCTTCTGTAATTCGATCACTTCAGTGCCGTCACACCCAGTTAGCGACATTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:259476-259608

ATTGTTCCGCTATTGGAAAAGGATAAACAAGGAAATTCTCGAGCCGCATCATCGGGCTACCCGCATATAATGACATTATGGGCAGCAGCATAGAACAATGGATTCTAAAACTGAGGACAAGATGGTTTGTCTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:264440-264898

AATTTTACGCGTCACTCCCGTTGCCGTATCAACGCGTCCACACCACCTCACCCTCGAAATGAAAATAAATATGTTAATAGATGCACGTTTCATTGACATCTGTGACAAACACTTTCCGGCTTAATTAAAAGGAAGCAGGCTATTAATGCACCAACCAAACAAATGATGGTTCACCTCACGCTGAAATCTCATCTAATAAAGGAAGAATTACTTTGGCATGCTTTATCTCCGTCCTATAGTTGCCGATACCACGGTAGATAATACAGTATCATTCTAAAAGTACCATTTAGGTAGGTGCTGAGCGAACCAATAAGTAAGTTTTTGTTTTTTCTCAGTGTTTGCTTTGAATTTACATTGAAATACGTTGTTTTGGACGTACTACAATAGCCGCCATAATAGATTTTCGGGTAACTTTTACACTCTTCCCTCTCTTTCACGTGAGTAAGCACAGAATAAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:267639-267719

TTTTATTGCCAAAATTGTAGCTTTTCCGTATTAGATGATGAAGAATTTTGAGCACCCTTACTTAATAAAAGAGTTGTTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:272994-273164

TTAAGATTTTTTTTTCAATAGAATTTCTTCCTTCGGAAATAATCCCGATTAAGAAATTATTCTTGACGCAATATTCAGCTATATGTTGATCGGGCTTAACCGCATAAGTTTCGTTACCCTTTTTTACCCCAATTTTTAATTTCGGCGGTTATTTTCAGCCCTTTTAGAGTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:280031-280382

GGTACTTGTCGAGTAGTCCAGGAAATGGGCAAAGGTTGGAAAACAAGAATAATCAACGAACGCAATGGCAAAAGGAGAAGTCCGCATCCGTGCACCTCACAATTCCGAAAGATAATGACTTACGTGAGAGGGCCCAAAAATGCTGCAGCTAGTAAAACGCGAACGGAATGAGTTACTGGTCCCGTGAAGTGATTGACACAATGGTCGGTGCGATTATTCTTCGTGCTGTAACAAGATGAGGTACATACGGGAAAGAGCTTATTTTAGTTCGTTTAGGAGCTCCGGAAATTATTTGCACGAAAGTTTTCGTTGCCCGGATTGAAAATTTACTGTTGACATGAAAGTACATTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:287072-287267

TAAGTAAGCAATAAGTATGTTAAAACCCTTTTATTTTTCTGAGTCGAGCAGATTTTTGTTCGACCGTTGTATATAGGATAATATGACGCCATATGATTTTTTCCTCTTTGGTAGGGAGGGAAGAAATTTTCCCCGCGCGGCTGAGTACAAAAGCGCCTAGTACTCACTTGAGTCATAATTTAGCACATCATAGCGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:296751-297364

AGCTTTATGCTGTGGTGTTATTTCCCAAAACACGCTCTTCTTTCTTACGCTTTCCGTTAGCTTATTTGCTCACGGTATCAAGATTACTTTTTTTTTTTTTTCTTCTTTTCTTTTTCTTGCACTACCCTCTTCTTCTTGTTCTTCCTTGCGTTTTTACCCCTCTTCCCTTTATTTTGCAGCAAAAAGAAAGATGGAAAGGCAAAAGTGAAGGCATGATGATGACAAACTTGAAAAGAAAGAGAACAGCGAAAAGAGATGAATAATCCATGGCAATGACTGCACGCTCATGGGTATCAATTGGCTAGGTCTAATATTGTTATTGTTTGGAGTATGGCGTAGAGAAGTGGTTCCTTAACCTTAATTAATGCCCGTGCCATGATGATTGCATCACTGAGACGTAATGTGGAAACACCACTTCTCGGTCCGCGGACATCAACCGAAGGAAAAATGACAAGCTATTTCCGTGTATATCCGCGCCAATCCCTTCGGGGCCGAAGTTCGGAGGCTTTATCTCCGCTTAGCCAAGGCCGTCAAAGGCGATAAGGTGCGTTGCACCCCAATTAGCCATGGAGAAGGAAAAAAAAAGCATGTATGATCATGATGATGCAAAAATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:298800-298925

GGTGTATTCAACAAGCACCCGACAGTGCCACCAATAGCACCTGCGATCAAATCATTTCTGGTCTTTTCCGTGCTTGTTTTAGCCGCCGGCAAAAGCTTCCGAATTTGGAATATTATACCGAAATAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:299577-299814

CACTGATATATATCAACGGCGGTCACCCTCACAGAAATACCCGAGAATCTGCCCTTCGCCAAATCAGATTCAGCCAGTTCGCAGTTTTTTTCCCTATCTCTGGTCGCCGCATTATGAAAAGATCCTGGGGTAATAATGGGAATGATTTGAAAAAAAACAAATGCTGGTAGAAAAAGGTCTTCGTATTGCTCGTAGTAATACGGCTATTTCAAGTAACTGCTCGGGCCAGCGGCTTGAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:302903-302995

TTCTGGTGGCTTTCAATGCGGAATCGCTCACATCCGAAAATTTCAGAGGCTTCACTTAGCGTCGCAGATCCCAGTAGTCGCCAGATGCTTTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:305095-305186

GCTAGCTTTCCTGTTTTATTTACTGTCACTTTTTAAAATCACTCAAGACGAGAAAGCTCTTTAGCAAAGTACTGACAAAAAACTTGAAGTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:308315-308555

ATAGGAGCAAAACGCCAATATTGAGATGATTGTTTATTATAATGTTTACAAGGAAGGGCAAAGCATTGAGGAAAATTAGTCGGAATGAGGTCTCGCCGGGCTTCTACGGAAAGGGGCGAAAATTAATAGGGCACGGTGCAGAATATTAGGGCTTCAAATGTTCAGATTTTAAAGCCTTTTCTTCAAATACAATAATTAATTTTACACACTGTACCTTGCATATATAAGAGAAGAGAAATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:309683-310147

TATAGTTGCTCCTCCTCTTTAAATAAAGGCAGATAAACAAAAAACTTTGACCGCCCGCTTTTCCACACAAAAAACAAACAACAGCAGAAAACGCGACGCGAAAATGAAAAGCCAAAGAGAACAAACAAAAATCATCCATCAAACCTGTTATTGTGCAGAATAGCTTTTACCTAGACGCAAGTCCCTAGGAGGGGGCATTTTTGACACAGAATAGCATTTCATCAAAGCAAACAGCAACTTCTTGGAGATTTGTATTGCTTGGCATGTCAAAATCTAGCGGTCACATCAGTAGGGTAACAAAATAGCACGTCAGGGTTAAGGCGGCCTACTGCTTAGGGTACGTGGTAAGTGATGTAAAATGTGAGAAGGAGAAACTAGAAAAAAATTTTCCTTTCTTTTTCCTAGCGATGAGATGAGATGAAATTTTTCGAACAAATGATTTTTGGCACAGTTTACATATCAGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:313048-313211

GGAACAGACACTTCGTAAAAAGCTTCACAATCATTAATGTTAATAGAACTATCATAATATACAAAAAATCTCTTCATACGATTTTTGTTTGATGAGCATCCTCAGTCAAGATGAATAAAATAATCTCTCCAAATAAGCCGCCTCTTTTTTTTTGAATTACACTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:321632-322034

ACTATTAGATAACTGTAATTTGGTGCTTTTCCTGGAAAGTATACTTGTGATGTGGAAGTATTTTAAGTTCAAGTTTCTTGTTTTCTTTCCTATTTATGCGGAAGGTACATAGAAGTTTGGGCGGCTAATACTTTTTCCGCGGCTAATCCTATAGTAAAATGATCACTTTCATATAGAAAGTTGGTATATAAAGTGTCAACTAAGAGAGAAATAGTTCGAACCAGGTGTATTTTAAATCAACTATCGGGAAGTATGGACTGGTGGTATAATCGAATTACATAGTCCTTTTACCTTCATTAGTAGTACTTAAGTGTCACCCGCCTGGGGATTTTGCTCTCATAGAAGTAAAAGGGTAGTGCTATGGGAGCACATTAGGTAGTTCAGTTACGTTTTATGGCAGTCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:326335-326514

TTTATAATCATGAATAATCCTTGTTATAAAATAAAGGCATTACTTCAGAGATGACCTTAAGTAACCTTCCCTTAAAATTGTTAAAGAACTCGCGGGGTAATATTTACGTTGACAGTGATATTTGTTTTGAGAAATCAAAGAATGAAGAACTTAGATGTAGAGTTAAAGGAGCAATACGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:328951-329336

TAACAATTAAAGGGAAAAGAATCGGCTGGGCATCGTCATTGCGAAACTGTTGACTGGAAAAATTTCAATCACAATTAAGTTTTGTCCATTTCGTTCCAGCAAGAACGGAAACTTTTACCGATAGCAGCGGAAAAAAAGAAAAAAGAAAAAAAAAAGAAATTAATATAGGCAAAATAGCCGCATGAAGCCCTTAATAACCTATACTATTCTGTGACTGTTATTTATTTACCCTCGTAATATTAAAAATGTCCTATACAATTTCTGTAATAAAACCTAATTTTTTTAGGACCCTTGAGTGTTACCCTGCTCATGTTTTTATTTTTGTTTTAGAGAAATGTAAACAACAGTTTGGGAAAGTTTCAAGAATTGTAAACAACTAATCAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:335816-335881

ATAAAACGGCCGCGTTTTTTTTCCAACATCACCGCCGCCATATAACTTTCGACATTCTTAGAGTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:337206-337383

TTTGTACTCCACACTCCACCTTTTAGATCTGCGTCAAAGTGTCAGAATAAACATACCGTAAAACGGAATGACTACCGCCACCCCAATGACATAAAAACGGAAGAAAAAGAGCAAAAACCGAGCGCCAAACTATCTTATTCAACGAATCAAATAACAATACAAATGCAGAGGTAAAACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:338728-338838

AGAAGAAAAACGTATTTCAAAAATTATATAACCTGAAATAATAAGCCCAATCCCACCGGAATTTCATATACTATCACCGACCTGGAAAAAAAATGAAGAGTAAAAAGAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:339418-339809

TGTCTGACAGGACCCTATTCTAGCAACCTTACATGAAACAAAAACAAACAACATCACATCATACGGATGAACTACGGGTGCAATCCCTGACTCATCAATGTTTATCATAAACTTAGATATCAACACTGATAAACCCCACCTCTATTTTTACTGGTTCTTCACTTTTTCGATGCCGCACCGTCGCCCGCGATCCCCGCCCTTTGATTGCTCCTTCCATTAACAGTTTTTTTCTATCCCTTACAAGAAGCCGAGACGCCGCGAAAATATCGGCTAGTGCGAATAGTCTCTAGCTCTTGCCCTTCGCAAAGCACCGTGCTGCTAATGGCAATCAACAGCGCATCGCCGCTCGCTGAATTTTTCACTTAGCGGTAGCCGCCGAGGGGTCTAAAGAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:347520-347630

AGGTATTATTGCCCCTCATATATTCGGGGTTATTTATTTTTCGTTGCTTGAAGTAAAGCCTTTAATACACACTTAGTATTTAAACACTTAAGATTTACGAATCACAGATTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:348290-348473

CTAGACTAGCTGTAATGATCTGTCATATATAAGTTAATATTCAACATCGACTGTAATTGTCAATTCAATCTTGACAGCAACGATTGAAGTCATCGCCTCGCCGTAATTGAAAAAAAAATGTAAGATGAATAACAGCTAAGAAAGATAATAATTTTTATGAAAGAAGCATCTGATAGAGAAGAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:348889-349071

AATGAAGAGGGAGCTTGAAGAGTTGGAATATATGATCGAGCGATGTCGTGGGCATGTATTATAAGCCCGAATCAGATACTCAAATTTGAAAAAAGATATCTTTCTCCTCCGACATGGCCGAACTCATTTACATAAATAGCATAAATTAAACAGAATAATAATACGTAAATTACAACAGTCAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:352369-352614

AATCAAGACAGAGGGAGTTTAAAATGGACAGTAACTTTTATCACTAAGGTTATATTGACAAGTAGTGCTCTTTGGAAAAGGAATCTTCTAGAATCATCTTCGTTAAATTTCTTTTTTCATTGCCTTCGAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAAAAGAAATACACGTAACAAATGATTATGCGCTCAACCAACTTAAACACTTCTCATCTCCATTAAGAACCTTCAAACAGACGATAGATTCGCTAAATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:355469-355622

CGTCCATGGTAAATGAAATGTTTTGCTTTCTTTTTCGTGCTTGCAAAGTTTGGTAGATGAAATTTCAGAAAGCTACTGCCGTACCAAAGTACAATAATAAGGTGAAAATGGGAGTAGGAAGTAATAGATGGCATTGAATGCCTCATTTATTCAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:359458-360140

ACACCATATTCTCGCTATTCTCGAACTACGTTTTTTTTTTTTTGTTAAGCATCAGTAGTGAGTCTTCGGGAACTGCTTAACGACAGTAAAGGAAAAAAAAAACTAGCAGCTGTTGATAATATTCAGAAAATGAACGCAGAAGGAATCATTAGCTAAAAAGTTTATTATTAAAATCAGACATATATCTCATTATAATATTTTTTTTTTATAATACCACCATTTGTTCTCATATAATACTGATAAATATCGCATCGAATGGAAAAGACAAATAGGAGGCCGCTATTGTAATTTGGGCCTTAACCTATTTATTCTCTCTCTTTTAATTGATATTTTAATCTTTTTGAAGCCTACAATGTATTTTGGGCGATAATCAAGGAGAATATCAGTGTCATATACTCACTGTGGTAAATGTATTTCTAAAGTAGTTCCAATTCTTTCTTCAAAAAAGGCCACTAGACGATGTGCTTTCTTGCACAAGCATTTTGCTGGGCTATCTTCAATAGTGATAATTCTAACTAACTCAAAACCAGATGGCAAGTTCTTCCCTATGGTCGACTTCTCTCAGACGCAATAGTAGCTATGTTATTGATGGCTTTTGACGCCAGACCGGGTAAAGCGCATGGAATGAACTCTAAACTGTTAAAATAACAAAAACGACATATGAAGATGTCGATGAGGCTGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:361660-361791

TCTTAAATACGACTATTATATATATATCCATCGTCTTTTTCCTGACTCTAAGCGGTGGCAGCTGGAAGGTAGAAAAAGGTATCGCCTAGATGTCAAAATATGAAAAAGTGAAATGAATATTAACAAAAAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:364103-364202

TCTCAAAGTTTACAAATATAACAGAGTGCTTAGCGAATACTTTATTTTATGAGTCTTGCCGTTAGTGACCCCACCCAAAATAAGATGCAAACCGGTATAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:364778-364866

CTTGTGTGGTGTTCTGTGCTTCCTTCTTATGGAAAAGTAGTGGAGTCTGTTTGGTAATGTTGGTCTTGTTCGGGAGTTTTGAAAAGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:369532-369709

CCCTTCTTATATAATCGATTCCTGTAAGCAAGTGTCAGCAAATAGCTTCTATATAGAGACCTTTCGGTGAAAGTATATTAAAGCCGGCCGGAAATTGAGTAATAATAACCGCTAATTATGCGGTGTGTGGATTCAGATTTTTGCCAGGAGCGATAACCTTCAAATCTAAAACTACTCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:370689-370887

ATACTGCATTCAACTGCAATTATAAAAGCCCACTCTTCTCCCTCTTGATTTGTATGCCAGTATTGGGAAAACGACACGTCTATTCCGTCGCACACGATCTTCACTTTCTTTTTTTTTTTCAACTGAACGAAAAGTTTTTTCCGCAGCTCATCGCAAAGAAAAATTTTCACCTATGTACTACCTCATCTAATACAATATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:373115-373547

TTTATTTAATCTGTATAATAATAATAAACCGATTTAAATTATCCAACAAGCCGACCCCTCCATGTTCTACTATTTTTTTGTATGTCACTGGATGTATACAAATAATTAAGCATGTGGAAAAAGAAGGGGTGGGATAGCGTCAAGATGACACTTCTACTTTTTTGTGACACATCATCATGCAACCTATCGAGTCTCCCACGAGGTTGACAAATAAGAAATTGTTATCGTTTTTGCAGTGTATCGTATAAGGCAACAATAGCGATGTCTCCCATCAATTGACTGATAAATTCCTGCAAACTATCATTTTTTTTTTTTCATCCTTGTGCCGCGTCTGTAGCCGAAAATCTGAGAGTGCATGAATCTTAAAAAACAGAAGACTCATCGCCGTCTTTGGCACATTGGGGTTGTCTTTGACTTCTTTTGCTTATTTTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:375001-375347

ATGCCTTTTATGCACATTGCATGAGTATTCTAAAAAGATGCTGCATGCTGCCCGTAAATCTTCATTATTTTCAGAGTCAGGTACGGAAAAGACGACAGTTTCTCCGTATAACAGCATTGAAAGCGTGGAAGAATCAAACTCGGCTCTAGATTTTACGCGTTTAGCATAAAATTGTTGGTTTTATACGTACATAATTGGCAAGCATTTCATGTAGGAGTCTCAATAGATAGTTTAATTCATTTGCACGGCGCTTTGCTGCTTTTGCTTCTTCACGTTGGTTTTCACTATGCCTGATATTTTTTGACGTCACTTAGTAAGCACGACCCTTGTCAATTTTTCGAGGATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:378769-378870

GATGACAATTTTACACATGAAAAACGAACTATGTAAAAATAGTTGAAATGTATGGGTTCAATGAGAACTCGAATGTACGGATGTTTTCTCTGAATGAACCTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:381415-381732

AATTATTATTGTTCAGAGGAAGATCGAGCTGTTTCTATTATTAGCTTTCATCTCTTCCGTTTTATTTTTATCAGAAATCTGAAGTAAATTTTTTTCTTTCTTTCTGCGGCTTGGCATTCATCACCCGGTGATGCTGCGCCGTTAAGAGAGCCCAATAATGATAAGACGATTTCTGCATTTAATATACGACTGAGACAGACTTCGTCACCGTGGAAGTATTTTTTGCGAACGTGGAAGTATTTCACCCACGTATGGCAGGCAAGAACGCATTTTCAATAACGTTATTTCCACGGAAAAATGTGATTAGTGTAGTAGGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:383013-383299

ACTGATATATAGAAGGCTAAATAACGAGAATCATATATACTGTAACATGACACCTGCTGATTTTTACTGATCGTAGCCATTCGGCTCATATTACTTCATGTCCCTTTTTTAAATCCCTCGTTCCCGGAGAGTGGCATAGCATGTCCGATAGCGTACGCCAACCTACAGAATCAGGGGATCAGATTTCCTGAAAGCAACTTATCCATCAGTTTCTTTTTATAATGCCATAATGACAGGTGTGCCTTTCTTATTTTACTTCGCTTGCTTTCTTTCTATTGCATGCTTCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:386557-386881

CCATTTTTTTTTTTTCATGAGGAAGAGCCAGTGACAGTAAATAATAAAAGGTGAAATGATTAAACAATGAAAGCGGCAGAAAAATAAAATCAAACAGTGGCAGTATTGACTTTTGAAAATCAGAAGTTCATCCTAAGTTAAGACTTTCTTCTTTTAAGTGCTTTCTCCTTCTCTCACTGTCTTATCGCTGTATATCTCATTGTTGAATAATATAACACAACGTTATAAGTGATCATCACTTTCTGATCCATAATTTCAAACCTCAAGCGACCGTACATGTGGCATTTTCCACTATAAACTTACGAGCAAGAGAAAGATATACGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:404237-404380

TGAGCGCAATAGAAAATGGCGCGCAAACCGCCAAGGGAACGGAATTGGTGGAAATCATAAGCTTTTATATCAAGTGCAGCGGCCGGCGAGTGGGACGTGCTTTTTTTACTTTTGGGTTTTTGCGATGAGGCGGTAGACGCGTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:408955-409015

CCGGCCAATGAGGCTCGCTCGATGGGACACCTCTATGATAATAGTTGTCGCCACAGCCATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:420527-420707

AAAGTCATTTAAACGTGCCACTAGTTTTACTATCTGCTAATCGTTCTAGACGTGTAATATAAATCATATCCGAGCGCCGTTGTTGAATAATTTAATGCCTTCGTATTACATACATTTTGAAATTTGCTTTCGTAAAAGAGCGGTTCCCGGATAAAAAAGTGTGCAAATAACCGAGCCTTAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:423991-424091

TTTTTTGCTTCAAAAAAACGTCAAAGAAGGCAAGGCGAAGCAAAGAAAAATGGTAGTAAGCATACAATGATCAGCATAACATATGCAAAAACACGTAATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:425139-426129

TATCTACTGTCTCATCAGCTCATCGCATCATTAATACCAGTATCGGTTATAGTACATAATTAACAAATGTATGTAGCATTTTGGCATGCTGAAAAAAAAAAAAAAAACTTTATCAGGCAAGTGGCTCGAAACCGTGTGAAAGGATATCATCAACGGTCGTTTTTACCTGTTCCGCGGAATAGCGTTCCCGTGGGAAGAAAAGCAGCACGTGAGCGTGGAAAATCCGGGCAACACTTTGTAGTTCCGGGTAGTTGACAAACCAGGCCACGTGACCCGAGCTTAGAAGTGGACGCAGTAGCGGCTGTGCCTGCAAAAATGCATTCATGCGAGCGCGGGCCGCTTCGCGCACGGCCTTATCTGGGGAATGTACTGGCAGGGCAACCTTGGACCAGAGAACAAGGTGTACAACACCAGGCTCGAAGTTATACGGGAAATCGTTGGCACGCACAGCATATAGAGTAGAAGAACTAAAAGCCTTCGCGGCAGCATTTTCGAGCTGCGGTTCGTCTAGCGACCAGCCTAGTTTTTGCAAAACGTACTGGTTCATGTCCAGGCCAGCAGTCCTTTTCTTATGCTCGTGGTATTTGTCAGTCATCTGGCGACTTCGTTTCAAACGGGCAAGCTCCCCCGATTCAATTATCTCTTTGATTTGTTCCCACTTCCACCCTTGGGCCTCCTCCTGGTGATCGTTGACGATATCTTGTTGCATTGTAAACCTAAGCTGTTATAAGTAAATCAAGTGCAATACAAATATATACAGCATGCTGGCGTCCTTAGCCTCACGCCTACTAAACAAGAGCATCTTACTCTCACCATCCATTTATATACATATATAAGTACGTAAAAATAGATGTGTATAAGTCGTTCTATCTATAACGCGCCCCGAAGTTGTTTAGTATAACAAAAACGGAAAAAAAAAGAAGGAAAATGGAGATTGCCAAAAGCGCGCTAGTTTGACAGAAAGAGTGAAATATTAGTTCAATATTTCAGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:431535-432311

ACACGCCTATTTATTTTTTCTATGTTAAATTTTAACGATGTAGACACACCTAATGATCTGATGCGCTTTGCATATCTCATATTCCTTCACTAGCATAAAAATCCAAAAAAAAAGAATATTTAGGCCGAATGGAATTATTCGTAACGTCATACGAAAAAAGTTTCAATTCGTACAATGCCTGGCATGTTCATTCGAATATAAGGCCGCCGCCTTCCAGTCAGGGTAGCCAAAAGTATAATCCCGGGTGGAAACTAAACTAAAAACCGTACTCACAACTTTCCGCGGACGCTAACAGACAAATAGACACACTATCAGGTCAGGAACTGCCGTCACATACGACACTGCCCCTCACGTAAGGGCATGATAGAATTGGATTATGTAAAAGGTGAAGATACCATTGTAGAAGCAACCAGCACGTCGCCGTGGCTGATGAGGTCTCCTCTTGCCCGGGCCGCAGAAAAGAGGGGCAGTGGCCTGTTTTTCGACATAAATGAGGGGCATGGCCAGCACCGAGACGTCATTGTTGCATATGGCGTATCCAAGCCGAAACGGCGCTCGCCTCATCCCCACGGGAATAAGGCAGCCGACAAAAGAAAAACGACCGAAAAGGAACCAGAAAGAAAAAAGAGGGTGGGCGCGCCGCGGACGTGTAAAAAGATATGCATCCAGCTTCTATATCGCTTTAACTTTACCGTTTTGGGCATCGGGAACGTATGTAACATTGATCTCCTCTTGGGAACGGTGAGTGCAACGAATGCGATATAGCACCGACCATGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:444285-444469

ACATACGGAATCATGAGATTCTAAATTTAGTATACAGAGCTTAATTTATTCAATAAAGCATAACTAGTGCCGTAAAGAGTCTAAACCGGTATTTGGCACTGATCTGAGCTTATTGGAAAAACGTTACCCGACCAAAATAAATCACTTCTAGGAAGTAAAGGTATAAAGTATTGATGACAAATGCG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:450820-451126

AGATCCCAAACACTTTACGGAAAAAAATCGAGAAATTCCGGCGAATCGGCTCTTAACGGATGCAGGGTGTCAGTCTGATGAGCCATAAAAAGAAAGATGCACCATTGCCAAGCTGCCCTGAGGAAGGGTTTTGGTTACCCTGTGAGATGGATGCGGTAAAATGACCAAGGGACCGGTTGGTAAGGGACCAGGTTAGGAACCGTGAGCGGCGAAAAAAGCGCGCATTTGCACAATTATATTATTAACAGGTGCCTGAATTTTAAGAACCGTCCACCATCACAGGTGAAACAAATCAACAGAGTCCTGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:453367-453671

TGTGGAAATTGGCAGTGGACGTGAGAACAAAAAAGCACCGCTGAAAGGCTTGGCCAAGGAAGTTTAGAAAGGCGATAATAACGAGGTAAGAAGAAAGAAAAAAAAAGAAAAAGATGGCTTAGCAAAAGATTGGTTTTTATCCCGGGGGAGTTGTTGTGGCCGGGAGCAAGAGAAGAGACGCAGCAAGCGTGGGTCAATGATAATGACGCAGCGCGACGCGACGCGACGCGAATTCAAAAGTGTGAGTTTGCTCGGGGATAGTAATAATGCGGGGGGGAAGACGAAACAGACCGTGTGTGGTGTGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:455304-455437

GTGCTAGTAATAAAATGATGTGGAGATTAACATGTTGTGGTACGGTATTCTTATCTTCAAGGTACCACAGTATAATTCTGCCTTTATCATTTTTTATTTGTATTATGTATTTTCGTGCTTATCTTGTAATTTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:458588-458728

TCACATGTAACTTGAAGGTTATTTTTATATTTTTTTTTCCTGTGAAGGAACAACTCGTGTCTCACGAGAGCGCCACTTAAAAAACGAAAAGATAATCGGCGATGACTATATATGTATGTGATTGAGAATAAAAATATGGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:462272-462340

ACCAATGCTGTCGTGTCTAGTGACGATAAAGGCTGTAACTATTAATAAGGTGAATACTCACCCTCATCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:463871-464323

ATACCAAAATTTGTTACTGATTTGATTCTTTTTAAGTGCGTTTCTTCTGTATAAGCTAAAAAAACGCAAAGCACAAAGCGGAAAAACTAAACCTAATAAACTTCCCCCAGCGAGAAACAGATGTAAAGAACAACCGTATCAAGTGGCGAAGCAGCTGCTTATAAGTAAAGCCCAAGGCCCACCAACGCATACATGCAAGGCCTGTGCAAGCCGACTGCTGCTTGTTTCATCTTCCGCTCGCGGTGACCCACTCGGGGAATTTCTCACGCTTGCTGCTGCAGGTCGTTGGGCGTTGATTCCTGTTTTTTTCTTTCGTTTTTTCAATCCGCGGGAGTGAGACATGATTAGTGTAGTCCTTGTAGAGTTCCTTATTTATTTTTTTATTAGTTTTCTTGTTTTCGTTTATCAGCAGGGTTTGGTTGTGTTGCTTGGCAGCCCGCAAATTGGTCTTCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:465736-465854

TAACAGAGTTTTTCTGCTCTGAAACTTCCGCAGAAAAAAAATCAAGTTTTCCTTTTCGTATCTTGGATTATTGTTATATAATAGATGCATGTATTATATGTATAGCAGTGATTTGCTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:474970-475166

CTCTCTAAAACGAAATCAAAAATATTCGTAACACATATATAACGAAGTACAATATATTGGGAATCTATAAATCATATGCCGAGTGCGCAACTTCAACTGAAAACAATAATCCGTCTCTGGGCCAGAAAAAAAAAAGGAAAAAAAAGCTTTATTTCTTAATAAGGTGCTTTAATTTTTGAAAGGGAAGAAGCAACCAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:475732-475917

TGACAGTCATGTTCCTGGTGAGGGTGCCTTGGGTGTAACACTTATCCTTACACGGTCTCTCAAAAGCAATATTTTTACATTTCTCTTCTTTGCTTCCTGTTCGTATAACGCGCTGAGAGCTGGTAAGAACAATAGGCCGAGGCCCTGCATCAAAATGTCAGTAGGGGACCTGTTAGGTACCCACTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:479042-479183

CTTCTAGCCTTGGTCCTTTATATTTGCTGTTTTTCTGCGTTTCTTAACTCGCTTGCGGAAAAAGAATCGACATTTTCAGAACAGGATTTTATTGTTTTTAAAGTACATTATATGGGGCGACACATCATCGCCATCTATGTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:481990-482495

TTACTACTTAACAAGCAATTGCAGCTGTTTCCACTACGAAATCTTCCAATGTCAACGAAAAAAATTCAAAAATTTTCTGCTTTTTTTTTCAACATCTGCCGTACTAAATGATTCCACAATAATCCATCATATACCATTACCCTGATTCCCATCGAAGAAAAGGCGGTGTCCCCTTACCCGTCCGCTCATGCCAAGAGATTAATTCATAACCGCTCTTCCTTGGATCAGAAGTGAACATATGAAGTTGCAACTACTACATACTTACTACCGTAGTCCATCATCAAGGACCCAAACATTCACGACTCCAGCGCGCCACGTTCTTCGCCATACTGCTTAACATTTTGGTACGAGTGCGAATTAGGGAAGTCGATGATAAAATAGAATATGCGAAAAAGAGGAAGAGCAGCCGTGAGAAAAAAGAAAAAAAAAGGCCTAAGGTATTCTCTACTCCAAAATCGTCGAGGGAGGGCAAAAGAAATTTTTTTTGTTTAAGGGAATTGCGAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:482862-483044

AGCAATACAAGGAGAAACCCTCGAAAGAGTACCTCCATGCCAGTGATGGCGATGACCCTGCAAATAATTCTGCCGCTTCTTCGTCATCTTCGTCTTCTACATCAACTTCCGCCTCGTCATCGGCTGCAGCCGTTCCACGGAAGGCCGCAGCCGCTTCTGCCGCTGATGATTCTGACTCAGATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:488188-488463

TTGTAAATTGTTTTCTTCATGTCAGATTTTTGGGCTCTATTACTAGTGGACCTGTGCTTCGGACATACGCAGTTTTTCTGTGGTTTCTTTATACGTCACAAATCTGTATTATTATTGAGTCACTAATTCAAATGCGTGTGACAATATAGCGACGGGGCCGTGCAAAAATAAGAGATACTGCACTTGCGCGGCTGATAGAGATTTCTTTCTTTCTACGCTGGGATAGTTTTCTTAGAAGGTTTTAGCTATTCTAATTAAAATGTTGTTCCCACCAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:491693-491983

AACCGACGTTGTGTTTGCGTTTACGTTCTGCTCTCTCACTTGACACAACACGAAGACCGAAAACAGCTTGGGAAGCATTCACCGATCGTTATTCGAGAGGTTTCCAGTTTCCTTTTTTTTTTTTTTCACTCGCGGTATAAACGAATGAAAAAAAATAAAAAATTTTCATGTTTTTCCGTTCCGGAAGACAAAGCCTGTCCGCCTTTAAGGCGGTAAAAGCCGTCGTAAAGGCTGTCGTAAGATGAGACTAAAGTAATAGTAGTGTATTATAGATGATTATTATCATTATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:493076-493450

ATCCCTTATCTGCAATTATACGCTATATGGTAAAACTGGATTCCCTTTGTTATCTTTCAATTAGAAAGCTACGGGCTTACGAGTCTACGTGTATGGTGATTTGTACGGAAAATGAACTGCACACAGAGGACAAGCAAAGGGTCTAGGATAGATAGAAGTAGCGCATCCGGCCTGTCTATCCCTCCGTGTCTATCAATTCATTTAACGTGTCTGGACGGACTATGGTAACTACTTTTTGCGTTTTTGCACCTTCTTCCTGTTTTTTTGGTTTTAGTAGTGCACTTATTCTTCACTTTTTTGCTCTGCATTGTTAAAAATTTCATTTTTTGCATTTTGGAAAACCCGATGACATTATTCTTTGAAATAAACCATATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:497733-497965

CTGTAAATAGAAACAGCTACACTGCTTGAAAGCCTTAACATGATACATTTCTGGTATGATGCCATTGTTGTGCCCTGCCGGGTTTATCGTTTCCTAACAGGCACGTCACTTATAACGAGGTGCCTGTCGTTTACCGCCCAAGCCGGTTTTTTCGCTGGAGAGTACGGTACTACTAGCCCACCACACGTTCGTGGCCAGGTTGATAGGCCACCGTTGAGCAAAGGGCAGTAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:502302-503458

ATAATATATAAGAATATACGCCTTAAGAATGTCCTCTCATGCGAAAAAGGTAGCAAGAGCATAAAAAGGAAAAAGAAAACGCTATAGTCATTTGTAGGCTCTTGTCTTTCTTCGTCTTCGTCCCGTGAGTGCGGACTCAGAAAACACCGCAATGATGTGGGTCCGGAATATCTATTGCACAGTTTTAGTAGGGTCACCGATATCGTTAAGGTTTGTGGTAGGAACAGAAGGTACTGCCGGCCCTGTATACTGCCCTTTTGTTCCGACCATTTCTTTTTTGCATTTGTCCCAAGATTCTCTCTCCCCACAAAATCTGCTCAAGTATCTGTCCAACGCGCTTTCTTCGGCTGATAGATAAGTTCCGATTTCGTGGGAAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGAGTCTGTCCGAGAAATGTCCCGGAAAACGTGGGTGTGCGGTGAGGAGATTGTACTTCCATCCCACATTCCTCGTGTTTGATTGGCTGCAAGCCACTTGATGCCTAGAAAAGAAACACCGCGTGGTGCATCTATGTCCATATCACGCGCGCTAAAACAGCATGTAGAGAGCGCGAGGGCGGCGTACTGCACCATTCTAATAGGAAATCCGGGATGAATGCCCTCTCCGGAAATACCTCCACTAAGCCTCAATGGAAAGTTGTTCCGCTCACGCGAACAGGTTTTTCCGGGGAGTCGAGAACTACAGTGACGTAAATACGACGACATCGCTAGAGCCAGCAGAAGCCTCCATACATTCAGACTAATTAGTTGACGGGCTTGAGCCAACTAGACATATTATGTAGGCACATATGCTCCAACCAATACATATGTGTACATAGAGTACAGCTCTTCCCAGCGCATCCGCTATCGTCCTCTTGACAGGTCCGGCTATTTATTATCCGCGGCATCCGCGGCCCAGCGCACAATAATAGATTACTTTGCAATGCAAGCGGTCTTGGCTGTTTGCTCTGAGGGTCCATCTTCGTTTATTTCTTTATTTACTAAATTAATTATGATACTGCACTCAGGACGGGCCAAGAAAGCATGTAGCGTGAAGAGAAACTAATTATTAAGAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGGAAAAAGGAAAAAGATAAACCAATCATACAATCTTTACAGAAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:506479-506666

TAGAAAAAGCTTTACTCGCTTATCTCCTGGAGTAAGCTATAGCCACAGTCAATATCGCGTCTAATGAAAAAAAAAAGTCGGGACGAGTAAACTTTTGTCTGCGTGGCGCATAGGAGAGGAGAGAGCACAGGTGTACTGGAGGGTTCAGGACGTTGGTAGAGCATTTGCTAAATGTGTAAAAATAATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:517162-517543

TCGATATTGAGAAGATGAAGTAAGTTCGAGAAAAGATGTCTGATGTAAGCCGCTCTCTGGCCTCTATTTAAAAGTTCTTCCTGGATGAAACCCACTCGAAAGTTGGGTGTGTGCGTGTGTGTATGTTTCCACGTTTCTGCCTTGTGCTTTCAAAATCGCATGCACGTGCTTGCGACTGCACTGTGTTGTATTAAGCCACGTGGGCCCTCGCACATTGAAAAAAAGAAAAGCTGTACAGGGAAAAATGTGCCAAGAAGTCCAAATACCAATAGCTGTGCAAGTTACTCATTAACATCCAAACCGTGAAGGTCACGGCATATATACTCTGGCGTTCTACTATGTGGCCGGTAATGTAACCGGTAATGGTGACTATCTAATAGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:518683-518835

ATCAAGGAATATGGTGTGAAAACCGGGTTAAAGGAGATCTGCAACGTTTGCCTATTCCCGGACATGTACGCCAGGTGATGTTCCATTTGCCATTGCCAACTGGACGGCTTGCTTAAACGATTCCGATAAGCTCGGATGAGGGAACGGTACTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:519763-519947

AACAATATATTTCGCCTCTACGATGAACGGTTTCATGCCGCGCTGCGCAATCTCAACGTGGTGAGGATCTTTGAAAGCAGCCGTGCCTTTATACACAGTAACATTATTTTTAGATAGCTCACGTTTATACACATTGCCCAACTCTTCTATATTATGTTTGAGTGCACTCTGGGCCGCCTGCATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:520196-520885

TCCTCCATCGTGCTTAATATTTCGTCTTCACCTCCCATTACCAAAAATGCTCACCGTTAATTATATCATACTTCTCTTCTCCTCTCGTAAAATCGTGCGCATGTTAAATAGCCGCCGAAACAGCAGATGCATGCCTGCAGGTCTGGGTGTACCCCCTGCCTGAGTGTTCCACCCAGGCCTCGCCGGAGGAAAATGCCACCGCACTCAAGTTCGCACAGAAACTACCGCATAAATTTATTCTAACCCGGAACTGACGTTTATCGTGATATGAACTTTGGGTATCTCCGATTACGAAACGACGCCACCCCTCCTTCCCCAAAGCACCGAGAAAAGATTTTTTTTAAAACTGAACGCTGATTGACTTTACGTATTATTACCACTATGCATTATTGTTGTTTCTGTTGTGGTTGTTGCCAGTTGTAATCATATTCACATTGCGTTTTAGTCATAACCACCTTCCGGTATTCATCATTCGTATTGAATAACAATATTTATACCGCAAAACACTATACGGCAAGGCAACTGATTACACTTTGTTTACCTTATTTTTTTATTATTTATTTTTCTAGAAAGTATTGTTGTGTGGCTCTATCCTTATTACACCATCTCTGCTTTGGCATTTCGCGTTGTTTCCTCTCACGGATTGCAGATTATTGTTCACCAGGTAATAATCACTGACTGGCGGCTATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:525235-525854

TCCATTTCAGGCAGTAAATACAATTCATACACACCACACATACATTCAGAGTTAACGTTCGCTATAATAAAACGGTAGAGAGTCAGATGTGGAGTCAGCGTGGGGGGTGGGGTAACACTCCACCTTTGAAAACGGTGTGACTTCGCCCTTTCGATGGGAGGAGGTAAAGCTCAAATAGGACAGAATCATCCAAGAAAATTTCAAGCTGCCCACAAAGTCAAGATCGCTTCAGAAGCTGTTCGGCGCAGTATTGAGATGAATTGGCTGCATTGACGGTTCGGGAACCCATTCTACTTATCTATATATTCTGAGTACTTATCCAGAAAGAGAAAAAAGTCAGCTGGCGCCGTATTTTTTATCAAACCTAATTGGCTAAAGTAGAATTGCACGTCAGAGCTTACAAATTTTTCGATATCTATAAGGGGGTGGGGGGAAAGAATATGTATGCAATGTCAAACGCGTAGGAAAGCCAAGCTCAATTACGCGTCTCTTTTATTTTTAAACTATCAAATTGCCGCGCATGCTAGATGAATAAGGAAAAAAAAAGGGGGACGGAAAACATTGCAACCAACACATTATTCTTTAGCGGCTTTTTGTGAAGAAGAGGAGTTGCTTGCTCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:526888-527415

ACACGGAGAGATCGCGGTACGTCTGGTTGGTAGCTCAGTGACGGGCACAGATAGCGACATTTACTGATACAGAGACAGTTACGAAAGATGGAAACACATGCAGAGAATGTGGTCTATTCCTTATTCTTAAGATCGGCGAAGCTAACAGAGTTAATGCTGGGCCATAGCTGGACGGCAGAAAGCACGCAGGCAGGGGGCCTCTGCGTAGGGCGGGAGACGCCTCCGTAAGGAAAACGGCGCGGGAAGGGCGGCTTCTTACTACATTTTTTTGCCACTCCGGAACTCGCGCAGGGGGAAGACATATGCCCACTTTGGGAAATAGAAATGGTCATTTTAAGCTCAAGTGAAGCGAAAAAAGGAGGTATACTCCTTTACGCGTCACCCAATCTGGATAGGCACGTCAAACTCATTAGGTCTCATCAAGAACTAGTGTAGAAATGACGCTTGAACTCCGAACTTTAAACAAAGTTCTGTTTTTGTTTCTGTTTCTGTTTCCTGTTGCTGTCTCTGTTTCTATTTTTTTCGTAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:529420-529571

ATATATTCCCCTTCCTTTTTTCTTACAACTGTTCTTGGTGTACTATTTCATTTTTTCCGTCCTGAATGATAGATGATCATAATTAGTGAAAATTTTTCTTTTCGCTGCAGTGTTTAAAATTTTAATTATATCATCTCATCTCATCGCGCAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:534787-534938

GTTATATTAGCATACCTTCATCATGCAATATGAAATTACTGAAAAAAAAAACTAAAGCATCGCGAGCTTACCCGTTTCGCCACTTCTGTCAAGTGAAAAAACACGTTTGCATTGTTTAGGCTACAAGGTGTGGAATATCGAAGTTATTGCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:538448-538557

AGACTCGTTATTTGTGGTAAAAAGTGATTCGTCAAACATTTCATAAATTTGTCCGACCTTATTTTCATGCTCTAGAACGACTCTTTGCAAAGCCATAATTCTTCTGTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:538936-539149

TCGCTATTAATCTCTTGCCTGCCTGACTTCTTAGACCGGATAATAAGTAGCAACTTTCTTTTCAATTTGCCATCGGATTCTTTTAAAACTATTTTTCAGGCGAAATTTCATTTTTCTATCCTTCCGCAGCATGAATGAAAAGTTCAAACGCGTCCAAATATACAATAGATATAGTGCATTAGTTAATGTCCGGAAGAGAAGTCGCAATTGTTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:543926-544049

TCATTGTTTAGATCTCATTATTGAGAAAAGTGCGTTGCGCGTAAGAAACAGAATACACTTAAGGTGCGAAATGACGGAAGAAATACGCCATTTAAAGCCTTCCAATACGAAGCAAAACTTCAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:544372-544515

TCACTAACATCAAGAGCGCCACTTTTTGGCAATTAAACTAGACTTCTGGATGGCGCTAGCCCATTACCTACAGTACTAAAGATTATTTGCGATATTCTGATAAAGAGCCTTGAACTTCTCGGGTGACCCCCTTAGCGTTTATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:551796-551959

GTTGCATCTTCCCGGTTTTTCCGTCTTTTTTTTAAAGGGCCCCTTTTTATCCCCTCTAACGCCTTTCGCAATCCCCTTTTCACTCGGCTGCAACGAGCGGGGTTGTAAGAGCTAAGCTTTCTAGCCTAGCAATGAAATAGAAGGACAAGTCAGACGATTGACGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:566896-567103

TTTCCCGGCATATGTGAGCTTCCTAATAGACTCTATTTTTATTTTTCCCTTTCAAAGTGCGAGAGAAATACACACAACCAGCCTACGCTTATTTTCACCCATACCGTCATACGCCATATGATATATAATGTGAAACAAACGCGGGGAAGAGCGCGACACGACAGCTTAGCAGGGGCATTCCACGCAACACCTGAAACTTTAAGTAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:569198-569328

GCATATCCTTTTCTTCTCCAATGCACTTTTATTTCTTTCCCCGCAAGCATATTCGGCCCGGATCTCGGACTTGGATCATTAACCTGAGGACAGCGGCTAGTAACCGCTGTCGCTCATATGGAAGGAGAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:572406-572574

CCCATTTCCCCTTTCTTTTCCCTTTAACATGTGGAGCATAGCAGGCTCTTTACTTTTTTACGCATTCAGACAGTCGGGAGGTCAATTGGTGGTGCCGGTTGTGGGAAAGAGGTAATTTTATTTCCTTTATTGGACATGATTTCAATAGTCACATTGGGGCAGGAAAAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:576048-576284

ACGGCAAAACCTCGGCGGGTTTTCGCCGCTAGCTCATATATTCTTTCGTTAAATTTTAAAATTTCTTATTCTAAATCTTCTTTACATGTTTGGAAAGAATTTATTGGAGAGAAAAATCTAGACCTGCCAAGCCGATAAACGAATGCCTGCGAAGAAATAGTGTAAATATTACTCCTGAAGGTAGAGTCATCTAGGCGGAGACGAAAACAAAGTTTAGCTTTTCGTGAAATTGCCCAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:582923-583027

GTACGATATGATTGGCCCATACTGCAAGACCGATATAAAGAAAAATAGACAAGTTAATGCTATATACAGGATGTCGTTCTTCAGCGGAGGGATCGCGTCATTACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:585841-586374

GCACAGAGAATACAACAATAATGATGAAGGCACACGACTGCCCTTTCCGGGCCACCTGCAGATCTGTAAGGTAGTTCAAATGACGTTCTCGCGCGGGTTTCTTACTTATGAAACTTTAGGGACATAAGTCGGGAACCTGATGCATCATTCTTTATCTTGTTTTTTGTTGTTGTTTGAGTTTCTTGTACAGAATAATACGCAGAATTAAAGCGGAAGTTAAAAAACAGATCGTCTTGATCTGCCCTCAAAACCAGTATCCACTGAAAACCTTATTTCCCACCGTAAATGGCAATCACTCGTAGCTCAAGGTGGAATGCTCCCGTAAGGATATTTCCTATATGAGATAGTCCCGATCCTGAGAAGAGGGATCGCCGTCATTTTATTCTTTAACCCCGAGAAACGGCATCTCTCACCTGATTGTTCTCAAGATTGCTGCAAAACCCAGATATACTTTTAGGTACGGAGCGTACGCGATGTATATGGATTGATTTTCACATGTATCGTTTATGAGTACTTGACTGCACCTCGTGTCGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:587389-587505

ATTTATCTTTTTTCACAACAGGTGCTGCTTTTTCCTCACGTATGCACAGAATGCAAAGTACAAGATTTGTAATACGCGACTCCGCGCAGCTGTACTCTACTCCCAAGTCAGCGGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:591244-591440

ACTGTATCTCATGGCAACCAAATGCCGTTCATATTTAGGGTTTCAGTGGGAAAAGATTTCCGGTGCTTTACGCTCCTTGTACAAACAAGTGCTGCGAAACTTTCTGTGGAAATCGTGCCTTTTAAACCATTAGTGAAGGCTCCAGATAGAGTTGTCACAGAAAACAGCGTGGCGGACTTATTTTTTTGCAACGATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:593959-594283

ACTTTCTACTCATACCAGTCAAGTTTTTGATATGTACTTCATTAATTAAAATGATCGATATATAATCGTTCAGTACGACAATGACGATATTCACAGTACTACTAAACTAGCGGGTCCCCGGCGCCCAGTCAGCCTTTACGAAGAGAAAGGAAGAATGATATGGATATGCTGAAAAGTATTTTGATACAGAAGAAGGGAGTTTTGAGTTGTCGGGCTCATCGTGCTGGATCAAGTGGTTCCCTACCTGGCGCGATCTATAGTGTCAGACGGCTTGCATATATGCTCACGCGTTCGGACGCGTGAAAGGCTTCAACTGAAAAAAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:607412-607601

ACTATTAAAGAAGCTGTTCGCAACTCACAAAAAAAATAAAAAAATAAAGCAGAACGAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAACAGTTAACTATTCTAATTACTTAGAATCTTTAAAAGTCTTACTGTAATTCGATCAGTGGAGAAGGAAAGCGCACATGTGATATCTCGCAATTTCTTCTCAAACTACCTTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:608204-608760

AAACAACTCCTTTTCGAACAACTTGTAATTATCCTACGCTTTTGCCTGAGGTCCTTTTTAGCCATTGACAACAAGCAAGTGTCTTTCTGTATGAAGTAAACCCTGCATAAAGTTGTTTTTTGCTGCGTCAGAGGGTTAATGACTTCGAAAGACCCTTTTCTCATATAAGACGCGCCACAGAAGAATGCGCACGACAACGGACTATTTTAGATTATATAATGGCGCGTGTGATGCTGCTTTAATCATGTTGCATAGACCATGCAATTACACTAAAAATATAAAACAAGGAGCCCTGGACAGAACTTGGTAGTGTGCAAACGAGTAAGTGAAGATGATAGTACATTATATACGAAGCTCTTAGTAAGCTCATACTAGATGCGAAACGATGGATACGTCAGAAAAATAACAAAAATAAAATATAATCATTAATGATGTTTTAACTCGACAAGCCCCTTTCAGAGCTGCCATTACCCTAAGAACCTTGCAAAGAGAATAAACTTGAATTTCGTAAAGTGCCACGAACAGTGTCCATATTCTTACACGAGATATTCTGTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:610075-610312

GATGCTAATGCAAAATGCTATATGCTTTTAACGACTGTTTTGCAATATACCCTTTTACGTTTCTGGTCGGGATTTCGGATGCATCTTTATTTTCATCTTTCGTGAAATGCGATATGTGGCGATCGCCGGAGGAACGGCCCCCAATCTTCGCCACCTTTTTCTATCAGCATCGGTTGGTTAGTAATCTCGAATCACATGGTACCTCTTTCTTCGAGGAGTGGTAGCTCCTGTACGCTGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:614561-614802

TATCAATATCTGTGCAGCACAGTATTTTCCTCTCTTAAACTTAATATTCACTCATTTGTTTGAGATCTTTCTTAATATAAAAACTGTGTTAAGATCAAATTTATTACCCGGATTGTGAACGGCTTAAACAACGAAGGGATACCGCAGGAAATGAGAGGCCCTTTCTTCTCTGGATGGCAAACAGTTCGTGCTATCAAAGTCTGTACCAAGGTTATTTCACTCTTCAAGCCAGCAATAACTAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:615083-615270

AATTTATTTCCTTTTTGGTATAGTCTTACTTCCAAGTCCAAGCAAGCACTACGTATCACGACAAACCAACAGCCGCGCCGTTTTTATATTCGGAAAGAGAATTCTTGTCGTTATTGAATAATAATAACAAAATTTCTCCACTTTTCACCATATTACCACTCCCTTTTTTTCAAGTAAAAAAAAAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:621446-621656

TAGCCAACATCAAAAAGTTGTTTGCCGCACATCATGTAACCGAACTTTCAGTACCACAAAAACTAATATGCACGGCGCTTGAAAAGTGCTTTAATTTTGTAAACTATTTTGTTTTGTAAATTTCTAGGCAGTTGAGGCTACCGTCGTGACCACAGAAAGAAAACATCTTCAAAACACTTTAGTGACTGTCCATATAGCCGCCGAAGTTAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:621929-622019

TCGTTTTTGTTGTCATTGTACACTTCTTTCATTTCTTTTCAGATTTAACTTCTCTGTCCGTAGTCGGCAAATAACGGTCCTTTAAATGCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:622700-623394

TACATTCTAAAAGTAAGAGACGAAGACAACATTATAATAATTTTCTCAAGACATATATGTTTCACCGGCACGTTTTGTTTTGTCCCCTTTTATTTTGAGCCTGAATACTATGCTTTATAAAACTTTAATGCGCTCAACAAGTGCACCTTCCAACGGAAAAAAAGAAATTCAACAGGGAGCGATGCCATCATCACATGCACGTTTTCAAGTATTTATAAGACTTGCTACTTGCTCGTCCATTCATGACTTTAATGAGGTTCTAATTTATTGGTGCAACTCTTCAAACTAGCTGCCCAATCAGTGCTGGAATGAGTGCCAAGACAAGCGACAAACCCTGTCAATCTCCTGAAAAACAAAAATTAAGTGCTTGAGAAGACCTTCAGAAGAGTTGCATAGATAGGATGGGTGAGCGCAATTACTAGTTACGCAGTAAGTAGGTTATATGGCTGCTGGAGGGGCAGTACTGATTTAATCACAATCCGGATTAAACTTCCTCCTGAAAAAAAAAAAACTACATCAAGTCAAAAGATTTTCATTCACTCTTTGGAAGGCTGTGTGGCATTCTAACCTTTATTTTTTTATCACCATTCTCGAATTTTCGTGGTTCGCTTTCTTAGCGCCGTTATTCTCTCTTCTTGTCCACGTCAAAGGGAGTATGCGTAACCCCTTTCAAGGTTGAACGAAAAAAAAAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:627425-627757

TGTGTTGTTCGTAGCAGGACCACACTTCCGGAATTATATACATTTACATGTATATAGAGAAGAAAGCTTCGGCGGCTAAAGAATAGAACCATCTATTACCCGCTCGCCCGGTCGTTTGGATGCGTGGGTGGTATAGTTTCTTTTTTTTCATTTTAAGGGATACCGCTCCCCACGTACCCCACGACCAGCCCTAGTGGAATAAGAAATGCAAAATCCGGGGTTGGCGCAGCGATTCTGCACGGCCAAACCCTGGGCTTCTTTATTTTGTAGATCTGCCAAATGATGGCTATGCCTTACTCGGTATCACATGGAAAAGACCCCCGGCTTATTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:631321-631419

CGAACTAACTTTTTTTTTCGTGTAATATACGTAGAATATATGTCTTTCGGCTCATCGCAAATTGTAGCACCGAAAAAAATGGAAGACGATAATAATAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:639085-639472

AAGCCCGGTCGATCAAGGCCATAAGTCATCTTCGAGCTGGTTAGAATTGAAGAAAAAAAAAAACTTGATAAAAAATTTCAAACAAAAAAATTATCGCCTTACACGGAAACGAATAGATTTACTTATTACACAAGAGAGAACAGTGATTATAAGGAAAGAAAGAGATATATACAATATTTCCATCAAAGACGTACGCATCACGGCGTTCATATAAGTATATCATCGGCAAGTCTTCACACCTTTCAATACTTAGACTTGTTCACCTTGAGTGATCCTGAAAAAAAAAAATGATGGCCGCGTTTCGAAGAAAATAAAGAAAAAATAAAGCAAACCTCAAACAAGAAAACAAAGCGGAAAATGGTAAACAAGAGAGATAGAACAGAGTAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:641280-641883

TCTCTCTTTGTCCCACCTGTTCAAAGACATTTGGTAATCAGTTTGTCAGGACAATAGTAAACAAAAGTGCGCAAGTACACATGCGCTGCACGTGCGGCCGGAACAATGGCGCTTTTGGCTCGTCCGGATGATGCGAAAGGGAAAATAAAATCTCGCAATCGGAAAAACACTCGCGAGAACCAAAACAAGGATCCCCTAAACCCAGTACCCGCATACGGTTCTCCCGGGGAAAAGGGGGCGGAGGCCGGACGATGAGTGTTACCCGGATAGGACTACGGATCGCTTCGCACGTTTGTTTACAATTGATGACTGCGCTCCCCTAATAGATAAGATAAGCTCGCGAAGGCAGAAAAAAAAAAGTCTTCTACAGCAGTTGGTCCGCACAGACGATGCCAGACGGTGTTTTATCGAAAATTTTTTTCGCATCATAGTGCCATTTGTGGTCATTATTATTCCCCAAATATGCGAAAATAGTACACTATTTTTGGCAGGAGAGTAGGCTGATATGCCGCATTGATGTCCTGTGTAGCGAAACACAAACAAAAAAAGAAAAAGTAGGATGAAAAAAAGAAAAGTAATATGAAAAAAGAGTGAAAAATTAATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:643517-643679

AATAAATTAACTGTAATGACATAAAATAAGAGGCTGCGACAGTCGAATTTTTTCTTTTTTTTTTTCTGCAAAGCGACGCTGTGTTGTATATTGCTCTAAAATAATTTTCTATTGTTTTCCTCATGCCATTACCCTACCTACCCGTGCATAATTACACGAGGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:645048-645809

AAGGTCCGTAACGGCGACGTCAACGCGAAACAAGAAAAGATCATTATCCAAGTCGCCTTGAACGACATCACTCACGTGGTCGAGCTTCTACCAGAGAGCATCGACGTTCTCGACAAGACTGGCGGCAAAGCCGACATCATGGAGTTGCTGAACCATTCAGATTCTAGGGTGAAATACGAGGCCCTCAAGGCCACGCAGGCAATCATTGGATATACCTTCAAATAAAGATATAGAAGACCGTAAAGTAGTAGTGGGTTTGAAGCCTAAATAAGTAGTTTTGTACGTACTATTATTTTAAGAGAAGAACATCCATAGAAAAGAAAAGAAGAAAAAGAAACGAACCAGAAGAGGGTAGCAGAATCAGTCATTCACGCACCCGGCCTGCGCTGCGTGCACCGACTGCGTGCGTGCGTGATTGGTAATGCAGTGAATCATGCTTTTTCATGACGCCTCCTCCCCGCCCCTGAGCCTTCGGTGGCCGCCGAAGTCGGGTATTAATGGGCGCCCCTTTCCTGGTGTCCGGGAACCGCCTGCCGAAAACCACCCTCCGCAGGTCCGCGGAAGGTGGGTGTGGCTGTCCCCGCGCAAATCCGAGATCGATTCCGCGGCGGGTCGGTCATTCTTTTCATTTGCGCGCTAATATGCGCTGTGACTGGCGGTTAGTCATCTGCGTGATCAATCGTTGTCATGACGCTCTATAACGTAAGAGAACTTTAGAGGGGGCTCAATTAGCATGAAGAACAGACACATATATAAGGTCTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:646287-646355

ACTTACATTCAATAACCTCGGATCGGGTCTCTTCTACGACAGAAACTTTTTGATATATACATATTTATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:646899-647270

TCATCTATACCAGACTTCGCCTTGATTAGGCCCGGCGTAGCGATGGATAGTTCATTAGACGAGAAAAACATCCACAGGCCTATGATTCCTAATGCTGCAACTATTCTGATGGCATGGCTTCTTTTGACTATCTGTTTCATCCCTTCGTTCCTTGCACAATCTGTCCAGACTTTCCTCTTTACAAATCACCAGCCTTCCCGTCTTCTTGTCTTCATCACCCACGTTTATTGTTTAATGATAAAGCCTTTTGTCCTTTATTTTTGGTTCCTTTTCCCGCTTCGTTTACCCGGTGGTTAACCTTTCTCTTCCATCTTGTAATATATAATAACAAAATGCATCACCATACTTACGCACCCCATATACATGACCTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:648396-648539

TACGTACAAATACATACACGTCACATATACATAAGCTCCGGATACATCATACAAGAAATGATCTTAAAATCATGCTCTTACCCGTTCTGTAAATAGTGAAAAATTTTCATCGCGAAGTATGAACGAAAAAAAAAAAAGAAAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:653792-654115

GTGCCATTCAGCAGTATATGCACCATCGCTTGCTCTTTCGAGGGGTGGTTTCATACTATTTCACAATTTTTTTACTTAGTTCTTTTTTGGAACAACAGCCGGGTTACCAAAAGATCTCAAACGAAACTAAGACTGTTCAAATTTTCAAAGAATCCGTACATTTAGAAATTTTTTTTTTTTCCGCAAGAAATATCCTTGCTTTTTTTCACTTTTGTTAACTTTTTCTAACGCAACGCACGAGGCGGCTCACTCAGTGTTATGTGAGATATTGGGCTATATGGGATGTTAGAGTTAGGTATCATATATAGTATTTGGCACGCCTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:656544-656787

ATTCTGCATAATGTTATTGGAAACTCAACTACTCGCTGCCGAACGGTTCCTACTCCTTGTATTCTATGGTTTCTTTACGAGACAGCCAAATCTCTATTTTTTGTCATGTTCAGTCCTTTTTTACTCAAAAATTCCAAACCGTGAAGGATGATGCATGTTGACAATAAATGATAGCCGTCATCACATACAGTGTGCAATATCTAGATACTTCTAACCATTTCTTCCTGTCGTGGGGAGTTCATAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:657357-657483

AATGCTATTTATATATTCAAATAATTTTAATACTGACAACGCTAATAATAATAGTTACTTAATTAAGGTTTGAATCTTCGAGAAAAAAAAAAGGTAGGAAAATTAAGGAACTACTCACAAATTCAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:658977-659085

GCTGTATATATCTTGTAAATACTTTGTCAGGTTCTTTGTATCACTTCAATCTATGTTCATCTATCTATCTGTTTTTCTTAATTACTAAGCATTTGCGGCAATGCGATGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:664816-664912

CTACCAAGAAACCGGGTAGCCAAAAGCGATAAAAAGGCTCTCCATGGCAAGCCTTATTAAAAATAATAATCATGAAGAACAAAGTTTCACAAGAGAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:665400-665543

TGAAGGGGACGCCTTTAAACTGATATTGCCGTTGACTGAAAAGAGCTGCACTCGGTCTACGTTCCTAATGCATGGCCGGCTGGCCACATAAAAGGAAAAACACTCGATGATGATAAAATATATATTAATAATACAATTTTTTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:665832-666255

AATGTGATATCTGGATTTTCAGAACGAACAATATCTCTGTTTTCGTTAGCGAAAAACATGTAGGCGGACAAAGCCCTCTTAGGGGCATTTGGGTCCTTCTTCTTTCTAGTGGTTCTCTTCTTAGGTTCTCTTGGGGTGACCATTGCGACTGTGCTTTACTATGTATAGGGTAGTCAATTGAGCAAAAACAGGAAAAAAACACGTCCCAAAACAGTCCTTCTTTAACAGTCGGTACCAGTAATAAATACTGTGTTGTTTGTTTGCCCACCGCTAAATAAACGAACGGCGAAAAAAATAGGCGGCAAAAGGCGGGTGATTCGAAAAGTATCGCGCGCGACGAGGCGTGAGGGTAGAATTCGGCGCCACTAATTTGTGACACTTGAACAGTATTTAACGTCGTGCGATACATCATATCGATAGAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:667440-667571

TTTATAGTAACCACTACACAAATAGGTATATCATGAAGTTATATTCTGACCGTAACAATTCTTCTTTCTTTGACGTAAACTTTATGGCGGGTAACGCTCAAATAGTTTCTTGTTAACCATTTCAAATAACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:670962-671061

TTTTTACAATATTTTTCACTTGCACTTTTATTTTATTTTCAGCGCGCAGCTCGTCTTGTTCTGTTGAAATTCAAAGATACCTGAAGGAACATTACAACAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:672263-672458

AAGCTTTTGATGTGATTAGCTTAAGACGTTGTGTCATCTTTGAACTGTTTTGACTTCAATCATATCGAATTTGATAATATAACTATCTATGTACTGTCTGGGTGCATCGCTGTTGTTGCTTCGGTAGATTTATTAGTTCGCTTTGGATAATGTATCATACAATAACATTGCCAACATCCATCATAACAGAAACATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:673536-673612

AAAGTGTTATTACTTTGATTGACTCATTCTTACATTTACTGATAGGCCGAAGATAAGCGGCGCCCTAAGAAAACTCG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:675740-675816

TTATAGAGATCCATTGAAAATTTACGATAAAGGAAATGCAACACGAAGTTTGAAAAAAAGTTGATATTGAAAAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:676903-677143

TGACCTATGGTGTGTAGATATACGTACAGTTAGTTACGAGCCTAAAGACACAACGTGTTTGTTAATTATACTGTCGCTGTAATATCTTCTCTTCCATTATCACCGGTCATTCCTTGCAGGGGCGGTAGTACCCGGAGACCCTGAACTTTTCTTTTTTTTTTTGCGAAATTAAAAAGTTCATTTTCAATTCGACAATGAGATCTACAAGCCATTGTTTTATGTTGATGAGAGCCAGCTTAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:678381-679548

GTACCATGCCCATTCTGCTCAAGCTTTTGTTAAAATTATTTTTCAGTATTTTTTCTTCCATGTTGCGCGTTACGAGAACAGAAGCGACAGATAACCGCAATCATACAACTAGCGCTACTGCGGGGTGTAAAAAGCACAAGAACTAAGCCAAGATCACAACAGTTATCGATAAAATAGCAGTGTTTGCATGGCCATTGAGAAGGACAACATTGGCGTGCGCGCCAATGTTGTCTCACCATGTAGCTCCAAACGAGTTGTAAGAGACGGACCGCTCACGCTTCCGAAGCGGTCAGAAAACGCTTCCCAGTATGCAGTTGACCTACATTCAACCTGCAAATATTGCTTTGCTTCAAGAAATGATTACACAGACGTCTATTTTCTTCTACATAATGCACGAAACTTGGGCATTTAGTCATGTAGCCGCCTAGCGAGCCTGGGTGCCGTCCTATCTCCTTTGTTCGTGCAAAGAGACAGGAACACACACTGCGTTCTCTTGCGGCCGGTCTGGCGGACTCAGGGGTGCGGCGTTTGCTTAACCGGAGGGAATAATAAAATCGGGGTGACGCAAGTATGAAGTCATGTGTGCTTAGCAATTACGTAGAGGGATTAGAAATAATAGTGTGCGGTTATCGGAACCGGCTCTTGTTCCCGTTTAGAGCAACCCAGGTGCAGGCGTACTTTAAAGTATTTTCTTTCTTTTTTTTCCTGCTACTTACGCTAGGAGCTGCCGCAGCTGCAAAGCCGACGTCGGAGAGGCAGGTGATCTTCGGCTCGGCCGACAAATCCCCTGGATATCATTGGCCTGTCGAGGTATCGGCCGCGTGGAACTACCGGGAATTACTATGCAAAACAATTGGAAATCTGGTAGGAAAACCTTGTTCTAGAACTTGGCGATTGCTGACAAAGAAGAAAAGGGCCTATTGTTGCTGCCTCTTTTGTTGTTCTTCCTCGTATTGTCTTGCCGGTGTTCTTTGTGTCTTTTGTGTGTAGGTTCTTACTATTATAGTGCTCTTTGCTATTATATTTTCTTCGTTTTCACTTTGCGTAATGTAACGGTCTTAAACAAAGTTTTTTTTTTTTCGCTCTTGCATTTTCCTTTTCTGCTCTATCTTATTTGCTAATTGTAGTTTCAGAAGTTTTACTTAAATATAGCACTATTTTCCAGTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:682025-682128

TAACTGCTCAGAAGGGTGTTTTATGTACAGTTTCAAGTTCGAGCGGTTACCCGACTGTACTGTTTGTTCAAATTCCAATTCCAACTAGTATTACTAATGAATAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:685478-685879

CTACTATGTGAAGCGTACAAGATACTAAATTACTAAGTCAGTTTTATATCACAGCTATTCCTTATCTCATGCCAATAGCATTTTTAGAGAAAAAAATGAAAGGTGAAAAAATTTTTTTTCTCAAGCAAAGAAATGAGGAGTTCCTGAAATCATGCAGGTGCAGAATATTGGTGTAGAGAATCGCGTTTGTATATTGTCTTAATCCTGTACTTACGAGTAGGTATTTGATGTTTTAAAAATTGCAAATGTACTTTTTGCGAAATCTTGCAACATTTTTTTTGTCAGGATGTAATTGCAACTAATTAATTTTTCAAAACTTAAAATGAAGGTTACCTATTAAGGAACGTTTGTGTTTGAAAAAGAACTCCTAATCAAAAGCAAAGAAAACATAGAACAAAAGCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:687878-688107

CGCTAGATAGGTAGATAGGTAGGTAGGAGGAGGTCGATATTATTACTGCATATATATATTTTTTTCCATTCTGCGTTTTCTTGCTGCAGCGTATTTATGTATCAAGATCCCGGGGCAGCTGTAAGTGTACTGTCTAGAAAATAAATCAGCAGGCCGCTTGCTACTTCAGTAAAAAAGAGAGTAGAAACTGGAAATTTTTTTGGCAGTCAAAAATTTAATATATAAAAAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:689794-689945

CTTGTCTAAACATACCATACTTTACCCATTTTTTTGTGCTTGTTATATGGCGCCATAAATTGCTCGAACATGGTCATGTGATGCAAAACATTGTATTACCCTTCTTTATTGATTTTTCGACAATCCACCAATTCTAACTACGAAACTTTTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:695034-695620

AGATTGGGAAAGAGTTTATATATGAATCATGCCTACGATCGTACCTTCTTGGCTTTCCCAAGAAAATTTTTCATCTCTCGAACTTCTCGAGAGATTGCGAACGGAACGGCAAACGCCGCCGGCATTTCTCGGAAAGAAGACTAGAAAATAAATGACGGTGGGAAAAAAAGCAAGAAGCTACGGTTACCCGCAGCGGCACTATAGTAGATGGGCTTTTAAGCCCGTTTTCAGGGTCAGGTAATATGTAATGTAGTAGCACTTAAACTTGCTAACCATAAATGACCAAAATGCAAGTTTGCTGTATTTTAGTCCCGTTGGCGTTTTCGGATGCTTCATTCCCCAGAGAAGTGATGTGTATGCGAAAAATGTCTCAATGCAGCTTTGGCTGCTGCGGAACTTATCCGCTTTGTAAGCACATCTTGTTTTAATGTGTATGAATTTTTATATTTGGTTCGAAAATTATGACATTCGGCCAAGAAACTTTCAGAGGAGCTGTGTATTAGCAGATGGTAAGCGCACGTTGAAAATGCTGAATATTATTAATTTAGACATACCTTGATGGCTGAACAGTAGTCAGAAAATTAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:696891-697084

AAGCAGTGCAACAATAGCGCACATTATAATCATTTGATTTTAAATTCACCCCAGGACAATGGGGCATTATTTTCTGTTGAGAGGGTAACGCGTTGTTTATTGAGAACTTAACGCGTTTCGATTTCAAGAATGCACTATAGTGCGGAAATGTAAACAGAATTTATTGATACTTGGCATTATTTGAATTTTATTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:697361-697485

AGTGTGTCCCACACTCGTGGCACGTTTTCTTGATTTTTGTCGCCAAAATTAGCACTCTTATGGAAAATACGGAACATACCACCGCTGTTATTTTTAGAACTACTCTTTTCAGAGCCGAGCATATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:698632-698701

TACTTATTCACATTACTGTCACTTTGCGGCTGTATTTGGCCGCGTTTCCCTTTCGGGTGCAGGTACAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:700043-700537

CAATGCAGTAGATATATTTATGCATATTACATATAATACATATCACATAGGAAGCAACAGGCGCGTTGGACTTTTAATTTTCGAGGACCGCGAATCCTTACATCACACCCAATCCCCCACAAGTGATCCCCCACACACCATAGCTTCAAAATGTTTCTACTCCTTTTTTACTCTTCCAGATTTTCTCGGACTCCGCGCATCGCCGTACCACTTCAAAACACCCAAGCACAGCATACTAAATTTCCCCTCTTTCTTCCTCTAGGGTGTCGTTAATTACCCGTACTAAAGGTTTGGAAAAGAAAAAAGAGACCGCCTCGTTTCTTTTTCTTCGTCGAAAAAGGCAATAAAAATTTTTATCACGTTTCTTTTTCTTGAAAATTTTTTTTTTTGATTTTTTTCTCTTTCGATGACCTCCCATTGATATTTAAGTTAATAAACGGTCTTCAATTTCTCAAGTTTCAGTTTCATTTTTCTTGTTCTATTACAACTTTTTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:704002-704138

AAAATGTTCTTTAATGTATCACATTTATCGTTTTTCACTTTCATTGTCTAAAAGAAAAAAAGGGTTGCAACTACTATCGCAGGTTCATAAATTAGACCTCATACGAACAGTTCATCAGAACTGATCAATATGCTTCG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:704629-704842

GCAATTGAGGCAACAAAACACTAGCCATCAAAACTTGACTTCTTACTCTTTCTCTACGTACTATTTCTATCCGATGATCGAATTTGGTATGTAAGTTCTGTTTTTCCACTTTGCGAAGCGGTCATTGGCCCAAAAGAAATACAACGAGTCATCTCCTCGCAGTAAACTGTACAACAGCAAAGAAACAGTTAAAAACCCTCCAGAGAGAACACTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:709875-710052

CACCCAATTTATGCACGTGCTTAAATAGTAGTTTATAGCTTAGTATCTCTGTATTTCTGTCTTACTCATCACCGTTTCGTCTCAATATTTGCTTAAAAATCGAAAAATTTTGTTATAAATTTAGTTAAAAAAAAGTGAAGAGAATAATCATCACTTATAAAGACAACTTAATAGACGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:711411-711587

TACCGAATTGTTTTGCCATTTGTTGCATTTGTGGATCTTGCATCATTTTCATCATTTCGTTCATATCAGGCATTCCTCCGCCCATTCCTCCGCCCATTCCGCCACCAAACATGTTCATCATATTTTGCATTAGACCTGGATTTTGCTTCAGCTTTTGTTGTGCCTGCTGCATCATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:713059-713275

TTCCCTTCTCTTCTGCATCCTTGCTGTTCAACCACTTTTCATTATCTTGTTTTACCACTATTTTTTTTCACTTTGTTGATGTCTTTATCGTTAGCGGTGATTTTTCGATATTGAGATGAACGAAAAGACCATCATACTATAACAATATGGGTAGTGACTGAAGTATAGGAGAGCCGCAATTGCCGGTCTACAGAACTCACAAGGCATTCGTGAACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:718541-718645

TTATACAAGAGGGATTTACGGAGAAAACTTAAGTGGGAGAAAACTGAAAAATGTGCCATACCAATTAGGTGCAAAAATGAAAGATCTAAAGGGAAGAGAACCAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:719313-719580

CGCTTAATCTGCCTCTTTGTAGTGCAGTAGCACTCACAATGGTGCTATATTTGAGTTTGTTCAACTGTTTTCTATTGAAGACGAAGAAGCAAACAAAGGAAGATGTGAAAAAAAAATTCTATGGGTCAAACTTGTGCTTTTATACGTCGTACGAGAGATGGGTCACCCGCTTCTGAGGGTTTTTTTTAGGGCTCATACTAGAGTATTATACTGTTTATATCTTGTTTTAATGTTATATTGCATTACTACTCATCATGACAGTAAATTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:726367-726466

ATGTGACAAGAACATACAGCGACTTCAAAAAACTATCTCATGATTTAAAATCAGAATTTCCGGGGAAGAAATGTCCGCGCTTACCTCATAGAAATAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:729578-729723

TATCATCAAACAACTCCATTTAACTCCCTTAAATAATACTATTCTTTTCTGTAAGTTTATCGCACTATACGTTACGGTGCTTTCCGTCTTTTTCGGATGAGGGATGCTCATAAGAATTACAACAAATCATAAGCCCTGAGATAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:730304-730424

TTTAAAGTCAATTTTGCCATTGTTATATGATCATGTCCTGAAATATGACCTCTTGTATTTGGTTACCCGCTTTACACCCTGCAAATCACACTAGTCTAATAAATATGGAATAAGACTGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:736796-736935

TCTTCGTAATTTCCAGTTAATCGCAACGTTCAGAATGATAGTATGGCGCTATCATGTTGTGCTCTTTCATAAGAAAAATAAGAAATGTATTAACAGTCAAGAGTATGCAGAAAAGGTACAACAGCCAAGATTATGTTTGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:739642-739994

TGGTTTGTTTTCTATGTTCTATCTCTATCCCACACTTTTTTCACAATTCCTTTACAGGCGAAAATTCAAAAAAGTGACGTAAATGGAGTTCTAAAAGCTAAAGCAACAAGTTAATAAGGTTAGAAGATCGTAAATGTGTTTCAAAAGTTGCTTACCTCCTTCACTATATCTCAGCTGCTTGTATAGCCTATGACGAAAATTTATGTTCCCTAGCAAGGATATAATGTGTCAATCAACATGATCGCAAACCAGCTAGATTGTGATGTATGGGTCTATCTTATTGTTTATTTTGACTAGCATTGAATAAACAAAAAGCGCTGCTAATAGATTCTTGCCTTTATATAACGGGGATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:742207-742333

TTATAGTGGACTATTGTAATAACACTTGTTTTCCCCATATCATAACCGACGGCGCGTAAATGCATGCTCAATCAAGTTTCCGAATAAGTTAAGTTTGCCACCCATTGAGGATTAATATACACAAGGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:746945-747057

TGAATCCAAGTCACTATAAACGGAATTAATAAATATTTGCAACATAAAGCACAATGTATTGTAGCAGAAGACAAACGACAAGTATGGGATAATGCAACATCTCTTTCTAATTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:751953-752216

TTAAATCTCAGTTCAGGTTGCAGTCTTTGCATATGAAGTACCGATGAGATGAGATGAGATGAGCTCTAAATTTCCATAAAATTTTTTCATTTTATAAAATTCACGTCGCTCCGCACGTAAATCCCTATTACGGAAATTATTTCTCAATAGGGAAAGCCCCTCCTATTGTTTTTTCCGTCTCGAGGATTTTTCACTTTTAGTATATAAGTAAAACATAAAAAACATGAGAGGTGGTATGGTTTATTTGCCGTCACTGTGGAGCCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:753014-753217

TTAACTTTAAAAGCAGCCTACTCTATCGTCTTGATTATACTTGGCACAACAAATGCTCAAATAAACGAAAAATTTCATATTGTTGGTACTTTTTCTCAACGCGGTTTTTTTCCTGTTTTTTTCGAGCAGTTCCCGAGGGCATATTTAACATAAGCCAAGGAGAGAGAAAAAACGTTTGTTGGACAGATCAAAAAGAAAAAGAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:754453-754666

GACTACTGAACACTTTCAATGCTACTTTTGCCAGAATTATACTATACTACCACACTTTCATGTGATGAAACGTGAAACTCTAATCACGAGATTTAGGGGGAGGTGTTTCATATGCGGATAACGCCGTTCTCGCGCAAGCTGATTTTCCATTGCTTAATAAAAAGGCGAAAAGCCTCCTACATAGAGGATGATGTTGGTTTGACCGTGATTGATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:758403-758606

AAGTATCATCTGAACTTGATGTTATTTTAAAATGAAAGCCAGCGTCCATAATTATCTTTTTCTTACTTGTTTTTTACAGTGGCGGTAGGATTGGCAATGCCTGTTCATCTCCAGTTTTCCGGTCCGCTTACGACATCGGCCTTTCTATAAGACAGGTTGGCAATGCGCCACGGTACATGATGACGATAGGAGCCTTCGAATAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:759545-759681

TTATTCTTATTCAATGAATACAAAACTGGCTGTCAGCGAATGGCATCATTTTGCAATCCGAAAATGAAAAATTTGGGCGCCTCGGGCAGGAGAATTCAGAACCCTTAATCCCGCACATCTACGTAAAATATCTCTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:770715-771106

CGCGTTTTATGCTATGATCATTAGTGTTGATGCATCGGAAGTTTAAAAATTAAGTGCGAGTGCATTAGCACAGTGGAATTATTAGAATGACCACTACTCCTTCTAATCAAACACGCGGAAATAGCCGCCAAAAGACAGATTTTATTCCAAATGCGGGTAACTATTTGTATAATATGTTTACATATTGAGCCCGTTTAGGAAAGTGCAAGTTCAAGGCACTAATCAAAAAAGGAGATTTGTAAATATAGCGACCGAATCAGGAAAAGGTCAACAACGAAGTTCGCGATATGGATGAACTTCGGTGCCTGTCCCTCGAGGAAATAGCAAACTCGTTACAGCTAGCATCTCATAGCATGGGCATAGAGTTTCAGAAATTTTGCTCTTAATGGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:774323-774468

GTGAGCATGAACATTTCCGCATTTTTTATGTCGTTTTTAGAAGCCGCGCCGTCAGTGATATAAGCGTATTCAGCTAGTTTGGGCAAATTTACCTCTTCAAATTTTGCCGCGATGAAAAGTGAGGTAACTGCCAATAATTGTAACTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:774841-774916

TTCTTCTTCTTGCTCTGCTGCCGTTCGATCGTTATATATCTGTCTTTTTTGAACGGCGCTAACAATAGGTCTAATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:775410-775977

CGCAAATGAAGTTCCCTTCGCGGTAGATGGCAGTAGCTATCGGCAGTCACTAGGAAAAGTGAGTTTAGCACAGATATGCTGTGGGCGCTATCCCAATGTGGGCAAAGCGCGTGAACATCACGACGCGCCTTCCCGTTAAATTTTGTACCATCAAGGGCGCGTCTTCACTCGAGATGCGCGTTCTTTTGCTGGTTCTTTTCACTGAGGGCACAGAATATGATACCCACAGTATGACAAGTTTTAATCGAGATAGTTTGACGTTCGTTTTTTACTTTGAATATACTCGTAGTCTTTTTACTTTTTGAGTATAAAAAAAAAATGACTAGCAAAATAAAATTAGTAGTCTAAAAAAGAAAGCTCGCACTCAGGATCGAACTAAGGACCAACAGATTTGCAATCTGCTGCGCTACCACTGCGCCATACGAGCTTTTGAATTATGGTAATTTTGATTATCCTAGAATGTTATATCTCAATATCTCAATATATTTTGGACATCTATGAAACACCCATAAAGCAGCCGCTACCAAACAGACAAGATTCAGTATGTAAGGTAAATACCTTTTTGCAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:785438-786025

TTTACTTATTTTCGTAGGAGAAATGAAGTTTTCAAGCTCGGAACCGTTGTATTGCAGGAAATATTGAAAATCATCGGAATGAATCTTAAGCAGAGATACGGCTCTATATTAGGGTTTTCTTCCCAAGATGGTGAAGGACAAGAAATAGAAAAATTTTGGAACAACGACACAAGTCCGATTGTTCCTCTTCAGGAGCTTCCTGAACCAAACTTTTTCCGCAAGGCCGCATTTTGAACCGTATTTTGCTCGTTCCAGCCTTTCCACGTTTTTGTTATCTAAGCAACTTGGCACATTTCCCTACTATACTACAAACCGATACGTAAATACTTCCCTAAATAGCATATGAATTATTCAGTAATTTTTAAGGATCGAAACTGCACCTCAACTATTCGTTACTGTGGTTATGTTCTCATGTATTGATGCAAATCATGGGATATTTGCTCAAGACGACGGTAAAATGAGCAAAAATGGCACGATCCTGAAAAGAGCACTTTTCAAGATTCGGGCTACAAAATGCAACATAAAAAATGTTGTATTGTCATCTCGAGAGGGTCTTGTATGTTTTATTCCTCTTATGATTAGTTCACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:787664-787823

CTTGCAATAATAAGAGTGAAGTGTTAAAAATGATACTTGCTTGCCTTCATCGAGTTACCGTTGTCTCCCACGTTTCTTTTTTCTCGTTGGACAGAATTGCTTCCGCGCGAACATTTTCCACTTTTATTTGAAAGAGGACATTATTCAGATCGTGTCAGTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:789604-789870

TTTGCCAATATTTTTTTTTAAAGTTATTTCTTAAACTACTCCTCGTGCTGTCCACATTTTTACCCGTTAGTTGTTAGACAAAAAAAAAGCGCAACTATCTCCCTTTTGCGCATCTCCCAAGTCCTTTACCAAATATATTAGAAGAATGACACCCGGCCGAGACGGATGAAGCGGCCGTCTCGGCCGCCTTAGGAAGGGATCTGCGTTTTTGTTCGTTAATGAGGTAATCAAGGGCGTACTTGGTAGAACGGTACTAAGTTAATCATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:792282-792637

TTTTGCACATCTTCTTGCTCTTCTTATATTTACCAATTATCTGAAATAGTCACTCGGACCGAGATGCAAAAATCGGATTTAAAACTCGATCCGAGGAGAACACCAAATGACACAACTTCTATCAATGCAATTGCCCTCTAAGTATCATAGATGCCGCTATTTTAAATGACAGTGCAATCGATTTCCATATTAAATGGATAAAGGTGTTTATTATGAAGATACCCATTACTGACGTATATGTAATGATTCCTCAGTCCAGTACCATAGTCCCGTCACCTTACACGGTGGAAAAATTAAACTGTACCCGCGATTGTAAAGAATAACGTGGAGGCAGTCAGAAAGAACAATAAACGAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:797363-797514

AACTTCCCTTCAAAGAAATTGTGAGAGAAAAAAACCTTCTTGTTACCCTTCTTTGGAAGAATACCGCACATCATAAAATCAAGAAATGAATTCGAAAGTTTACTCTTTCTTTCTAGAGGCGTTACACCAATATTAGCGAATTGCAGTTTCCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:812740-813122

TATCAAATCTGCTAAAACATATTAACTTAACATATATATATAATATATAAAGTATGCCATCGGGTACCTTAACTAAAAAGGGTCATAGCGTGGAAAGCGAGGAAAAACCTCGAGATGGAAAACCAGTTTATGGAAAACTTCAAAATAACTCGCCCGCCTTATCGCGGGCAAACCAGCTACGAGAGATAAGGATTTGGCGCCGAGATAAGGTGGAGATGTTTCTCCGCCGCGCGGCACTTTTTGCCGGAACTGGAACTGGTTTGAGGTAGGTCAAGAAAGTGTCAGTAAATAGGAGTGACAGAAACGGGCACATCTACTCTTCTTTTTCTTGTTTGTTTCGATTAAATGCAATACATACTCCTAAAGACATATATATATAAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:814114-814218

GACAGTATTTCTATTACGTTACTCCAGTCACGTTGAGAAAAGGCTTCATCTTTTTCTTTTTTCTTGAGATAACTTTTTTCTTCTACCTTCACTCAGACCGAGATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:818180-818254

GTATCTCCATTACCCTCTTATTGGAAAATTTTGAAAGAAAAAAATCTAGGATTCGATGCCCATAAGATATAAGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:821587-821701

TTACCCGTAGAGAAGTGCTGAAAAACTTTTTTCTTTTTCTTTTTTTTCGATTTTCATTTAACAGGTATAAAAAGCGAAACACTCGGTACATATATTTTACCAAGACGCGTTAGAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:822036-822437

AGCGGACATCCAGGGAAACTTGCCGTTAACAATAAGTGACCTTGCATGGAAGACTGTCGATTGGTCTCTGTGGAAACCAGTGCATATCTAAATTAAATCTATTGTCATCACGAATGCCGCCCGTGTTCGTGCAACGTGAGCGCAAATACGCCTGGGGTCTGTCTTTCTGCGCTGGAAAGCACCTTCGGGCATCAACTACCGTTTCTTATCGCTGGCACTATCTATCCACCAATCACACGGCAGCAGTACTGCTGCCGTGGACGGCAAATTAGGTACAGGGCCTATGACTGTTATCATTTGGCAGGCTCAGACAGAGAGAGAGAGCACAAGGAAAAGAGCCTTAACTCATGTAACATTTGACTCATTCTGTAAACTGAAAATTTGCTGCCCACTCGAGATGAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:825262-825459

GGAGCTTTTCTTGAGCTCGTTTCTGTGCCACTTTTTGTTCCCGCGGCTAAGCCGCGCAGACCGATAATACTCGCTTAGATGCACATCAAGCCAAATCTCTATAAAAAAATCGACGTTTCCCAAACGACGCTGACCCTTTATTCATCGTTATCAAAAAAAGGCAGCTTTCCAGTGTACTCATACGAGAAGCAATCGATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:827683-827754

GAGATGGCTTGAGCAAAAGACCTTGGCAAAAAAGCATCGTCATGGTTAGATCCCTTTTTTTTAGTGGAACTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:828820-829102

TCTCGTCATTCCCACTTTCCCTACCTTAACCCTTGATGTTAACGCCGTTTCGCTCATCGGAACAAACTATACAGATAATTAAGCTTTTCGGCAGCGGTGAGAAAGGAAGCAGCCAGGAGGAATACGCGGCTTTCTCGCGGAGCCCGATTGCCGATACAAAGGAACTGTTGCCTCCTCCCGGCTATTTCCATAGGCCTTCATTCAGCATACTGTTGTGTAGTTGCATCACATCCTTGTTGAATGAATTCCAACTATTTCGATAAACCATCCCATGAAGGAGAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:829313-829580

ATCGGCCCATTTGGCACACGCCCGTTAGTGACGTTGGTAGGGGCATTTCCCTGAGGTAGGCCCAAGGTTGCTTTAAAAGGTCCATCGCAAACCCCTTGTCCGCGGACCTCTGCGTCATAATTAAAATGCCCAAAACATAAAAGTGATCGCCCCCTCACAGAAACTTATGGGCAGCTTGCTGCCTTAACGGAATTGACTAGAATTGGTTTGATTTTTTTTTCTTCCTACTTCTTCTTCCATTTCCCTCCCCTCTTCCTCATATATGTAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:831931-832377

CCTGAATACCGATAGGTACACTAAGCGTAAAGACCCTACCGTATTCTGGTTGCTATCACCACCCCACTTCCATCACGTCCATACCAGGTGCGTAAGCTTAATCACTCTTTGCTCCCCTGGTCTGCCCTTCCTATTCCGGATTTATCGGCTCGTTCCCCGCGCCCACTGGGGTAAACCGGCTTGATGGCCCGACCTCGGCGGCTAGCCACCGCACCCAGACCACGGTCTTCTCCAGAATGCCCACGACGTAGTAGCGTGGTTCCGTCACCACTATTGGGCTGACACAACACCTGTGCTCAATGCTCAGCAATATATCCTCTATACTACTACTGTCCGCGGGTGCTTTCAGAAGTGTTTGCCATCGGTCGATAAGCTCTTTGTCCTGACGCAGCGATTCGACTGCCCCCGTAAAGTCTCGTTCGTGATCCCGTAGGCAATCGCAGAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:834328-834456

ATCCTTCACGTAAAGAGCCTAATACTCTTTCTTCAAAGCGCTAGATTGTTCTAAACGTTTCTTTAACTATTGTTTTCGTTCGTGCAGCGTGATTAACCGAGCCTCCTTCGAGGCGGGGATGGATATTGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:840110-841039

ATATATAAACTAAAAGAAAAAGTGGAAAAAGGGTACGTGTAAAAAGAGACTAGGATGGTTGAGCAGCGAATGATTGCAAGATATATAAAAGAAACGAGCCAGTTTTACAGCGTTTAACGCAGATCCAGAATATGAACAAAATGCATTAGGAAATAAATGAAAAAAATGGCTCTATGGATCAGGGATCATCATGGCTGCCGGAAACTACGCCGTTCTGTTTTGTTTTTGTTTTTCCTTTTTCCCGTTTGGGTGAAATCAGTGAGCTGTTCCGATCCGTTGGGCGAAGACATTGCCGCAGTGACGAAGCCCGGCTAGTCCGATTGGGCTCCAGTAAACCCCTCGCCAAGCACAGAGAAGCTAGTCAGAGGCCCGCTAGACTGTACTTACTGGTCTTTAGCACACGACGACCGTACTTTGCACGTGGCTGCAGACACATTTTGTATGGAGGGAATGCTTGATTATATAAAGAGCTCTGTTTTTATGTTACCCGTCCAACGTTCTCACCCGGCTCCGCGCTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGACCCACACAAAATCCGCGTAGCCGAGATTGCTTATGTATGTTATCATATTGCCTGTTTGAGATATGCAGGATCAGCATAGCATGTCTCTAACCAAATTGTGGGTCAGTCAATTATGTTGCTCTTTTGGGTATACGCTTTCACCGGATTCTCGAGAAATCGTATAATGCATGCCCCAAAGCAGTGGCCGTTCTCGGAAAAATAAAAATAGTTTATATCTCAATTTAGTTATATGGCTATGACGGAAACGACAAAATCAAATTGAAACTTAGAAAAAATAAAAAACAGCGCATTATTAAGGTTTCATGACTCCGTATTCGCTGTCCTACGTGTAAATAGGAAGAAGAAAAAAGTGAAAAAGGAAGAACCCTTCTTTTGAAGGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:843010-843092

TCAAAAGCAGTGGAAAAAAAAATCATTTCCCAGAAGAACGCGAGAGAACTCCATAGAAAAAAGGGAACTTTCCTACTCAAAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:844220-844288

AAAAAAATTAGCGCATCGCTAATAGCGCGTTTGAACCCGTCTTAAGAATGTTCATACCAGTATCAACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:856980-857222

ATTTTTGATTATGGAATACAAAATGTATATTTCGTATAAAATTATCTTTATTGTTTTTGTGGCTTAGTGATTTTCATTCCCCTCTTTTCTTTTTCCTCTCAGCCTGCAAGTGTGACGCGATCTGAAAGGCGTTTTACCCGCAAAACGCCAAAGAATCATCCTGAAGCGGTAAATTCTAGACTTCAGATCACATACGCTCTATTTGGACAGTTTTTTTTTTTTTTTCATATTCCTGATCAGATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:860203-860942

AAAAAAGGAGTCTGTATAATTATTTCAAATTCATCCTTTTCTCACGGATATTGTGTACCCTATGAGGTAAATAATTGCGCTTTATTTTCTCCCTGTGTTTGCTCGCTCATCTTAAGACGAAAAAAGTAATGGAACACCTACCATCAATAGAAGTACCACACTCATGTAAATAACAAGCGCAAGTGGTTTAGTGGTAAAATCCAACGTTGCCATCGTTGGGCCCCCGGTTCGATTCCGGGCTTGCGCAGATTTTATTTTTTGCTCCCTTCTAAAGCTCTGGATGATTCACCAACTTATCCAAGGCAAGGTCCAACTACCGTTTCCTTCGATGAAAAAGACAATAGGTAGCTCTGTCAAACCCCGTGGAAACGCAAACTCATCGGGAGTGTCCTACTGCTTTCCACTAGTTATCCGACTAGCAAGGCAACTAGTCAAGATGAAACCGTCTCACGAACATTTGTATACGATCTCTTCTCCTGATAGACAATGAAATATACCCCGGTGCTTGTTTCCCACTAAGGAAAAAAGGCCGCTGCCCCACAGCGGGAAGGCCCTTCAAGGGGTAGCGGCATCGCCTAGTAGCACTGTGGGGGGAAGAATACAACGCTCAACGGAAGAGGAAGCTCTGCGAGATGCAGCCAGCACCTTCTATGTTTCAAGGATAACATTTTGAATTAACAAGGAACGCCTTCCCCAATTACCGTTATTGTATTTTTACTTTTTAGAGACTCTCGAGGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:866578-866705

ACAGAGGTTTGGTGTATGGGTGTATTTCCGTTCGACGCGATGACCACATAATCTTGAACTTACTTATTAGGAAAGCTGAACAGTGGAATATCAGAGTTGCTACCGCCAATAAAATGTCTGTATATTGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:870069-870255

GTTATATCTATCTCTTCTGCTTCTATTTCTGCTTTTCTTTAGCGATGCTGATTTCCGCAAAAAAATTTTCATTCCGTGGTGCGTGATCTGATGAGAAATAAAGCCAAAAAGAAAAAAAGACAAGAAGACAAAAAGGTTGGGCGGCTAAGTAGCGCCAGGATATAAAAAGCAACATAGATTTCAGTAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:876648-876818

GTCAGTTTACCTTTTCTTTCGTTTTTCCTTTCAATCCTCTTTATCGCAGTTTGGTTCTTAGTTTGAATATTCCTCTGTTTTCGCTCTTTTCTCGTACAGCGCGAATTCTCCGCCAGCTTTAGAAAGTTGTAATCATTGGTGTTATTAAGGAATAAATAATTAGTCACATAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:877698-878049

TTACAAACAGTACAGTATACTTTTTTTATATCAATATAATACTATCTCTATGAGCTTTTACTTTGTCGAGATTTGCTGAGTCATGTTGTGGCTTTTCTTTTACTAGCCACGTGAAATGATGATAAAAATAAAAAGAATAACGACGGAATAAAGAACAGTATGATAAACCGTAAAGATATTTAGAATCAATAGGTGATGTCCACCCGGTAACAAGATGCCATTCATGTTAAACTAGGACAAATTTCCTTCTTGTCCCCCCACCATTCTCTTTTATCCAATTCTTTTGTCAGCGCGCATTAAAGAACAAGAACTTCGTACTTTTAACTACTAACTCCTGTTTGAGAAAGAGGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:878551-878665

AGTAATTTTTCTGATTTTTTTTCTCGCTAGAAAAAAAAAATTTCATGGTTAGAAAAATTTTAACATAGAAATCATGGCATCATCGCCACAATTGGAAGAGGAAGCAGCTGGGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:882981-883224

TACTACTGAGTGCAAACACAGAAGAGCGTAGGTGATTCAACTAATTGAGTTAGAAACTGCATCAACGCTGCATAATAAAGATGCTGCTGTTCAGGATCATTTTTTTTAAAGACTGAAAAAAATTGCTTATCGCTTTGCACGCGACTCTTTTTTCTATTATTTGAAAAATAGCTTAAGGGAAAAGAAAAGAATAGGTAGCTTTCAAAGCAAGAACCTCTACGATAAAGGACAAAGCTAGAAGCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:883571-883742

AAAACCTTCGATCGAGTTGCGTTAGTCTTGAAGCCAATAGGATAATACCAAATGCATTAATATCGTCCAACTGTTCTATATACTTATCGTAACCTCGTTCCATGTGACATTCTTTTTTATTACACTTTTCGACAATAGCGAATTGAGTGAAATATTATGAAAGAATATATAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:887861-888063

CTCTATGCTGCTTTATTTTTGTCTTCCATGTCCTCAACCCACGATTAAATCGTTCGATATCATGAAGTTCTTATTTTTTTTTTTTTTTCACCCAGCGGGGGTACCCGTAAAGCAATACAATAAATATCATCAAGCAAGAATAAATAGATGTACAGAAAGAACAACCATGACGTGTTGTGTTTCTATTCAGCGTGCGGAACCGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:888726-888952

ACCCAACCTTCTTTTTACTTTGTTGGGTCTAAATTATGTTACTTTGTCCATTTCATCTCTTTTCAAGATGGAATCTAAAAGAAGAAAAACGACAAAAGGAACAAAAGTGATGTGACGCGTTATTTTTCGCGTGACATAATAGAAAAATATTTCAACTGGGCATCTTTAACACATGTTACAATAAAGTTGAGATGACTTGTTTATGCCTTTAAAGTTTGTAAGTGGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:892093-892329

AGTGGAGAAAACAGAATCATTAGTAACAGTAGTGGTATCTGAAATATATATATACACAGTTTCTTAAATTGTTGTCTTTACTACTGGTATTACTATCGCTATTACAAGCGAAGTCATTAAGTACGGAAATGTTTAAACGTAGAGAGCTAGTAAAGGAAAGGCTGTTACATGATCACTAATCGTAACTTTGCAACGAGCCTGAGGGAAATGACTAGTACTATTACCTTGTTGAACGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:895833-895932

CTCTCTATTGTCTTTAATTGAAACTTTGGAAAACCGCGGTGTTATGGATACTAGAACACTAATGTTATTTTTTGCAGTTATCAATTAAAGTAAAAGAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:899724-900167

AATTGTGTGTCTTGCTGAACGTGGAAAGATCACAACAAGTATCTTTTTTTCTTTTTTCAAACGTGTTTTTCTTTTATTCTTGCTAGAACTTTCCTCCTTTGTAACAAACGAGAGGCGGCGGGCTAGTCGTCGCAAGCGACAAATCTCAACTGACAGTAAATAACGGTGATAAAACAAAATTAGCGCAATCTCTCAAACTACTGAGGACAACCAACTTGAATTGCACTCTTCCAAGTTGTAGCATGGCTTGGGGGGTGTGTGATCCCATCCTGTATTATGGCAAAGCAGGCAAAACAACCGCTCTGCCGTCCGGGTAACTTTTCTTGTTCCACCTCTTTTCCCCAACATATATGAACATGAGATGGTAAGAGCAAGAAACAACGGTTCTATGAGCAACGCAAAAACAGCACAGCACACACAGCACCGCGTACTATACCACACCAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:900466-900691

TCATCTCCCTTACATACCAGTATATTTACATACGCCCTCTACTGTAATACAATATCATTCTATAGCACTCGCATCGCGTATTTTTTTTTTATTTTCTTGCTTTATATTGTTCTATTTTTCTTCCTTATTCCTGCCTCTGGATTTCCCTCGCATGACAAATAGCGTGGAAAAATAAAGGATTTCCAGTATTTGAAAAATTTTCAGTATTCTTACGTGTTCCTAACTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:901582-901940

AAAAAATCTTTCTTTATATGTCTCTTTAAGTACTCCCTTTCAGTTATATGCCTTTTATTGTCTGTCCCTATTCTAATCCTCTACTCGGGCCATCATTGTTAACGTAATATTTGCCCTAGGGTAAAAACATTAGGTTGATTAGGCCATAACTCATTCTGCCCCACCCCCACACATAGGGTTCAGGAACTTGGTTTTCAACCCTACTGCATTGTTTCCCACGCGGCGCTACCAAAATATATCCAATTTTCTTTTTTGTCACAACAGCAGCAACCCCTTGAAATGGCCAATTCTTCTCGAGACTTTGCTCCCTTAATCTTTTCTTCCCCCCCGGTTTCTTGATGATTATATATACTAACCTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:906730-906900

TATACATATATATATATTTACATATTTTTACCTCCCTATCTCTATTGATAATAAAACAAATAAAAATCGTATATTTTTGTATATGTATTATCGTTTTGAGGAGCGAGAGCGAAAACGAAAATAAAAGAAATAAAGGGAACACACGTGAAAGTGAAGGACAGCACCAACCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:911035-911241

TCAACAGTTACTACTGTGCTTAATGCCCTTATTTGATAGTTAGTTCTTCTTATAATAAATAATCATTGTATATTGATTATTCGTATAGTATGATATTTAATTGAAAAAAAAATTTTTTTTTTTTTAAGAATATCATTCAAAGGCATCAATCACAACCTTGAAGAAAGGCTAAAAAGACACATTTTGCAGGTAACAGTGTAAAGATTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:912478-912666

ATATCTACTTCAAGTTTGCTCAATAAACGATTCGAAATTACTCTTTTCTTAGCTGTGCATTGTATAGTTTAGAAATACGAGAAATGTAAAAAAAAAAATAAAGTTGGAAAACAACTAACTAATAAAACTTTCTTGTCAAGAAAGACACTAAGAACACAGAAAAGAAACACGAAGAGCAGAGGAAATATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:919087-919296

ATTCTCTATTGTTCTCAATATTTCTTCCACTATTATTATTTTGATCCAAAATTATTTTTTTCCTTCAATGCGATGAGCTTTTGAAAAATTTCTGATCATTCCCAACGAACCAATAGAAGGCCCGCCCCGTCTTATATCCGTTAGCCTACCAAATATATATATAAAGAACAAGGGCCTTTCCTCAGAGCGTTTGCTGACGAAGTTTTAGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:920665-921816

AATTCTTACTATACTAGTAAATATATATTTAATTATCCTTTTTTCTACTTCAGCATACAATCCTTCTTTTGCCGCAGGTTTATAGTTAGACCCCTCAATTCTGTCAAGTTTCAGTGGTACGTTATTTTATGTCTCATCTCACGATCCTGGCAAAAAAAGAAAGGCATGTAATTTGAGGAGGCGATTCACCCTCATTTTTACGCAACAACAATGCTGTGTGGCTTACACGCCTCTGCGTACATATCTACATATTTAACGGTCCTGTATTTTCAAGCACGCAAGGCTGAAATAAACGGTTGTTTGCTTATGCGCGATGCACTCCGCCGAACATCACCGCAAAAGCACCGTAGGCGGAGATCTCCCAGCTAGTATGGGCATGACGGAACCACGATTTCCAGATATAGATACTTAAAAGCACTAAAAGGTCTATACATAAAACGCAGACTTACGTAAGATACATAGCAACTGCCGATATGGACGCCGCCATGCCGAATGACAAAGGGAGAATGTAGTACTAATTGATATCGTCTTATCCTCTCAGGAATGCAAACTTAAAACATACTTTCTCCCGTCCTAACAACGCCGGTTGTCGACGATAAATACCCCAAGAAATGCCCGCACAGAATCTCCTCCGTTAGGTGGTCATGCCCCGAGGGTGCGAGGTTGTTTCCTGCACGGTAAATCGGGATGCCATGAAAGCCGGCCCTCCCCACGCGTCCCCTAATTTTTTTCCAAGTGAATATCTGCATCGGCCACCGTTTTATATTACTTCGATAAGCTTGCCTTAAACTCATTATTGCCGTCGTTTATCCCTCAAAGCTTAATCTTACAAGAATTAGAAAGAAGAAAAGTTTATTCGTATAGACTTCCTTATGCCTGATGTCCTTCCACCCTCTTACACAGTAGGATTAGTCTAGAAGTGGTAAATTGCAGGATAGCATATACGCGACAAGGAAAAGAAAGAAGGAAAAATATTTTACGTCGGAAATTGTGTGATATGCCGTTTGAATTCGAGGTATATTAAGCGCAGTGCTTTTCCCTGCATCGCATTCTGTCTGTTCTTCCGAGTGTCGATTCCCACAATTCGTCTTGTCCTTTTGATATTTTGTTTTTTTTTTCCTTCTCTTTTTTTATTCTTTGTATTTGGTGCTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:922980-923095

TATGGTTTGACTCATCCGTACACCAATACACGCTTGGTGTGCCCAGTTTATCAGCTTCGTCGTAGACAAATTGGATTAGTTTGCCGCCCGCGCCTTTGACCCTAGAATTCTCATCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:923524-923579

CCGTCCATAAAAATGTTCAACCAATAAAAGCAAATCAAGAAGTGACTGAGAAGTAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chromosome XVI, complete sequence chrXVI:927886-928165

GCATTTGCTTATCAAAACATAAATATCTCCGTACCCAAATAGGAAAAACGCGTTAATGCAAAGTTGACACGTTCAGTTACTATTTCCTGAAATAATAATACAGCCCACAAAAACCCACCAATGACGCTTTTGTTGCTGAATCAGACGTTAAGTGCTGCTGCCTCCTCTGTTCTGCGCCGCCGGTTGTCTCATTACCTTTTCTGCCTATGATGATTGTATTGCAAGGCCCGAGTGGTTGCGTATGCCACGTACGAAAAGTTGTTACCGTGCCGTCACATCC

2. There are 280 negative sample:

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:1-17022

AAATAGCCCTCATGTACGTCTCCTCCAAGCCCTGTTGTCTCTTACCCGGATGTTCAACCAAAAGCTACTTACTACCTTTATTTTATGTTTACTTTTTATAGATTGTCTTTTTATCCTACTCTTTCCCACTTGTCTCTCGCTACTGCCGTGCAACAAACACTAAATCAAAACAGTGAAATACTACTACATCAAAACGCATATTCCCTAGAAAAAAAAATTTCTTACAATATACTATACTACACAATACATAATCACTGACTTTCGTAACAACAATTTCCTTCACTCTCCAACTTCTCTGCTCGAATCTCTACATAATAATATATCAAATCTACCGTCTGGAACATCATCGCTATCCAGCTCTTTGTGAACCGCTACCATCAGCATGTACAGCGGTACCCTCGTGTTATCTGCAGCGAGAACTTCAACGTTTGCCAAATCAAGCCAATGTGGTAACAACCACACCTCCGAAATCTGCTCCAAAAGATATTCCAGTTTCTGCCGAAATGTTTTATTGCAGAACAGCCCTATCAGCATCGACAGGAATGCCGTCCAATGCGGCACTTTAGATGGGGTAACTCCCAGCGCAAGCTGATCTCGCAAGTGCATTCCTAGACTTAATTCATATCTGCTCCTCAACTGTCGATGATGCCTGCTAAACTGCAGCTTGACGTACTGCGGACCCTGCAGTCCAGCGCTCGTCATGGAACGCAAACGCTGAAAAACTCCAACTTTCTCGAGCGCTTCCACAAAGACCGTATCGTCTTTTGCCTCCCATTCTTCCCGGCACTTTTTTTCGTCCCAGTTCAAAAAGTACTGCAGCACCTCTGTCTTCGATTCACGCAAGTTGCTCCATACTTTATAATACAACTCTTTGATCTGCCTTCCAGACATGCGGAAAACTTGGCTCCCTTGCTTGCCTCTTGTCGAATCCAATACACTAATTGTTTCTCTTCTTCTAGTAATGGCCAGGTACCAAGCATAATTTCTCTGTATCTGAGAGTAGATCTCTCCCCTTTTTACGCTAAAATATTTCAAATATCCTACAGGGTCCCCATGATATGGCTCGATGTCTTCCAAGTATTCTTTGTATTCCTCGTCATTTCGCAGCATTCTCTCCACAGCTAGTGCTTCCCAAGCCATCCTCCGATACGATACTTTCTGGCCAGCCCAACAGACACAGAGCTCGAACATCTTTTGACAGCCCTTGCATAATCCGTATTGTGTGAATACTCCCTCTGGGCAGAAGTATACGTCAATACCATAGAGGAAAAGATGTTTAATTTCGTCAGACCGAAATCCAAGAAACTGTAAGACATTCATATTCTCGGAAGTATTGGGAAATTGTGCTTTCAGTTTCTTTCTCTCTAGCAAAACCATTTGACTCCCTTTCCGCTTATACGACTCTTTGTTAATGTCGGTGACTGGATGGAATCTATTATCCTCAGCATTGCCATCTTTATTGGCGTCCTCCTTGGCACTAGCGTTGGTACTTTCAGTGGTAGTGGCATTAGTGCTGGAGTTGGTGCTAGCAGTGGTAGTGGCATTAGTGCTGGAGTTGGTGCTAGCAGTGGTAGTAGCACTAGTGTTGGAGTCGGTACTTTCGGTGGTAGTAGCACTAGTGTTGGAGTCGGTACTTTCGGTGGTAGTAGCACTAGTGTTGGAGTTGGTACTTTCAGTGGTAGTCGCACTAGTCCTGACGTTGATGCTGGCAGTGGTAGTAGCACTAGTCCTGACGTTGGTGCTGGCAGTGGTAGTAGCATTAGTGCTGGAGTTGGTACTTTCAGTGGTAGTCGCACTAGTCCTGACGTTGATGCTGGCAGTGGTAGTAGCACTAGTCCTGACGTTGGTGCTGGCAGTGGTAGTAGCATTAGTGCTGGAGTTGGTAGTCGCATTGGTACTGGCATTAGCACTACCATGAATGCACGTGTCGCTGTCCTCATCACTGCTGCAATACTTTCTGCACCTGTCACTGCTATTGCTCTCCTGGAAGCTAGACGGTAACGCAACGATCGACATGGAAGCTGTCGCCTGTTTTTCAGCCAATCTGTCCATTCTTTCTATCAGTTCCACTGTGTCAGCAGACAGGTCTGTCCTGGAGCCACAGCATCCAACATGCTGGCCCTTTTTTCCTTTCTTTGATTCAAGTCCATAGAACTCGCGTACCTGTTCGGTTATACAGCCTTCCTTAATCGGTGGTAATTCACCCTTACGATTCCTTGCCGCCCAACTGTTTTTTCTAGATAATAGATAACAGAGGCCCCCATCTCTTAGTCTCCCTACGCCTTGAATGAGCTCAATAATATTAAGTCTATTATCAAGCATGATCACCATCATCAATTGCTTAATGTCAATTCCTTCAGTCACTAATTTCGTTCCGATGAGAACTCGCATGCTACCGTCAGTGACAAACTCCTTTGTGCGAGACACCTTTTCTGCAGCACCCAGCTTCCCGTGTATCCATACCACCCTAAAATACTTTCTCCAAGAGCAGGCCAATTCTTCCACTTCGTTGGTTGTGCTTGCAACTACAATGGCCTTCGACTCTGGTTCAATTTCAAAGAGGGCTAAAAGAAGCTTCAGTGCTTCTTCGGGCTGTGATTCCACTTTCTTCCAAATTTTATGAACATGCCCTAAAGGCACCTCGGATTTCTCCTTGATTAGATTAAACATCCGTGTTGGATAGCTGGATAGACCTCTGCTGAGATCTTCCGACCGTTTGAGCTCGTTGATGTCCATCGACTTCTTGGCCAGTCCCGTAAGCCCAATACGCTGCAACGCAGCATCAGCTACAGCCTCAGGTGCTGTGCCGCTCAAAAAGATTGCTTTCTCAAAAGCGTCAAAATCAAGGTTAGTTATGCCCCCAAATTGCGACTGCCGGTAGACCTCCGTTTCAAAGTTGTGAAACTCATCTACAATGAGGTAACCCAATTTTACGTTGTTGGTCCTAAAGGTGCACTCAACAATATTCTCCCACGCAGCTATCCTGTCTGTGAAATTAGTGCTAGCAAGATCATCGTAGATCCCCACGTATAAATCAGTAACGCCATCGCAACCTTCTTCAATAAAGTTTCTTACAGGGGCCACATTCAAGCAACCGCATCGGCTCAACCTGATCATGCAATTAGCAAGCAACACTGTGTACGGTACAAACAGAAACGACACATATTTCACGTCGCCCTTAGACGCCAGTGCTATCAAGGGGAGATGAAATAACTCCGTCTTACCATAGCCCGGTGGGGCCTGTACTGCCACAGAGGGTGTGTCTGCCATGTATATTTCATGACATAAGCGCAACTGATGCAAGTCCCTGAATTCAAAGGAGCTGCCAAAGAGTTTCTGGCCTGCGACGAGGATATCGTTTGTACTCTTGGGCTCTCGGGGCCTTTTTCGCGTTACTCTTGAAATTTTTTGATGATGATCTGAACTCGCCGCCTCACCTGCCACTACGTCTTCCGCATTCCGAGTACTAGAGAATGAACAATGGTAGTCGCTTTCAAGGCCTAACCATTGAATCCAGCGCTCGGAAGCTCGTTCCTGCAATAAAGTGGCGGTCGTCCCACTGACACTAGTTAACGAAAAGGAATCCACACCGTAAATATTTCGCCCTGTTTGAACGGAATGATTGGCCATGAGTTCACTCGTCGCCGACTCGTACAAATCTGTTTCAAATCTGCTACCTACGCAGTGCCGTCCTAGGGCAATCAACCCCTGACGCATCTCCCGAAAATTCAGCTTCTGAGGTGCATTCTTCGGAAGTTCCCTCATGTACTGCCGAAAAGTTGCGTATTCAACCAGACAGCCCTTCGCGGTATTCAGAAACATGTAGGAATACAAAACTATCCTCGAAATGTCTCGATTTGTTACTTGATCTGGATCCTCAAATCCCACCACATCCATCCAAGGATCATGATTAAAAGCGTCATAACTGTTACCAAGCGCACATATTTGCATTTGCCTTAGCACAGTGACAAAATAAAACACGTAATCTGAAGTGAGTCCGTCAAGCGTCTTAAGTCGAGGCTCCGATGAACCGTTCTTGTTGTAATCAGTGTACAGTTGGATGCGTCTTGTTGTATCATCGACGTATACGTTGCGCTGAGGACCGGCAAAAGCGAGTAGCTGAAGCTCTGGATAACGGTAAGGGTATCCTACGGCAAAATGGATCATCCACATAAGTGGCACCGTAAGCTCGTCAATTGCAACAGTGACTTTATTTTTAAGAGCCGCGGTCATTTTGTTAGTATCTCTTCTCAACTTGGGCAGCACAATTTCACGATATTTAACAGGTATCATTTGAAGGAAAGAATCGTTCTCCAGATACTCGTCAATTCCTCGCTTTGGCTCTCTGAACAAAACTTCTCGATTACGCAAAATGAGGCTGGCAATATCAACCACTGTAGGCATATAAAAGCAGTCGTTCAATTCTTCCCAAAGGTTATCAAACTGAGCCTTGCATGCAAAGTAAAAGCCGCGGACATACTCGCGATTAAACAGTTTTCCACATACTGATACACCATCAGAAGAAGGTACCAAAGTTATTCTATAAGAGTCCTTCAGCGCGGTTTCCTGCGCTACTTCGTGGTACAGAATTTTGATCCATTTCCACATCGCAACGCCGTTGTTGTCATCAAATATATCTAAATCCCTTGCGGTACAAGCACAAGACGACACCAATAAAGCTTTCACGGCATCTAGTGTTTTTCTGAGTCTTCGTGGAGTGTTAGGACTGCGCAACTTACATACTTTCAAGCCATGCTCGTCCACAGAGGGAATAATGGGTTCTTCATTCGTAATGGATCGATCCTCTTCGTCACCAGCGCCACCACGGGGACCCGCCCCGAAATTGAGCGCACATGCTCGCAAGATAATATGCAAAATATCACCCAATCGGTCCTTTTTGTTCATCATATCGTTACATATCTGTGAAAAGTACTTTATCTCAGTGGGTTTACGTGGGCATAGATCACGCTTCAGCCGCTCTGTGTCGACTTTCTTTTCGCCAGGTAAACTTGCTTGGTATGCAGAAAAAATCGATAGCTCATCTACGTGTAGTAACAAAAACATGTAGGGTGCCAAATTGTATCCATATTTCCTTATGGTGCTTTTCTGAAGACCCCTTACAATAGGTGTGCCAGAAACAAAGTCAGTGAAAGTACGCATCGTAGAGCTGTCGTTCGGCCTGGCACTCGCTATTTCGTAACAACGTTCCAGGACACGGAAACTCAACTCATTATAGTATCCTCTGTTGAGGTAAAAAAGAGAAAGGGTATCGTAATCCTTTCTATTGAATTTCAAAGTATGCACTTGAAACAACGTGTAGACCATCAAGTTGATTTTCTTGGGAATAAGATACTTTGAAGGGATTGGTCCGCCCTGGAAATCTGGTTCGTCTTCAACAAACGTCAGGAACTTTTGTACATTTTTCCCGACCATGACGGAAACGACAATTTTTTCAAAAGACCTTTTCCTATCCATTGCACCAGTTCTGAATTTTACCACTTTGATTAGACCAGACTTTTCGTCTTCGTAGAATGACCGCACTTCCGTGGGGATCGATTCAAATAAAGTTATTGAGGGACAATGTACCAAGTCGTTTTTGTTATTTAGAGCCGACTCAAACTCGTCAAAGTTTGCTTTTTCAAACTTACGCCTATCGGAAACTTTCATTTTATTTTTGTAAGTTTCGAAATTAACAATAGTATGTTGATTGTTATGCTTTTTGACAAGAAATCCATCAATATAAACAAAAGATTGTCCAGTTTCCGTCTTATCATCATCTAAGAATGTAATAATTAAGCTATTGAGAAGATGCAGAATCTGCGCTATGCAGGTGCAAATCTCTAGCAGCAGCAAAGTAAATTCAGTTAGTAAGAAATCTCACTAAGATAAGCGACTGTCTGTCCCCTTCAAGCACAACATAGAAAGCAGAAGGATGTCTCATTCATCGCTTGATTTCCGGCCTGCAAAAATAAAGTAGTCGGTACGTACGTTCGTTTTCAATTTCCATGGTGCACAGTATCTTAACTATCTGCTTAGTCGAGGAGAACCAGGATTCTGTTCGTTGCTCAGCCGCTTCGTGGATATTCTCTTGGATACTTTAAATATGGACCTACGCTTAGCCTGCGCTTAGCCTACAACTTCTTCCGCTCTCGAAAAGACCAATATAATAGAAAGTTATAAATTACATTTCCTTATTAGGTATACGACCTCGCGCTTCGAAGTAGAGGAGCCCTTTTTGGCGTACCTACATATGGCGCGTCAGACAGACAAACTTCCCCCAAAAATGTATTACCCCGCCGAATAAGAAAACAGACCCATTCACCCACGACGTATCAAGTTACTTCCTTGGTGCAATGTCCCACTATAAAAAAATTCCTTGACGCTAGATCGTTGGACTAAAATCTGCGTCACAATCGCCTAAACAGGAAATATTGCCTATTTTCGTACAAGGTTACTTCCTAGATGCTATATGTCCCTACGGCCTTGTCTAACACCATCCAGCATGCAATACAGTGACATATATATGATGAACCTGTCTCTCAACTTACCCTCCATTACCCTACCTCTCCACTCGTTACCCTGTCTCACTCAACCATACCACTCCCAACCACCATCCATCTCTCTACTTACTACTACCATCCACCGCCCATCATAACCGTTACCCTCCAATTACCCATATCCAACTCCACCACCACTTACCCTACTATTACCCTACCATCCATCATCCGCTACTCACCATACTGTTGTTCTACCCACCATGTTGAAACGTTAACAAATGATCGTAAATAATACACATATACTTACCCTACCACCACATGCCGTATCCACCCTCACTTGTATACTGATATGGCATACGCACACGGATGCTACAGTATATATCATCTCAAGTTACCCTACTCTCACATTCCACTCCATGGCCCATCTCTCACTTCATCAGTACTAAATGCACTCACATCATTATTAACGGCACTTGCCTCAGCGGTCTATACCCTGTGCCATTTACGCATAACTCCCACGATTATCCACATTTTAATATCTATATCTCATTCGGCGGCCCCAAATATTGTATAACTGCTCTTAATACATACGTTATACCACTTTTACACCGTATACTAACCACTTAATTTATATACACTTATGTTAATATAACCAAAAAATCACCATCAAAATCACCTAAACATAAAAATATTCCATTCTTCAACAATAATACATAAACATATTGACTTGAAGTACGAGCACTACCATGACGTCATTAACGTAAAAGTTCCTTAATATTCCCATTTGCTTGAACGGATGCCACTTCAGAATATTTCGTACTTACACAGACTTCACATTAGAATATTATGTCATCCCATTGTTGTGACACTCTTTATTCACCGAGCAATAATACGGTAGTGGCTCACACACATGTGGGCGCTATCCCCTCAACTCTATTCCAGTTACAGTTACATAAAAAACTAACCTAACAAAGAAATAATAATATTTATGTCACAAAAATCAGGGTCTCTTGCTATGACTTGCTACTTGTTTTGCCCTGATCTGCAATCTTATTTTTAAAAGTGACGCATATTCTATAAACGACCCCGAGGCGACGCGCCAAAAAATGAAAAAAAGGAAGGACACATTTTTATAGAAAGACAAAAGGCTGCGAAGCCGCACATTTCCAAGTTCAGTATTGCTTATTGGACATACCCTATTAGCTTTATTACCATGCACCCTTTTCCAGAACAGTGACGCAAAAGAGAAGTTTCTATTTTGGGTTTATTGTATTGAGAAAATACTCCACAAACACTGTTATTGATCAAAAATGAGTTGTCATATTAATATACATTTACATATGAGAAATTGTATTTATATCAATAGAATAACATATTTTATTTCATTTTCTTTACTTTTTAATGTCTATGGAATTTCGTTCGTAAAAGCTTCTCTCTATTTTGGAATAGCAGTGTAGATACCGTCCTTAGATAGAGCACTGGAGATAGCCGGTCTCAATCTGGTAGAGTACCATGGGACACCAGTGATGACTCTGGTGACTTGTTCAGCTGGAATACCAGTCAACATGGTGGTGAAGTCACCATAGTTGAAAACAGCTTCAGCAATCTCAACTGGGTAGGTCTCTGTTGGATGAGCTGCTTGAAACAAGTAGTATTGAGCCAAATGAGCTCTGATATCGGAGACGTAAACACCCAATTCGACCAAGTTGACTCTTTCGTCAGATGGAGATAGAGTGGTAGTGGCTGGAGCAGCGGCAACACCGGCAGCGATAGCGGCAACACCAGCAGCGATTGAAGTTAATTTGACCATTGTATTTGTTTTGTTTGTTAGTGCTGATATAAGCTTAACAGGAAAGAAATGAATAAAGACATATTCTCGAAGGCATATAGTTGAAGTATCTCTATTTATACCTATTCCTTCATTGGTCATCACCACTTAAACGATTCGTTAACAGATGCTCCTTTAGCACTTCACATATTCTCCATATCTCATCTTTCCCACAACTTCATGATCACTATGAAGATGTTTTTGTTTTTAAACGAGGCATGCATCTTTATAGATTCTGTATGCGAAGGTATTGTTTTCTGGGGCCTTTGTCTATTCGTATGCGCCGAATGTGAGAATGCCAGTTATAGGGGTGCCGAGGTGCCTTATAAAACCCTTTTCCGTGCCTGTGATACTTCCTTTTTTGGTATAGCAGAATGTCTGAATTTAGTTGCTATAGATCCTCGTTCAGAAGCGTATTGCTAAGCCTATCTCCAGTATACCCTAAACGATCGCCGAGAAAAAATAATACTGTACCCTCCTATTTCCCGGAATTGTACAGAATAGTAGGTATGTGCTGGGAGTCGTATATTGTTAGAGTCTGTAATTTTTACGCGCGCCTAGTGGATTCGTTGATACGATTACGTTATTCTAAACCGTCGCAAAGCAAATTGTGTTGAAGTAATTCAAGACTTTAAATCACTTGTACCAAAATCATTGTTGCGAAAACTTATCCTCAGTATTAGTTTCTTGACCGTAACAGTAGTTGAAAAAAATAAAATCATTTCTATGATCGATACACTTTCATTATTTAACTTCTCTATTATGGTGTAACTTCTTACTTTTGTCAGAAAAAAAGATTTCAAGACACAACAAGAATGGGGTCAAAGGTCTGCTTGTACTATCAGGAAGATTTGATACCAACCGCGTTATAAGGGTTACTAGAAAGTAATAGCTGCTAAAAAATTTAAACCGAAGAGATTAATCAGAAAGCTGAAAAACTGCAGTGTTAGTAGAGTTGTAAGCATTTCTTGATTGGAACAGCCTTCCCCCACACGTCCACCCTTGTTCAGACAGATTCGTAATGATTTTGTGTGTAGGCAATGGAAAACTTTAAAAACGGTTTGATTTCCTACAAGATAAAACATATGAATAAAATAACTTGTGTCAAATGCCCCATTTCCATACTGTAACCCAAATCAACGAAATAAAAAATAAAACCTCATATGATTTACTTTATTTAGTCATAAAAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAACAAGACAATCCTTTATAGTTTGTTTCCATCATGAAACCTATGACCAGCATATATACAATCGTCCCCCAGTTCCTCTTCGATACGCAAAAGTTCATTATACTTGGCCAGTCTTTCTGATCTCGACAAAGCGCCCGATTTAATTTGACCACATCTTAAACCAACGACCAAATCAGCGATAAACGGATCTTCGGTTTCACCTGATCTATGCGATATCATTACACCCCATCCAGCATCGAAAGCCTGATTGGCGGCTTCAATAGACTCAGTCAGAGTACCGATCTGGTTGAGTTTCAGCAACAGAGTATTCGCACATTTCTCCTCTATAGCACGGGCGATCCTGGTCTTGTTGGTGCATGTCAGGTCATCTGCAATAATCTGAACATTGACAGTCTTTAGGAAGGCAGACCACGAGGACCAATCATCTTCGGCGTAGGGATCTTCCAGGGAAATGATTGGGTATTTCTTTAGCAATGAATGGTAATATTCTGCTAACTGGGCTGGACTGAGCCAGTGAGATGGGTCAGAGTTCGGTTCCTTGAAATTTAGGTCGTATTTCCCGTCCTTATAAAAAACAGAAGGAGCACTATCGATTCCTACTTTCACTCTACCCTCGTAACCGCATATGTTAATGGCTTCCACAATCATGTCCAAGGCGTCTTCGGCAGTGTCAATATCGGGGGCAACTCCACCCTCGTCACCAACATTTCCAGCGGAAGGTCCATATTGCTCCTTCGCCAATATCTTCAAATGATGGTAAACTTCCGAACCCATCCTCATGGCTTCTGCAAAGCTCTGAGCCCCGACTGGCGCGATCTTGAATTCTTGCATAGCTAAAGAGCCACCGGCGTGGGCTCCACCATTCAAAACATTGAAAAAAGGAACAGGAATAACAAAGGGGTCCTGTCTAGCATCCGCTAACTCGGCTATATACTTGTAGAGAGTAATTCCCTTTTGTGCGGCAGCAGCTCGAGCAACGCACAAGGAAACACCAAGGATAGCATTGGCGCCCAACCTTGACTTGTTAGAAGTTCCGTCTAACGATATCATGAGCTCGTCTATGCCCTTCTGATTGGTTACACATAATTCGGACTTGATTAAAGCAGGCCCTATGATACTATTGACGTTACTGACTGCCTTGGTCACCCCTTTTCCCATCCATTCGGACTTGTTCCCGTCTCTAAGTTCAACAGCTTCGTGAATGCCGGTGGAGGCACCAGATGGGACGATCGCTCTGAAGAGACCATTCTCTGTTGTAATTTCAACCTCAACAGTCGGATTGCCGCGAGAATCATACACCGTTCTAGCATGTACCTTCGTGATGGACATATTTTTATCGTTGAGATTCGATTTTTTCCTCACCTTGTTTTGGTATTTCTATTGCAAGACAAAGTGAAAGAAGAAGAAGTGGTGGTAAAAAATAACTATATATAATGAAAATTGTAACCTGGTGGGAGTGCAAACTGTAAGTGATAACCTGCCAGATCCATGTTTCTATTATATACCTAAGAACCAGCCAAGTTAGGTAAACGAGGAGTCTTTCAATATCTCTTTTCTAGTGAGAATGTTATTTAGGTAAATGAACAAGTTACCACTATACTACTCACCCCCTACACTTTGTTTGTGACCTCTCCCCTTATCCAGTTCATCGAAACTTTTTTTTCAACTTGTGGCGATCTGTGACATTGTCTACTACAAGAACCGATTTTGGTTGATGTCTGTAAAAAAAACAACCTTACCTTTCCAGATCCAACTTTCCAGGAGAGCTGCGTGAGTTTCAAATATTTACCATGTCGGAGAAAGCTCCCAAGTACTTCCTTGTTCTTGTCATTTTTTCCTTATCTCCATCCTTTAAGGAAGGTATTTCCATTATGCGATTCTATAAATCCGAGCATGCGAGTATTTCTTTTCTTGGCGCGGAGTCGCTGATGACGCAATAGGCACATTCACGAACATCCAGGACTGGTAATCTTCTCGTCTTAAAGAAAATCCAACCACCAGTAAGAAACTCTTGGGTAAAATGGGGTATCTGAAATATTGCATAGCTGCAAATGAAGATATTCAGTATCAGCATAGGTATTTTCATGAAGGATAGGTAAAAAGAAAGAAAAGAAAAATATCTTTTTGACTGTTGTTCTTGCAATTATCACAATTAGGGGACTTTAAAACCGATACTTGATATATGAGCACAGTCAAGGGGCCGGTTCTTGAGATTTTAATGGAAAAGAGGAAAGTTGCACATACAGGTCTGCTTTTCTTTGCTTGCTCCAGACAACGATACTTAGAACTAAAACATATTTCTAGAACACTTTTCTCCTTCATTCAAAAAGAAAACTGGCCTTGCAATGACTCCAAAAAGAGCGCTAATATCTCTTACTTCATACCACGGTCCCTTCTATAAAGATGGTGCGAAAACAGGCGTTTTTGTAGTTGAGATTTTGCGGTCGTTCGATACTTTCGAAAAGCATGGTTTCGAAGTGGACTTCGTTTCTGAGACTGGTGGATTTGGCTGGGATGAACATTACTTGCCAAAGAGCTTTATTGGTGGCGAAGATAAGATGAACTTTGAAACGAAAAATTCCGCCTTCAATAAGGCGTTAGCGAGGATCAAGACCGCAAATGAAGTCAACGCCAGCGACTATAAAATATTCTTTGCATCTGCTGGACATGGTGCTCTATTTGACTATCCCAAAGCTAAAAATCTGCAAGATATTGCATCCAAGATATATGCCAATGGGGGTGTGATCGCTGCCATCTGTCATGGACCGCTCCTTTTCGATGGATTAATAGATATCAAAACAACAAGACCATTAATCGAAGGCAAAGCTATAACAGGTTTCCCACTCGAGGGTGAAATCGCCCTGGGAGTTGACGACATCTTGAGGAGCAGAAAATTGACAACGGTTGAACGCGTTGCAAACAAGAATGGAGCCAAGTACTTGGCGCCAATCCATCCCTGGGATGACTACTCTATTACAGATGGAAAGCTAGTTACGGGTGTTAACGCAAATTCTTCCTATTCGACCACAATTAGAGCTATAAACGCATTATATAGCTGAAACAAAAGACAAGGGAATTGTTGAAGGGGAGGCTTCTAATGGCTTTCAGTTTCTGTGAAGAGAAGGCTAACAGCTCAATGGTTCGAAAGGTAAAGAAAACGGCAGGTCGGTAGCACTCGATTTTGCTAGAATGGAAATCATATAGAGAACAATTGAATAGTAGGCCTTGGTTTTTAGTGTTGTACTCATCATGGTCATATGTGACATAGGTAATGTACATATATATATAAAAAAAAAAAAAGCAATGCTGTGAGATCATTCGTTACTTACGAAATACGCAGATTGCAATTTGAAATAAGCTGTGTTTTCTTTTTTTTCCTTTTTTTTTCTTTTTTTTGGCTTGTTATATACAACTTTTTTCTATTTCTGTTCTTTTTAGAAGTAATTAATTGGTACATAGGAAATAAATATGAATTATATTAAATGAAGTAAAAGTAAAAGAAAACGGGGAAATTTATCGTTTTGTAGTAAATAGATGATGGAACGCATTCATAAAATCTCACAAAATATTACAATAAACCGCAGTAGTCGGTAAAAATGTATTATACAACGTCTAAAATCTTGAAAATGAATTAAAAAAAAAAAAAGGTGGGATGATTGTGCAGGAAAAGGTATGAAGAAAAGATCCTAACAAATCGGGTTAGTCAATCCTCTAGTCCAAGCATAGGATCCGAGAGTTATCACCAATAAGCAATATGAAATTCCAATCGAAACAGTATAATAAATAAGCATGTTAATAAATGATAGCTTATACCCTTCATTGATAAACGTGCTAATGGTACTCAAAGTGCCGCAAAATCCGGATATTAACGCAGAAACAATATGGCATGAATTCAACGAGTTCACAATTGGAATATCCGTGGAAAAGTGTTTTTTACCACGTTGCACCATGGTAAATATGCCAATCAATAAAGTGGCGAAAACGTTTGCCAAGAAAGTACCCAATGGAAACTTTTTGTTTGTTTTATTAAACATTTCTGCCAACCAATATCTTAGGAAACCAGCGAAAATTCCAAATAGACATGGTAGTGTCCACTTGCCCCTCGAATAGTTCTCATAATACGCACACAGCACCACAAACAAAATAATTAATGGAAAAGCTAGTGCGTACGCGAGTTTATCCACAACATCAAAAAATTTCTTAAAAAATGGTGCTGGAGTTTTGAATTTAAACTCTAGAATATTTTTTTCCATTTCTTGTGTATCAACATCACCAGCATTTTCCTTTACAGTGTCTGAGGGAGGGGTATATGGCTTCGAAAACGAACTAGATCCATAAGCAACAATAACCTCCTTACCAAGTTGCCTACCGAAAATAAGACTACCCATGGAAACCATAAGATGAACGAGCAAGACAGATAAAAACTCCATTATACCGTAAGCTCTGTTCGGCAGTTTTGTGTGGTTAGCGATATTACCGTTAGTTAAGTTTGTAGAGTGTTCGAACATCTCTAGCAGCATACTAGAAAAGGAAGACAGGGCACCACAGTACCCAGTAGTTACACCTAAAAACAAGACTTGGTGATCTTTCATCCAAGTGTAAGCATTTAAAGATTGCATAATCCCCATTAGCATGCAGGATGAACAATTAGACCAGAGAACGGTCGGAGCAGTAACGAAGGCCGGAGTGTAGGTGGAAAGCGCCGTTATAGCCTGACGTGTTTCAGTACCTAATATGCAGAACGTGGTGAATGTACAAAAAACATGAATATAATGGCTCAACTTGTGATTTGATATGACCGGATTGAAAATCATCAGAGCATTACACGCTCGATTAAATAATTAAATAACTGCAGATTCTTGAGCCACCAGACGCTAAATAATAATGGCGGCAATAAATATAATCCTTTAGTACTTATTTCAGTTGTTTTTTGTTTTATTTTTTCCGTATCTCTTCCGTATCTCTTCCATCATTGCGTCAAAAGTGATTTACACTGCTACATGAATCGCGCCACTTTATGTCAGTGAATCTTTCATACATCGCAACTCCTCACTGACAGTGACTCTAGCAGAGTCACCATCTTTTCGATATACCCATCAAAGTGCACGATTCTCCTCCCCTGTTAGACAATCGTAACGTAATATCGACATGTATTCGTAGCACCGCTGCCAAATAATTTTCAGATCGTTCATTGTACATGAACCAAGCGCTGTTGCTTTACTTTATGATATTGCTGCTGAGCTCCCTTGTCTTTCATACGACGTTTTATCTTGATTTCATATCTTTTTTTTTTGGTAAAATAGAAAATACTCAACAGATATCTGATATGTATATAAACACTAAATAAAGAAAATCTTAAATCTTGCTGGCATGACTGTCGCTGTGTCTCAAATCTCTTAGTAATTCATAGATGTGTATCACCCCAAATCTCAAAAACTTCATAATTATTATTGGATTATCTAGAAATCATACCCTTCATACTGTCCCACAATGGCCTGCTCACATGAGGCGCTAATGATTACGATTAACCATCAAATCATTTATATTGATACACTGTAGTTTACTGTTAATAACCAACCTTTGTCGAGATTCATCAAAGTGGGTTCCAAATCCCTCATTGTGGGAACCTGGTTCAGTCATACCCATTGGAGATGGGCCCCAGGAAGGAGTGTAACAAACTTCATCCCAATTGCATTGCCTCTCACAACGGTAATTTAGTTCAATCCACCCTAGAGATTCAATTAAACCATCGATAGTGGAGCGAGCCGTTTCGACATTCTTTATTAAGTCGCTGGAAGTTGTGTTATCTGTCATAAAAGAGTAGACTTCGGGTATCAATAAATCATTCACTTTATAAATGACATCAACAATTTCTCCGACAACGCTGACAGCAGATGACCAAATCAAAAAGTCTGCATCCGTTTTTAAGGCCTGGTATGGGCTCACATATTGGTAGACAAAAGTTCAATGTGAGTGCTGTTGCATTGATGGCAATTGACTCATTAATATCACCATCGCTGTTCAGTATGTTACTAACAGATTTTAGTAATGGAGCAAATTTAAGGACAAGCTCATCAAATGCTAACTGCCAATCCATACTTTGCGTGGCATCAAATCCGACTTCCAGCGCCTTTTCTAAGTCATCTACCATGTCCAATTGCTTTTCCCATGTCATTCCTTCATCGAGTAATCTTCTGTTGTTAGGATCAGGAGCAATGTACGTCCTGTTTATCCCGCTCACTAGGTACCTATAGTCGATATGGATTCGATGCTCCCCGTTGTCATGCGCTGCACCCGCTCTCAACTGATTGAAGCTTTTAACTGCGTTGAAATTAGAAAAAGCCTTCTCCCAACCATCTTCTCTTTCCAGAATCGCCTTTTGGTCATCTGTTAGCTGATCTTCAACTAGGCTTCCATTTTCATCCAGAGGCCAACCTTCTTCCTTCGATATTACGGTAGGTGCTGGTAAGCCTAGGTACTGGTTAGGCTGGACCATTTCTAACATTGAAACAAGTTCGACGTTATCAGCCGAAAAATCACACAAAACGACCTCAAAGCCAACCTCTACCCTGATAATTCCGTCAAGCCCGAATGGCTTCCCCCATTTGCATATTCTAGCAGCGTAGAGTCGTTCGGCCATTCGTTCGTTTTCACCATCATCTGTAAGGTTCAATTTCTCTTTAATAACATTTGACAACATTAGCTGCGTGTCCATCTCTCCTGAGTCAGTTTTCGCAGCAGAAGCCCCATCAAGATAGAGAAATTTGTTGAGGTCCCGTGCTGCTCTATAAGTAAGCATTTTTTGTGAACCCCGACCTTTTTCGTCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGCCCTTTTGGATGATCACCGTTGGTGCCATTGCCGAACCTCCCATGCCTTCTTTCCAAAGATTTTCTCCCATAGGATGGTGACCTCAAGCCGAAAGAGTAGCTGAATTCATGGTCCATAGCTAGCCATTCGAAGGTAGTTGGCACTTTTGATCCGGCATGGTACATTAAAGTTCCTTTGGGAATTACAGCGGGAAAATAAGATACTCCGACAGGATGTATATCCGATGGAGACTGTCTTAAAGCAGCCCGAATGGAATTAAAGATAGCCGTACTGTTATCAAAATCAATGTCTCTGACGAACTCATGGTAATTATCCCATCGTATAGAAGGTAAGTCTGTGCTTTTAATTGCAGATTGATTGTGTGGTAGGGCAGTTGATACTATGCCGTAAGATCCAGATAACTTCCAACAGAAACCAAGCAGTACAATGAGTAGTACGCCTATGATGGCTGAGATACCTTGACGATGGAATCGCATTCTCTATCTAAACAGTGGTCAATGGATTCTTCGAGAGCTAAGACCATAGATTTCTTAAAAGAATTTTTTTTTTTTTTTCTGTCCTCCTAATATCTTTTATCTTTAATACTGTAGGGGCGCAAGTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTATGTTGCGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:17113-22502

TTTGGAGAACGGTTGTTAACTTGTATTTGATATGGTGTCGAGACAATGTCATTGCAAGTTATATAAACATTGTAATACATCACCTCGATGAAAGAGAAACTGGAATGATAGATCTCTTTTTCTCAAAATTTCGTTAATATGTAATAATAAGGTTCCTGATGTAATTTGTTTTTGTACAAATTATTTTAGATTCTGGAGGTTCAAATAAAATATATATTACAGCCAACGATTAGGGGGGACAAGACTTGATTACACATTTTTCGTTGGTAACTTGACTCTTTTATGAAAAGAAAACATTAAGTTGAAGGTGCACGCTTGAGGCGCTCCTTTTTCATGGTGCTTAGCAGCAGATGAAAGTGTCAGAAGTTACCTATTTTGTCACCATTTGAGAATAAGCTTGAAAGAAAGTTGTAACCCCAACTTTTCTATCTTGCACTTGTTTGGACCAACAGCCAAACGGCTTATCCCTTTTCTTTTCCCTTATAATCGGGAATTTCCTTACTAGGAAGGCACCGATACTATAACTCCGAATGAAAAAGACATGCCAGTAATAAAAATAATTGATGTTATGCGGAATATACTATTCTTGGATTATTCACTGTTAACTAAAAGTTGGAGAAATCACTCTGCACTGTCAATCATTGAAAAAAAGAACATATAAAAGGGCACAAAATCGAGTCTTTTTTAATGAGTTCTTGCTGAGGAAAATTTAGTTAATATATCATTTACATAAAACATGCATATTATTGTGTTGTACTTTCTTTATTCATTTTAAGCAGGAATAATTACAAGTATTGCAACGCTAATCAAATCGAAATAACAGCTGAAAATTAATATGTCGAAGGGAAAGGTTTTGCTGGTTCTTTATGAAGGTGGTAAGCATGCTGAAGAGCAGGAAAAGTTATTGGGGTGTATTGAAAATGAACTTGGTATCAGAAATTTCATTGAAGAACAGGGATACGAGTTGGTTACTACCATTGACAAGGACCCTGAGCCAACCTCAACGGTAGACAGGGAGTTGAAAGACGCTGAAATTGTCATTACTACGCCCTTTTTCCCCGCCTACATCTCGAGAAACAGGATTGCAGAAGCTCCTAACCTGAAGCTCTGTGTAACCGCTGGCGTCGGTTCAGACCATGTCGATTTAGAAGCTGCAAATGAACGGAAAATCACGGTCACCGAAGTTACTGGTTCTAACGTCGTTTCTGTCGCAGAGCACGTTATGGCCACAATTTTGGTTTTGATAAGAAACTATAATGGTGGTCATCAATAAGCAATTAATGGTGAGTGGGATATTGCCGGCGTGGCTAAAAAATGAGTATGATCTGGAAGACAAAATAATTTCAACGGTAGGTGCCGGTAGAATTGGATATAGGGTTCTGGAAAGATTGGTCGCATTTAATCCGAAGAAGTTACTGTACTACGACTACCAGGAACTACCTGCGGAAGCAATCAATAGATTGAACGAGGCCAGCAAGCTTTTCAATGGCAGAGGTGATATTGTTCAGAGAGTAGAGAAATTGGAGGATATGGTTGCTCAGTCAGATGTTGTTACCATCAACTGTCCATTGCACAAGGACTCAAGGGGTTTATTCAATAAAAAGCTTATTTCCCACATGAAAGATGGTGCATACTTGGTGAATACCGCTAGAGGTGCTATTTGTGTCGCAGAAGATGTTGCCGAGGCAGTCAAGTCTGGTAAATTGGCTGGCTATGGTGGTGATGTCTGGGATAAGCAACCAGCACCAAAAGACCATCCCTGGAGGACTATGGACAATAAGGACCACGTGGGAAACGCAATGACTGTTCATATCAGTGGCACATCTCTGCATGCTCAAAAGAGGTACGCTCAGGGAGTAAAGAACATCCTAAATAGTTACTTTTCCAAAAAGTTTGATTACCGTCCACAGGATATTATTGTGCAGAATGGTTCTTATGCCACCAGAGCTTATGGACAGAAGAAATAAGAGTGATTATGAGTATTTGTGAGCAGAAGTTTTCCGGTCTCCTTTTGTTCTTGTTTTGGCGTATTCTCCACTATTCGTCCATAGCACATTTATACCTTAGCTAAATATTTTGTAAAGCAAAATTTTCGTTATCTCTTAAAAAATAGAAGAGCGGTTTATTAATATCAAATAATTGAAACTGCTGATATGGTAGCTATATACAAAATCTGCTGTCAAAATTTGGCAGTAAACGATCTTCACGGTAGCGGTTCAAATAAAGAGGAAAAGTCCTTCTCCCTTACTGTTTTTCTGGAATTTGGCTCGTCGTTAATAACAGAACTAAAGATACAGTAAAAGGAGAGATCGCAATCAACTTCATTAATTGTAACAGTAGCATAATCACAACTGGTTATCTGCGTTATAGACAATTCTTACTCACAATGATGGGCGCTTAGTTGGCTGTAAACGTCGCTTTTTAAAACTCCGAAAAGTTACCGCTACAGAAAAAAACCATAAATGTATGCTAGTTGCGCAGAGAGGTTTAGGGTCCAAAATTTACTACCCTGTCGCTCACTACAGCGACTGTCCCGAATTAAGCCCGAAGAGACGCAGAACTGTTGTATGAACCTCATGAAACCACTGATCTTGAAGATTTAGACCTTCAGAATCGTTTTCAATTAGAAGTATACAAGAAGTCTTTGTACAATAATGTCAAGACAGAGCTCTGAATTATAGTTCAGCCTTGTTATTTTTTTTTCCCTGGTTGCTAATTTGTATCTTGTCTAATGAAAATAATTTGAGGCAACGTAATGTTACCAATGTACAACTGTTTTTTTCCTCTCGTTAGCTTCGTTCTTGCTGTATTCACGAGCTTTTTTTTTTTGACTCTTCCCTAAATTCTTATATCAAGTGTAATTTTCAATAATATTTGATTCCAGTTTAGCGTACCTCGAGTTTTGCCTACCTAAAATGCAAATGCGATCTGCAAGAATTTCTATTGAAAGTACAACTTTAGTTCCAAATCTCCAATTTTTGATTGCTCAAAAGTAAATGATACTTTACCGTCCCTAGACTTCGGAGGGCCTAATATATTCTCAAGTATATTCAAATTTATGACGCCAGTAAAGGTAAATATATTATGAATATAGAAGCCACAGACTTAGATGTTTGTATTAGGAGATGCTTTCCTTGTCGACGCATATGTTGTCTATGACATAGAAAACCCACGGACTTTCAATGCTCAGGCAAGTTTTAAAAATCGCGAAGAAGACATTAAAATAATATTTGATAAAGCCGCTGGTGCCATTTCGCTTCTGATGCTTTAGCTGATGGTTTACGCATCTAGTAGCCGAATTGGAACAGAATATTTCTCTGACATAGCCATGCCTATAGAGTCTACAACTTTTTGGCGTCTGTAAATATTCTTCTACAGCCCTGATGCAAGTGGAAGTTCTACTTGTTTGAATAGTTCAAGTTTCAATGAAAGGACCATCAAGAAGAAAAATTGGGAGTATAGACGCCGTCGATCAAATGTCTCCTTTCCATTATTATCTTCCTTATCTTATCTTCTTTCTATATGGTTTGCATAGCGGAAAAGACACACAGGCGGGAATTTTACAATTTAATAACCTCCTTTATACGTCCGCTTTTTTACATATATGTGTTATTCATTAGTTGTACGATACCCTTCATGTCTTTATTCACTGACCAATCTCTCCTCTAGGAAAGTTCAGGGGCACCGTCAATTGATAGAACAAAGCAAACACTATGAATACTTTCTTCTGGTACACATAACAATTGCTAGGGTCTGATTTCAAAATGATGGTGATGATAAAAATAAGTCCTGCTTCTTAAAGCTTTTGACATTACCGTGTACAAAATTATCAGACCATCTTCCTCTTTTCTGAGAATGAAATGAAAAATTTTGTAACTGACATAGCGGAGACAGTTTCACAAGTAATTTGGTGCTAACTGTTGTTTGACCTTTAGGAAATTTTCTAGTAAAAGGAAGAATTCATATGAAGATGGTAGTGTTTTAATGTGGGTGCTTTTGTTATGGGAGTGCTACAATGATAGGCCATTGTCAAAGTTTGGAAACAGTAGACTTCAATGGTAAATAAAGTTAAATTTAAGGCGATTCCGATGAAATCTGTCTTTCAGAAGGTTTGTTATCTCTAATGCTAATCTTTAACATTTACGCCACTTGGAGTGGAATATACGTTCAAGTTCTTTTTGACATGCATTCTGGTCTCGACCTACTAACTTCTTACGCTACTTTCTTGGATTGGATGCGTTGCTTCTAGTACCTCTTCCTGCAAAACTTGATCCTATAATTGGAACAGTTCTTGCACACCTTTCTTTTGATTGACGGTACAAAAATTTTAGCTTTCTCAGGAACTTCGGCGTTTTTGAGCAGATTCAGTTGCATTCTTCAGCAGTAACACGCTGGAGTTTTTACGAATGTAGGCAGTATAAAGCAGGATCATGAAGTATGGTGAACTGGATGTGCGCAGAAATCCGACAGAATACGTCAAAAATATTGTACGTGTCAAACTTCCCTTGTAAAGATTGTCGAGTTTATTTTGACACTATGGTGTTGGCACCCTCTGCTTTGTTTTTAGCTTACAATTGAGGAGAGATGCATAAGCATATTTGTTTTTCTTACGCTGAGCAATAGACAGGAAAATAAATGGCGCTTACTACTCAACCCACTGTGTTAGAACCAAAAACAACACAGCTTCAAAAATGATACGTGCCATTTGATGGTAATACAGAGGCCGTAGTAGTGTTTCAATCAATAGAATACTAGAAATTGCAACACAGGTCAAAAAGAGAATAAAAAAATGTTAGGGGTTCATAGTTAAAAATATGATATGTTTTTGAGTTTGGGGAGAAAAGGCTGCTTTTGTTCCATAGTGCGTCTTTTAAAAATTTTCATCCTTGTTATTATCAAACTTTTTCCTGGGCGGTAACCTAGCTGAATAAGAACGATTTGGCTGCAATCGCCGAGAAAACAACCAAGCCAAGAATTCCCAAAAGGGATATGCTTGCATCCGCATTGTTCCCTCGGTTCTACTAATAAGAAAGAGTAAGAGACAATGTTTAGCGCTATTAAGTTATGCTATGGTTACATCATTTTGGCGGACTGGATCATGTCTGTCGAGAAAAACTTGACCGATAATTCAACGAAGTATTGGTGCCTAAGCTTTGCATCATAATATCTTACAAGTTTTGCTGAGAACAGATAGAGGCATAAATGAATGATTTACGTCTTATTTTTTGATAAGGAGGTATCGACGTCTGCCAGCTTAAGAATATGAAATCTGGCGCATGATTTCTTCAAAATAACTCAGATATTGTCAAGAACAGCCCACTATTGCTTGGAAGTGAAAATATACGCCAAAAGTGCATTTTACTTTCTACAATTCACCACAGTCTTCGAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:22793-24744

ATTTTGAGCCATTGAGGGCATAAAGCGAAAGGCACATTTTCAAAATTGGTCTTAGGTTCATCTTCTGATGTTATGTCGAGAGCTCTGAAAACCAATTATTTTGAAAGCTAACATTTCAAAAGGCTATTTCTTCTGAAATATCAAGATGGATATACTCAAGAGGGGAAATGAATCGGACAAGTTTACGAAAATAGAGACAGAATCTACTACGATACCAAATGACTCGGATAGATCTGGTTCACTGATCAGAAGAATGAAGGATTCCTTCAAGCAAAGTAACCTGCATGTCATTCCAGAAGACCTTGAAAACAGCGAACAGACAGAGCAGGAAAAAATCCAATGGAAACTAGCTTCTCAGCCCTATCAAAAAGTCTTGAGCCAAAGGCACTTGACCATGATTGCCATAGGTGGTACTTTGGGGACGGGACTGTTCATTGGTTTAGGTTATTCTTTGGCATCTGGGCCAGCCGCTTTGCTAATCGGTTTTTTGTTAGTTGGTACTTCAATGTTCTGTGTCGTTCAGAGTGCCGCAGAGCTTTCCTGCCAATTCCCGGTTTCTGGCTCATATGCCACACATGTCAGTAGGTTCATAGATGAATCGGTTGGCTTTACTGTGGCTACAAACTATGCTTTGGCTTGGCTGATTTCTTTTCCAAGCGAATTAATTGGTTGTGCACTTACTATTTCATACTGGAACCAAACGGTTAATCCGGCTGTTTGGGTGGCCATTTTTTATGTTTTCATTATGGTACTGAACTTGTTTGGTGTGAGAGGCTTTGCCGAGACTGAGTTTGCTCTGTCAATCATTAAGGTTATTGCTATATTTATTTTCATCATTATTGGTATCGTCCTTATTGCCGGAGGGGGGCCTAACTCTACTGGTTATATTGGCGCCAAATACTGGCACGACCCAGGTGCCTTCGCAAAACCTGTCTTCAAGAATTTGTGTAACACATTCGTTTCTGCTGCTTTTTCCTTTGGTGGTAGTGAGTTAGTGCTGTTAACTAGTACAGAATCTAAAAATATTTCAGCTATATCACGTGCTGCCAAAGGTACGTTCTGGAGAATCGCGATTTTTTACATTACTACCGTTGTCATTATTGGATGTCTCGTACCTTATAACGACCCCAGACTGCTCAGTGGTTCGAACAGTGAGGATGTATCTGCCTCTCCCTTTGTTATTGCTTTGAGTAATACAGGATCAATGGGTGCAAAAGTTTCCAACTTTATGAATGTCGTTATCCTTGTTGCGGTTGTGTCAGTTTGCAATTCTTGCGTTTATGCTTCTTCAAGACTAATTCAAGCTTTAGGTGCATCTGGCCAACTTCCTTCGGTATGTTCCTACATGGACAGAAAGGGTAGGCCTTTGGTTGGCATTGGGATTAGTGGTGCATTTGGTCTTTTAGGTTTTCTTGTGGCCTCGAAAAAGGAGGACGAGGTCTTCACTTGGCTTTTCGCCCTTTGTTCCATTTCATCATTCTTCACCTGGTTCTGTATTTGTATGTCACAAATTAGATTTAGGATGGCTTTGAAAGCTCAAGGAAGATCCAATGACGAAATAGCTTACAAATCCATACTGGGTGTTTATGGTGGAATTTTGGGGTGTGTGCTAAATGCATTGCTAATTGCGGGTGAAATATACGTATCGGCCGCCCCGGTCGGTAGCCCTAGCTCCGCTGAAGCCTTCTTTGAATACTGTTTAAGTATTCCAATCATGATTGTTGTTTATTTTGCACATAGGTTTTATCGAAGAGATTGGAAACACTTCTACATCAAGAGGAGTGAGATCGATCTGGATACTGGGTGTTCCGTGGAGAATCTAGAGCTTTTCAAAGCACAAAAAGAAGCTGAGGAACAACTCATTGCTTCTAAGCCATTCTATTACAAAATCTACAGATTTTGGTGTTAGATGGTACTCTTGCATATGTAACCTTTAATAAATTTTGCAAATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:24840-28390

TTTTTACGTACTGCACGGCATTCTGGAGTGAAAAAAAATGAAAAGTACAGCTCGAAGTTTTTTGTCCATCGGTTGTACTTTGCAGAGTATTAGTCATTTTTGATATCAGAGTACTACTATCGAAGCATTTTTACGCTTGAATAACTTGAATATTATTGAAAGCTTAGTTCAACCAAGCTGAAAAGAACCATTATTCAACATAATTGGAAATCATTTCGTTACTAAATCGTCCGAAAATTGCAGAAAAATGGCACGTCTTCCTCTAAAGCAGTTCTTAGCGGATAACCCCAAAAAAGTTCTTGTTCTTGACGGTGGTCAAGGAACAGAACTGGAAAACAGAGGTATCAAAGTTGCAAATCCCGTGTGGTCTACTATTCCATTTATTAGCGAATCATTTTGGTCTGATGAGTCATCTGCTAACAGAAAAATTGTCAAAGAAATGTTCAACGATTTCTTGAATGCTGGCGCAGAAATATTGATGACTACAACATACCAAACGAGTTATAAATCAGTTTCTGAAAACACCCCAATCAGAACTTTATCCGAGTACAATAACCTTTTAAACAGGATTGTCGATTTTTCTCGTAATTGTATTGGCGAAGACAAATATTTGATTGGCTGTATTGGCCCATGGGGTGCTCATATTTGTCGTGAGTTTACAGGCGACTATGGTGCTGAGCCAGAAAATATTGATTTCTACCAATACTTCAAGCCTCAGTTGGAGAATTTCAATAAAAATGACAAATTGGATTTGATTGGGTTTGAAACCATTCCTAACATCCATGAACTGAAAGCTATCTTATCTTGGGATGAGAGTATCCTGTCTAGACCCTTCTATATCGGGTTGTCTGTGCATGAGCACGGTGTCTTGAGAGACGGCACTACCATGGAAGAAATCGCACAAGTTATTAAGGACTTGGGCGACAAAATAAATCCTAACTTCTCGTTCTTAGGAATCAACTGCGTCAGCTTCAACCAATCACCCGACATTCTTGAGTCTCTACATCAAGCACTACCAAATATGGCCTTGCTTGCTTATCCAAACAGTGGTGAAGTTTATGATACTGAAAAGAAGATATGGTTGCCAAATAGCGATAAGCTGAACAGTTGGGATACGGTTGTTAAACAGTACATTAGCAGCGGTGCCCGTATCATTGGTGGTTGTTGCAGAACAAGTCCAAAAGACATCCAAGAGATTTCTGCAGCCGTCAAGAAATACACGTAAATGCGTTTTTAAAGAAGTTAAATAATTCTTAACATTATATATATGCTAAAAGCAGCATGTTACACTAAATACATTTTATAAACAATAGAAAGTATGTTAATACAATGCTTTTCAAAGCGACCATGACTTTCCGTACTTGGCCGACAAAAAAACAGAGTAAATAAAATGTCTATTATAATCGGGCGAGAATTAATAAACTAGCAGTTTAGCACAGCAGAATTTAGGCATACACGATGGATGAAAAGGTGTAGCCACACGAACCTGTCGAGATCCCTTTTTCTGTCTACTAAATCCACATAGGCCAGACTATTTCGTAAAGATATGTCCCCTGAATGCCGCAGCTTGCTGTATTTACCGTCACTTCTTTTTGCTCAGTTATACTGGAAATGACGGCCTCGGCATGCCAAAGTTCCAGAAACAGTGCAATTTCCTGTCATATCTCCTATCAATAGTTTCTTTAGCATATATGTTGATTAAATTTTGATAAGAATAAATAAAATGGAAAAAATACGTACTATACAGACATATATTTAATGCGTCACCTGCCTATTCAATAAAGGATTCGAAGCATTCTACAAAAGATTCTAAATTATACGAATCAGGGTAGTGAATACAGATATTCAGGCCCATCTCTTCACAGTATGTATAGGAAAGAGACATTAATGTGGGGCGATTTATCGAACTTGTAAATCCCGTACTTACAATTTTGAAAGATTTGTCATCGCCGTTCATCGATAACGATATGTCGGAAACATCATTGATTTGAATCAATTTTGTCCTTGAATTTTGGATATGGAAATCGTCGTCATTGTCATACTTCATCCTCCTTATATCGTCATCATTAAACCCATTCTTTTCCCAACTCCTCAGTTTTGCCATAATAAAACCGCTAACGTGCTTTGTAACTTTATTAAATTGATATTCCATCAATCTTTCATTAAACTCATCATCATTATCCTCGTTATCGTTACTGTTGGTCAAAAATTCGTTGGCGGAAAGTTCGTCATCAATTAGAGAAAGTGGACATTCGACCCTTAGTTCTTTGAAGAAGAGACCCAATGACCCACCTAAGCCTAAGTGGTTTCTTAAATTTATGGGAATAGTAAATACTATTGTACCGCTGAAATCCTTAACGAGAGGTTTTAAACATATCATTGCAATACCACAGATGAAACTTCTTAGACATATATGCTCTTGATTAACGATTGACTTTAAATAGTTAAACCTTTGGTTGTTTACTATCCCAAATACTGTTGTCCCGCATAATGAGGTGTGCGCATTTAGAATATCATTATACTTTTTCAGCTGTGTTGCAGATACTGACGAGCTGAGGGAAGTTTGATTGGTTAAATAGCCGAAAGGTCTTTTTAAAGTGTTATAGTATATTGATTTGAAAAATGACTGAGTTTGCTTGTGGAAGATTTGTGGTGTCATAGCGGGCAGGTGTAATTTTGCGCTATCATATATCGATTTGGGAAATTTTAATTCTGAGAGATTGATGTCATTGACATCAAACAAAATCCTATCTTCAGAGTGTGTTACTGTGCTGATTTCGTTTAACTCTTTTAAAAATAATTTGTGAAAGTTAGCTGCTGAAAATATATCAAACAATACGTCGTGACCATGAAAAACCAATAGCGCTTCGTCAATTACATATAGTGTCCATAAAGGTTTATTTGATCCGGGAACAAATCTAGTCTTGTTGAAGGCATGACGCAAGAGATAAGGAGGTGGAACACCCCAATGGCAATTGACCTCCTTATCTTTTATGGTTTCAAACTCAATCACATTAACAATATCGGAAGTTTTCAGCTGCTTCAATGGCTCGAATTCCCATTCTTCGTTTACAGTTGCAAACAATGCCGGTTGCGATTTAATCAATCTCTTCAAAGTTGTTGCTATTAGGGGCAGAGTCAGACGAGAATCATCTTTGGAAGAATTTGTTCCGAGCGTGACTTCATCAGAATGCCAGTCAGCGTCATTTTCTCTACTTAAAGATTTTGAATATGTACTCGAAAAAATAGTTCCATTTCTTTGGTCATTCAAAGATTGAGTGAGAATTTTTTTTTCAAAACTTGATAGTGGCCTAAACGTAGTCATTATGATAAAGTGAGGATGTGTCTGTGTTGTGAGTTACAAATGCACTTCTTTGGACAGGTATAACAAGGATAACGTATACACCCTTTTATATATGACCGTCCCCCCATACAAATTTGTGCTCGTATGCCGAGTGTGATCTACTCATCGCTTCGTTAATGAATCGTTTAGCCAAGAATATAGTAAACGTGTAGCAGAGTCATACCCCTGATGGCTGCAGACGCAGGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:28585-29840

TTTCATAGCTCGTTTGGGAATGCAGGGGTGACGTCCTTCTTCGGGTGTGTTGTCCTAACTTTCCTTAAACACATTGGGCTATCATACCAGTGAAAAAGAAACATACAATGGTCAGATTCGCTTTATTTGGCTACGAGAATGTGGCGGCTAAGTTCCCTCAACAACTATTCCACCAATCTTGATGGCTTTTCTAAGGCTCTAAGTAGACGTTAAGGTGGCTAAGATTCTAAAATTTTGCCATTTTTCGAGGTTGTGCTTCGCCCTATCCCTTGGAAAACATTTCTAATCATCTTAAATTCTGTGATTGAGAACGTTTTAACGTTATCTTAAACGTTTCCATAGAAGAACGAACGTGAAGGTTTGTAGCTCGTTAAAAGGCGATCTTGAATGATGTGAAGAAGTGTAAAAGGCTTAGGAAAGTTGCTTGTTGACCCGGTGTCGTTCAATATACTCCTATTACCCAAATGGCAGTTTCATAGAGTGATATTATTTCGTTGCCTTGTGTAAGTTAGAAGTACTTCTTGTCGATTGTGAATTCGGATAGCCGCTAGAACGCCAATCATTGCGGAGGTTTGCCATCGCATGGATACCATAGCCATCTGCACATTCTAATATAGATTATATTACTTTAGACCATGTCATTTCATAATCGTTGGTTTAAGCGGTGTTGTTTCCACAGTTTGTATGAGAACTTTTGTCCAAAGTAAAGTATCAGTAACGTAATCTGAGCAAACCTACATTAAATCGTAACTCCGCGAGATTCTTTTGTTCAGGTGGATCAGCGGCGTGGTTTACTTCCGATTTGCTCATCGTGCGCATAGCAGCATTTATTCCTCTAATTCGCTCGATAATCAACCTTTCCGCACTACGACGGTGGCAATAGTTGGACCTTAAGATATGCCTATCTGAATACAATTCTTCAACTCACATCAGTGGGACACTAAATAAAGCATATGGTATGAAATACTATGAATTATTGAATTATTGGCAGACACAGCAGCGACAAGTCAGAGTGCTTACAAAAAAAAAAGAGTTGATCCGGCTAAAGAAAGTCTGATTTACGTATTTATCCAGGTTCAAACGGATTGCCAAAAATAGTCGATAACCTCGGAGTAAGCAAAGCAACAATATATTTGTTCTTCGAAAAGGTAAACTTCTTAACTTCTATAGAAGCATTGTACTAGTTCTCTCGAAGAAAAAAACTAAGAAAGCTATAGCTGTATCTTACCAAGCCATGAACTTGAGGAATTGGTAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:30033-40140

ATTTCTAAGAAACATCAACAGTTTCAGCCCACAACCGATTCATAAAATGTCTGCCTGGAGGAAAGCTGGTATATCATATGCTGCATATTTGAATGTGGCCGCTCAGGCTATCCGTTCTTCATTGAAAACTGAATTACAAACCGCTAGTGTTCTTAACAGATCGCAAACAGATGCTTTTTATACCCAATATAAAAATGGCACTGCAGCTTCTGAACCCACTCCAATAACAAAATAGTTTAACGCTTCCTGGGAACTGCAGCTCTTTTTTTACTCGCTGATATACATTTTAAATATTCTAGCAACTGTGTATGAAAACTTACGTACTTTTATACGGGAAACTAATAATGACTACAATGATATTGAATACTGGCCGCTTCGAAGAGTGGTATAAAGTTTGTATCATTGCATTAAAAGAAAAAGAAATATATGTCCCATCATCGCCAATCGCAATGTTGAATGGTCGTTTACCACTTTTGCGGCTGGGCATATGCAGAAACATGCTGTCCCGTCCCCGACTGGCTAAACTGCCATCTATAAGGTTTCGGTCTTTGGTCACCCCTTCTTCATCGCAGCTCATTCCTCTCAGTCGGTTGTGTTTAAGGTCACCTGCAGTTGGAAAATCACTAATTTTACAAAGTTTTAGATGTAATTCATCCAAAACAGTTCCAGAAACTTCTCTGCCTTCAGCCTCTCCCATATCTAAAGGATCAGCAAGGTCGGCACATGCAAAGGAGCAATCTAAAACTGATGACTATAAAGATATAATAAGGTTATTTATGTTGGCGAAACGGGATTGGAAACTGCTTCTTACAGCCATACTTCTTTTAACCATATCATGTTCCATAGGCATGTCTATTCCTAAAGTCATAGGTATTGTCCTTGACACACTTAAGACGTCATCTGGATCAGATTTTTTTGATTTGAAGATACCGATTTTTTCTTTGCCTTTATATGAGTTTCTTTCCTTTTTTACTGTTGCTTTACTGATTGGTTGTGCTGCTAATTTTGGTAGATTTATATTATTGAGGATACTAAGTGAGCGTGTTGTTGCACGCCTAAGGGCAAATGTCATTAAAAAAACGCTTCATCAAGACGCAGAATTCTTCGACAACCATAAAGTTGGGGATTTAATTTCTCGTTTAGGATCTGATGCTTATGTTGTTTCAAGATCAATGACCCAGAAGGTCTCGGATGGGGTCAAAGCCCTAATTTGTGGGGTTGTTGGCGTGGGGATGATGTGTTCTTTGTCACCTCAACTATCAATATTGTTACTATTCTTCACTCCACCTGTTCTTTTTAGTGCCTCAGTGTTCGGGAAGCAAATTAGAAACACCTCTAAAGACCTTCAAGAAGCTACTGGTCAATTGACTAGAGTCGCTGAAGAACAACTCTCTGGTATCAAGACGGTTCAGTCGTTTGTTGCTGAAGGTAATGAATTGTCTAGGTATAACGTTGCAATTAGAGATATTTTTCAGGTGGGAAAAACTGCGGCATTTACAAACGCAAAGTTTTTTACTACAACTAGTCTCTTAGGTGACCTAAGTTTTTTAACCGTCCTTGCGTATGGCTCCTATCTTGTTTTACAATCACAGCTCTCCATTGGTGATCTGACTGCATTTATGCTGTACACAGAATATACGGGGAATGCGGTATTCGGCCTTTCTACCTTCTATTCGGAAATTATGCAGGGTGCTGGGGCCGCTTCCAGGTTGTTTGAATTAACAGATAGGAAACCTTCCATTTCACCGACTGTGGGACACAAGTATAAACCAGATCGTGGTGTTATCGAATTTAAAGATGTTTCATTTAGCTACCCTACAAGGCCTTCTGTTCAAATATTCAAGAATTTAAATTTTAAAATTGCGCCAGGATCGAGTGTTTGTATTGTGGGCCCTTCAGGTCGTGGTAAATCTACAATTGCACTCTTACTGCTAAGATATTATAATCCCACTACTGGGACTATTACGATAGATAACCAAGATATCTCTAAATTGAATTGTAAATCCCTAAGAAGGCATATTGGTATCGTTCAGCAAGAGCCGGTACTGATGTCAGGTACTATTAGGGATAATATCACTTATGGGTTGACATATACCCCAACAAAGGAAGAAATCAGGTCAGTAGCAAAGCAGTGCTTTTGCCATAACTTTATCACAAAATTTCCGAACACATACGATACGGTAATTGGTCCTCACGGCACCTTACTAAGTGGAGGACAAAAGCAGCGTATTGCGATTGCAAGGGCTCTAATCAAAAAGCCAACTATTTTGATTCTTGATGAAGCTACATCAGCTTTAGATGTTGAAAGTGAAGGAGCCATTAACTATACGTTTGGTCAACTAATGAAATCAAAATCGATGACTATTGTTAGCATCGCGCACAGGCTAAGTACGATCAGAAGATCAGAGAATGTTATTGTCCTTGGCCATGATGGATCAGTGGTAGAAATGGGCAAATTCAAAGAATTGTATGCGAATCCAACAAGTGCTTTATCGCAATTACTTAATGAGAAAGCGGCTCCTGGGCCATCTGACCAACAACTGCAAATAGAGAAGGTCATCGAAAAGGAAGATTTGAATGAGAGTAAGGAGCATGATGACCAGAAAAAGGACGATAATGACGATAATGATAATAATCATGATAACGACAGCAATAACCAGTCTCCAGAGACGAAAGACAATAATTCAGATGATATTGAAAAATCTGTCGAACATCTCCTGAAAGACGCGGCAAAGGAGGCTAATCCAATTAAGATCACACCACAACCGTGAGTCATCCGCATCGCATATACCCATTCTTATCTCGCACATTTAAATATATACTATATATAATACTGTTAAATGCCAAATAAAAAGGATTTTCATTACCCGAATCGATACTTTTGGTAGCATAAACAAATAACATTGAAACAATAACAAAGTGTAATGTGGCCGCACGAATCTTTGTCTGTAACAGCCTTAAAGATTTCAGTAGCACTGCCATGGATAATGATGGACCCAGATCTATGACCATTGGGGATGACTTCCAAGAGAACTTTTGTGAACGTTTAGAAAGAATTCACAATACATTACATTCAATAAACGATTGCAACTCATTGAATGAGAGTACCACAAGTATATCAGAGACATTGTTAGTTCAATTTTATGATGATTTGGAGAACGTTGCCTCGGTAATTCCCGACTTAGTCAACAAGAAAAGACTGGGAAAAGACGATATTTTGTTGTTTATGGACTGGTTATTATTGAAAAAATATATGCTATATCAATTTATTAGTGACGTTCATAATATTGAGGAAGGTTTTGCTCATTTGTTGGATTTACTAGAGGATGAATTCTCGAAGGACGATCAGGATAGCGACAAATACAATCGATTTAGCCCGATGTTTGACGTCATAGAAGAATCTACACAAATTAAGACTCAGTTGGAGCCATGGCTTACTAACTTGAAGGAATTATTGGATACGTCATTGGAATTTAACGAAATTTCAAAGGATCATATGGATACATTACATAAAATCATTAATAGCAATATATCGTATTGTCTGGAAATTCAGGAAGAAAGGTTCGCGTCCCCGATACGGCATACTCCATCATTTACCCTAGAACAACTAGTCAAGTTATTAGGAACGCATACGGAGACAACTGAGCCAAAGGTACCAAAATTTTCTCCGGCAGAAGATATTTTATCAAGAAAGTTCTTGAACCTAAAAAAAAATATCCCTCCAATTGAAAAAAGTTTGACTGATATCCTACCTCAAAGAATTGTGCAATTTGGGCACCGGAATATAACAAACATAACTACTTTGCAAACAATCTTGCAAAAAAAATACGAGCTGATAATGAAAGATTATAGATTTATGAATTCAGAGTTTAGGGAATTGAAAGTCGAACTAATCGACAAACGTTGGAATATACTCTTTATTAATTTAAATCATGAACTATTATACATTCTTGATGAGATAGAAAGGTTGCAGTCGAAATTACTGACAACAAAGTATACCAAAGATATCACTATAAGGCTCGAGAGGCAATTGGAGAGAAAATCAAAAACTGTTTCTAAGACATTCAATATTATTTACAGAGCATTGGAATTCTCACTTTTGGACGCTGGCGTCGCATCGAAGACAAATGAATTAGCTCAAAGATGGCTGAATATCAAGCCTACAGCGGATAAAATTCTAATCAAATCCTCCGCTTCAAACAAAATAGCTACTAGCAAGAAGAAGATTCCAAAACCGAAATCATTAGGCTTTGGGCGACCGAATAGTGTTATTGGAACTATAACCCAGGATTTCCAGGAGAGAGTCGCCATTAATGAAGGTGACAGTAATAAAACACCGGAAAATTCAACTACAGTGGCTTTGAAAGGTAAAAAGCTTGGTAAAGCGTTACTGCAGAAGATGAATATTAAACCTGCAACAAGCCCAAATTCATCAAATGCGATTAATCCATTTTTTGATCCGGAGTCGCCAAACAAAGGAAAACTGATACTAAGTAGTGTTCCTCCCTTACCTTATGACGAAACCGATGAAACCACCCTCCGTGTTTCTCGTGGGGAAAATGAAAAGTCACCAGACTCCTTCATTACATCTCGGCATGAAAATAAAGTACAGATTACAGAAACTCCTTTGATGGCAAAGAATAAGTCTGTGCTTGACATCGAAAAAGATAAATGGAATCATTACCGGTCCTTGCCCTCTAGGATCCCTATATACAAGGATAAAGTGGTGAAAGTCACCGTAGAAAACACACCGATAGCAAAGGTTTTCCAGACTCCGCCAACAAAAATCACGACACCTAATAGTCAAGTTTGGGTCCCTTCGACAAGAAGAAGAACCCGATTGAGGCCTCCCACCCCCTTATCACAGTTACTTTCACCAAGAGAAGGGCGTTTAGATAAAACCCCAACTTATTGATACTAACCTAAAACTGTATACTTATACATTTTTATATATCCTCCCTCTCACCCTCTCCATTCATAGAATTTGTAATACTAGTTTAAATAATGTAATATTATGTGTAATTTTAAATAGTCCATGAAGATTCCGCACGTTTTCATTTTACAGTTTTTGACACCTTTACCCGACGCTTTATAAAAAAAATAGTATAAGCATCACGACATAAGCAGCCTCAGGTCATTAAAACAATAAAAGACTGGGAATTATAAACGTACAACGGTAAGGTCATTCACGCAGTGTATATGAATGACTGAAAGTGCTATAGATGACCAAAGGTTTAATCTTACAAAGGAGTTACAACGACACTCATGCAGAGATCAAGGGAAAATAACACAAAAGGATGATGCTTTAGATTTTATAAGTTACAGTTCTTTTCAATCCTCTTTTAATACTGACCAAAAAAGCGCGAACAATGGAAGTACTGTGAGAAGAAGCATAAGGTCGATTTTTAGAAGAGCAGCCGAATTGCCTAGAGTCCATATGGGGCCTCTTACTTATTCACATGGGATAAATGAGCTTGTTAACAAGAAATTAAGAAAAGACTGTGATCTCAGCACGCTATGTCGCGTATTGCAAAGAGGAATCAGGATGATTAGGATGACAAGAAGAAGAAGGAAGTTCTATGAATTTAAATTAATCAATAACAACGGGCAAATAATATGGAAAGATGGTTCGAAGTATCTGGAATTAGACTCCGTTAAAGACATCAGAATCGGTGATACGGCGAGTACTTATCAAGAGGAAGTAGATCCGAAAAGATTGAGATCGGACAGTAAACTTTGGATTGCTATTATTTATAAGGTTTCCAACAAATTGAAAGCGTTACACGTAGTTGCTTTGAATGAATTGGACTTTAACACATTCTTAAGCTGCATTTGCGGTTTAGTGAAGTTAAGGAGGGAATTAATGGAAAGCATACTTTTGCCTGATAATTCGCAATTCGCTAGGATACATTGGCAAATTACTGTTTCTGAAAAAGAGGAAGATGAGAAAAAGGACACATTGAGCTTTGCAGATGTGAAGAAACTATGTGATAAATTTCATATTTATGTGTCAACTGGTCAATTGTTAGAGTTTTTCCAATTAGCAGACATCAATCATAACGGACTATTAAATTATTTTGAATTTGAAAAGTTCATTAAAATCTTAAAGAATAGGAAAGAGGTAAATATGATTTGGTCTAAATTTACAAAACCTCCACACTCCCACTTATCATTTGAAAATTTTTTTCAATTTTTAATTACAGAGCAGCATGAGCAAGTGGATCGTCAAACTGCATGGTCATATTTTATTAAGTACAGAGAACCGACTCAGCTGACGATGGGGCAAGATGGTTTTACCAAGTTCTTGAAGGAGCAACCATATTTGGTGGAGGTTAAAGAGGAGTTATATTCAAAGCCATTAAACCATTATTTTATTGCATCTTCACATAATACTTATTTATTGGGGAAACAAATTGCAGAAACTCCATCTGTGGAGGGATATATTCAAGTCCTACAACAAGGTTGTAGGTGCGTAGAAATTGATATATGGGATGGTGAAAATGGGCCAGTGGTATGCCATGGATTTTTAACGTCAGCTATTCCCTTAAAAACAGTTATACGCGTGATAAAGAAGTACGCTTTTATAACGTCTCCGTATCCTTTGATTATTTCACTGGAAATAAACTGTAACAAGGATAATCAAAAATTGGCAAGCCTGATAATGAGAGAGGTTTTAGCAGAACAGCTGTACTTTGTTGGCACAAGAACTGATAAACTGCCATCACCAAGGGAATTAAAACATAAAATACTGTTGAAATCCAAGAAGACGAGTGAAGCAACTAGAGGTCTTAGCGTTAATGAGCCATTTCCATCTTCTTTTAGTTCTTCTTACGAATCAGCTAATGAACAGGAATTAAGAATGAAAGATGACTCCACGAACAGTAGTAGCGCAACAAATTCTTCTAGTATGCAACGCATCAAAAGAATTGGATTAAAAAAGCACGCTGATATAATTAATGATGTTTCTAACATTTCTGGAATACATGGCATCAAGTTCAGGAATTTCTCTTTACCAGAGTCCAAAACGATAGCGCATTGTTTTTCACTGAATGAGCGCAAAGTAGAATACATGATAAAAGACAAACACTTAAAATTATCGTTGGATAAACATAATAGAAGATATTTGATGAGAGTCTATCCTCACGTTTTACGATACAAATCATCAAATTTTAACCCAATACCTTTTTGGAAGGCCGGTGTACAAATGGTGGCTACGAATTGGCAAACTAATGATATTGGACAGCAACTTAATCTGGCAATGTTTCAAATATTAGATCACCAACCTGATGGAAGTTTTAAATCAGGATACGTGCTAAAACCAAAAAAGTTGCTACCTGTAGTAACAAAGGCGAAAATGATTCCATTAATTTACGAACATTTTGAAAATGGTAGTGATCCTGTTACTGTTAAAATTCGAATTTTATCTACACAGTTATTGCCCAGATTGAATGATACATCGCCAAGCAGAAATAACACCAATTCCTTTGTTAAAGTGGAGTTTCATACCGATGACGAGCCGACAATGCCCATCTCAATCGATAAGGGTACAAGGATTTCTGCCACTGAAGCATCCACTAAGAGTTCTCAAGGGAATGGATTCAACCCAATATGGGATGCTGAAGTTTCTATCACATTGAAAGATACAGACCTCACATTTATAAAATTCATGGTTATCTCTGAAGAGACCCAGATTGCATCTGTTTGCCTTAAGCTGAACTATTTGAGGATGGGATATCGTCACATTCCGTTGTTTAACATGGAGGGGGAACAATACATATTTTGCACTTTATTTATTCATACACAAATTTTATAGGCGATCTTTTTCCGGCCAAATACACATATTCATAAATACGTACATATACCTACTTGCATATACCAACATGATTACCTAGAATGGATATATCAAATGGGACGACGAAGTACCACGACAATACACAATAACAACTTCTGTTTTTCGCTGATTGCCTTCTCTTCAGCAGAAAGTTGATGCATATTTCGCGTAGCGCGTTGACGCGTCTTCTTTCTGAAGTTTTGTGCTTTTGTTATCATACTATATAAAGTAAAAAGAAAGGAGAACATATTAAGCATTACTGAATTAGGATCCTTTGGAAGAAATAAAGTAAGAGACACTGAAAGATGATATCACCATCAAAAAAGAGAACCATTTTATCAAGCAAGAATATAAACCAAAAACCACGAGCAGTGGTAAAAGGCAATGAACTTCGTTCACCATCAAAGAGAAGGTCACAAATAGACACAGACTATGCACTAAGGCGAAGTCCAATAAAGACAATCCAAATTTCTAAAGCTGCACAATTTATGCTGTATGAGGAAACGGCTGAAGAAAGAAACATAGCTGTCCACAGACATAATGAAATATACAATAATAACAATTCTGTGAGCAATGAGAATAATCCTTCCCAAGTAAAAGAAAACCTTTCACCCGCTAAAATTTGCCCTTATGAAAGAGCATTTTTAAGGGAAGGAGGAAGAATTGCATTGAAGGACTTAAGTGTTGACGAATTCAAAGGTTACATACAGGATCCTCTCACCGATGAGACTATACCACTGACGTTGCCACTGGGTGATAAAAAAATCAGCCTACCCAGTTTTATAACGCCGCCAAGAAATTCGAAGATATCTATTTTCTTCACTAGTAAACACCAAGGACAGAACCCAGAGACAAAGATATCCCGTTCTACCGATGACGTCAGTGAAAAAAAAGTAGTGAGAAAACTGTCCTTCCACGTCTATGAAGATGAGTAAATAATGTACACAGTTAGCGTCTAATAATTAATTAACGATACCAATTTAATTCATTCACGTATTCCTCACCTCGTGTGTAAATTACTAACAGAGTAGTAATAATAATAAGAATCAATAATAATAATAAATCCATCCTTGTGTATTACCCGGGTTAGAGGGTAGAAAAATTTTTGAAAATCGCGATGAGCTGAAAATTGAAAATATTTGGTTATAACATAAGATCGATAAATTAGGAACAGTGCATTATACAGTGGACTCATTCGGTTAGAAGCTTTAGACGTCGTACCTTTTATATCGATACAAATAAAAATAAAATTATACCATGGGAAAGGCTGCGAAAAAGAAGTACTCCGGAGCAACTTCGTCCAAACAAGTCTCTGCCGAGAAACATTTGAGTTCAGTATTTAAATTCAACACAGATCTAGGTCAGCATATTTTGAAAAATCCTTTGGTGGCGCAAGGTATTGTTGATAAGGCACAGATTAGACCCTCAGATGTTGTTTTGGAGGTTGGTCCTGGTACAGGTAACCTAACTGTAAGGATCCTCGAACAAGCAAAAAACGTAGTGGCAGTAGAAATGGATCCCAGAATGGCTGCAGAATTAACTAAGAGGGTACGTGGCACACCTGTGGAGAAAAAGTTAGAAATCATGCTTGGAGATTTTATGAAGACTGAATTACCATACTTTGATATCTGTATTAGTAACACTCCTTACCAGATCTCATCGCCTCTGGTTTTCAAATTAATTAACCAACCAAGACCACCAAGAGTATCTATTCTTATGTTTCAAAGAGAGTTTGCTTTAAGATTACTGGCAAGACCAGGTGACTCATTATACTGTAGATTATCCGCCAATGTACAAATGTGGGCTAATGTTACACACATCATGAAAGTGGGTAAGAATAACTTCAGACCGCCACCACAAGTGGAATCCAGCGTTGTTAGACTAGAGATTAAAAATCCAAGACCGCAAGTGGATTACAACGAATGGGATGGTTTGTTGAGAATCGTCTTTGTGAGGAAAAACAGAACGATTTCAGCTGGCTTCAAATCGACCACCGTGATGGACATTCTGGAGAAGAATTATAAGACATTTTTGGCGATGAACAACGAAATGGTGGATGATACAAAGGGTTCTATGCACGATGTCGTCAAGGAAAAGATTGACACAGTTCTGAAGGAGACCGACTTAGGCGACAAAAGAGCGGGTAAATGTGATCAAAATGATTTCCTAAGGCTATTATATGCTTTTCACCAGGTTGGTATCCATTTTTCATGAGCTCTCTTATCAATTATGTAAGTGCTTGTATACTATTTACCTAAGATAAGAAAAAAAAAAGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:40728-46576

ACCGTACCGTCAGTCTCAGTCAAAAAATTTTGATATTCAATCTGATAGCAAAGTTGGAACTTGGGGTTATCTGGCCCTTTTTTGTTATCATATTCGTATACCCAACAACATATCGGTTCCACCGGTCCTTTTTATATATAAAAGACGATGTGTAGATGCACTCGAGTATTCTTGGAGAACGTAACTTGTATTGAGCTAGAGTGCTGGATAAAGTACCACATACTAACGTTCTTTTATAGAGCCAAACATAATTCTTTTGCACTTTCAATATAAGGTACAAGTGAAACACAGGAAAAAAAGAACTAACTCTAAGTAATGAAGATGCCTCTAAAGAAGATGTTTACCAGCACGTCTCCTCGTAACTCTTCTTCTCTTGACAGTGATCATGACGCTTACTATTCGAAACAAAATCCTGACAATTTCCCTGTAAAGGAGCAAGAAATCTATAACATTGACCTGGAAGAAAACAATGTGTCCTCTCGTTCATCCACCTCTACATCACCTTCAGCAAGGGACGACTCTTTCGCAGTTCCAGATGGTAAAGACGAAAACACGCGGTTGAGGAAAGATTTAAAGGCAAGACATATTTCTATGATCGCCATTGGTGGTTCATTAGGTACAGGTCTGCTTATAGGTACAGGTACCGCCTTATTGACGGGTGGTCCGGTTGCGATGTTAATTGCATATGCCTTTGTCGGCCTTTTAGTCTTTTACACCATGGCCTGTCTTGGTGAAATGGCTTCTTACATTCCATTGGATGGTTTTACAAGTTATGCCTCACGTTACGTGGATCCTGCATTAGGTTTTGCTATTGGTTATACTTACCTTTTCAAATATTTCATCTTACCTCCCAACCAACTTACTGCTGCTGCTTTGGTCATTCAATATTGGATCAGCAGAGACCGTGTTAACCCTGGTGTGTGGATTACTATATTCTTGGTTGTTATTGTCGCTATCAATGTCGTCGGTGTAAAATTCTTTGGTGAATTTGAATTTTGGTTGTCCAGTTTCAAAGTCATGGTAATGTTGGGTCTAATCCTGTTACTATTTATTATTATGCTTGGTGGAGGTCCTAACCATGACCGCCTAGGGTTTAGATACTGGCGTGATCCTGGTGCGTTCAAAGAATATTCGACGGCTATCACTGGTGGTAAAGGTAAATTTGTTTCGTTCGTTGCTGTTTTCGTTTACAGTCTTTTCAGTTACACGGGTATTGAATTGACAGGTATCGTTTGTTCTGAAGCTGAGAATCCAAGAAAAAGTGTTCCAAAGGCAATTAAATTGACAGTTTACCGTATCATTGTTTTTTACCTATGCACCGTTTTCCTTTTGGGTATGTGCGTTGCATACAATGACCCTCGTTTACTTTCCACAAAAGGTAAGAGTATGTCTGCTGCGGCATCTCCATTCGTGGTTGCCATTCAAAACTCAGGTATTGAAGTCTTACCTCATATCTTCAATGCTTGTGTCTTGGTTTTCGTTTTCAGTGCTTGTAACTCAGATTTGTACGTTTCTTCCAGAAATTTATATGCGTTGGCAATTGATGGTAAAGCGCCAAAGATCTTCGCTAAGACAAGTAGATGGGGTGTTCCTTACAATGCTTTAATACTCTCCGTGCTGTTTTGTGGCTTGGCGTACATGAATGTGTCTTCAGGATCAGCAAAGATTTTCAACTACTTTGTTAACGTTGTTTCTATGTTCGGAATCTTGAGTTGGATCACCATTTTAATTGTTTACATCTACTTCGATAAAGCCTGCCGTGCTCAAGGGATTGACAAATCAAAATTTGCTTATGTCGCTCCTGGCCAACGTTATGGTGCTTATTTTGCTTTATTCTTCTGCATTTTGATTGCTTTAATCAAAAACTTCACTGTTTTCCTAGGTCATAAATTTGATTATAAAACATTCATCACCGGGTATATTGGCCTGCCTGTCTATATCATTTCTTGGGCTGGTTACAAATTGATATACAAAACCAAAGTGATAAAGTCTACCGACGTGGATTTGTACACATTTAAGGAAATATACGATAGAGAAGAAGAAGAGGGAAGAATGAAGGACCAAGAAAAGGAAGAGCGTTTAAAAAGTAACGGTAAAAATATGGAGTGGTTCTATGAAAAATTTTTGGGTAATATCTTCTAGATGCCTTTTTAATCAAAGCCTTAGGGCAACATGAAACTATATTCATCCAATCAAAAAAATGAGCACAAGAATTTCTCTTTGATCATTTTTCTTTTACCTTTAATAACAATCGTTATCAACATTTTTTATTTCCAGTCCTACCACAGCATTATTGCATAATTAATTTACAGGAAGATTTTCTTGAAAAAATAGAAAGAAAAATACCCATTTTTTCAAGGAAAATAAAATTTATATATTACATACATTTCTATAAAACAGTTTAAATTCAAAAATATAAACAAAAACATAAAAATAAGAAAAGTTCAAGTCTTCGTTATTTTCTGTTTGTGGAGTAATCGATCTTATTAACATATATGTGGAGACTTTTCAAATATAGCCACCTGCAACATGGAACCATAGTGTACAGGTATCACTTAATCCTCCAAATCATCTAATTCAAAGTCCGATGTGGAGAGTAGCTCGGCAGTAGCCACAACGTTTTGTTTGGAGGCTCTCATATTAATGACCCATATAGTAGAACTAACGATAACTGCCATACCGCACCACGTCCATATGTTTGGCCAGTGGTGAAAGAGCACGACATCCCAGAAAACAGCATATATAACTTGAGTATAAGTCATTAACGAACCCCTTCCTGCACGCTCCCTCTGGATTCCCATTGTTAACAGAATTTGGTGAATGAATCCAGAAATACCCAAGTTCAGAAATAGCCCCCACTGCTTCCACGAATGAGGCAGTTGTAAAGACATCGAGGGAATTAGAAGCACACCGAGGGCTGCCACAACAGTAGTAACCAACGAGAAATAACTGACACTCATGATGGCATGTGCCTTGTTACCGATATATCTTATGATAATGTAAACACTACTCAATCCGCAAACCCCCAATAAACTCACCCCGATAGCAATGAGTCTTAATTTGGGATTTTGAGTCTCAACAATATCGTCTTGTGGAGATTGCTGGCCTTGGGTCTGCTCACCAAACAAAAATGTAGGTCTAATAATTAACACCACTCCAGAAAATGAAATTAGGGACCCCAAGGCTTCAAGTTTACTAAATGGCTCACCCAGCAGTAAAAATGAAAGGAAAATGGTTAGGGTTGGCGACATGAAGGTGATTAAGACAGCGTCACTTATACTTAGATACATTAAAGAAAAGTACATTCCAAAAACACCAAAAAAACCCATTATACCTCGGAGTATCAACCATTTCCTGCATGGTGCTGGGCCCCATGGAATATCTGGAACACTTTGTTTATTCCAATGCATGTATACTAGCGTACAACAGTACGTGATAGACATCCTTACTAGCAGGATTTGCAGAGGATTAATTCTTGATTGCGAAGTTTCCAGTGGGTCATTTTCTAGGACTTTGGTAGAAACTACCATAGAAGAATTGAAAAAATAAGACACTATAAGTAAGATAAGTCCATAATTAGGCTTTAGATAATCTTTACTAATTCTTTGCAGCGTCATTGAGAGAGGAGGTGTTTATTCTACTTTTCTGTTGGGGCAGCTTTCGTGAATGTAATAATGAGATAATTTTCCCTGTCTCCTTTGTTTTTTTTTCCAGATGACTCAATTAGTGACTAAAGAAAAGGATGCCATATGGAAGACAGATATCTATAAAAAAAAAAAATGCTATAAATACTTTTTAAACTCAACTACAAAAGCGAAAATGTTTACCTTCTTTTGGAAGGTTTAGTAGTCGTATCTCTTTCAATGATTCCGCCTGTATCCTCCAGACGCTCTTCCTCAAGGGTCACCTGATCTCTTCTTTCCCACCAACGGTCTTCACATAACTCAAATGACTTCGTCTTTAACTGTTTACCCTTAAGGTTTCTGTTGTTAGAAATAGACCAGGTTAAGAAATTTGCACCTTCCCTTAAGTAGAATGCTCTTAAAGTTTCGAACGGTTTTGGGTGTGGTAGCCAAGACCTTTCGTCTGGAATCTCCATCTGCGCTTGTTTGTCATCGTCGCTCTCGCTTTCCTCATCTTCATCACCTTCAAGGGGTCCTGCATCTTGTTCCTCTTCGCCGTCGTCCTCATCCTCCTCATCGTCCTCGTATTCAAACTCATCTTCGTCCGAATCTCTATCACCTAGTCTCTTTGCTTCTTCGATGGCAGATAGGTCTTCCCAGTAAACCTTGACACCATCCAACTTGTTCAAATCTATACTATAAAATGAGTTTATAGGATAATCTTTTTCGCCCAGTTCCCAGACACCACTGTAAATGAACAACGAGTCGCCCACTACACAAGTTGCTGCGTTAAATCTTGGGTGAGGTAATTGATTTGAGATGGTAATATCTTCTTGGTTGTCCAAATCACTGTCATCTTCGTTATCTTCGTCGTCATCGATAGAGTTAGGACCCGTTGTGCTGTTGTCATCATTGTCATCGTCGTCGTCATTTAGATTAGACTTGGCCAGAATGGAATTTAGTAAATCCTGCAGTTCCTTTTCTTGATCTTTATTAGATTTTCTTTTACTTGTGGCGGGTGAATTTTTACTATTCGTTTGACGCTGAGGTTTAATTCTAAGTTTAGACCATTTGTTCAACTCTAGGTGGAACATATATAGGTCGTTATAGAAAACGGACTCTAAGGATTCCTCTGTCTCTTGTAAATCGTAGACACCACCAAAAGCAACGGACTTGTTTTGCTTCCATAGATTGAACGAATACCCGACTCTTGGTGAGGGCTGGTTCTTGAAATTCTTTAATTTTTCCCACTGCCACTTCTTTGGATCAGGCGTTAAGTTCAGTTTCCATGCATCATTCAAGATTTTTCCCTTCATTAAATTTTTATTATTTTTGGCAATGATTTTACAGTAACCACCCATTAATATGGCAGAATTATCTGTAGGAATGAAACAATGACCCGATCTAGCGTCAGGTTTGCTGTTTGTCTCCAATTTGGTCCATTTGTAGGTTGAGATATCAAAACACCACAAATCATTTAGGTAAGAAGTTTGACCATTCCCCAAATCTCTAAATCCACCAAATAATATGAAATAGTTTTTCCAAGCAATAATTCTATGACCTGATCTGGCGCTGGGTGAAGAGTCTCTACCGCCAAACTCCAACTTAGTGAATTTCCTTTCAACGCAGTCAAACAGCCATGTATCAGAATAGTGGTAGAATTTAGATTGTTTTGGGGACGAAAATTCACCACCGTGTAACAGTGCTATTCCGGAAGGATGCACAGCGACAGCGGCACTGGATCTGGGCAAAGGTGCATTTTGCGAAACGTATTTTTTCCAAGAGTTGTTCTTTATGGAGTATGAATACAAATCATTATAGAAATGTGTTAGTTTGGTTTCTGGATCTGTAAATTCACCACCGAAAATGAACAATTCATGTTTATTGTGTTGCGGATTTGCAAACATCAACGGATGAGTACGACAAGAGGGTTTTTCCACAGAAGTGATGTCTACATGCTCTAATTCAATTTGCTTTTTGCTAAAGCTAGAGAGAATTTCATCGAGATCTTGATCACTTTCATCATCTTCTTCGCCGTTTAAAGACTTATTCTTGTTCTTCTGAAACTTTTTCTCCTGCTTTTTTTGGTTTTTCTGATTCTTCAGTTCAGCACGTGCCTTTTTGGCCTCTTTATCCTTCTTATTCTTCTTTGCCATTAATCACTTCTACGAGTCTAGTAGATCTCTTCTCCTTCCTATAAGTGGTTAATGTATTCTTCGAGAAGCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:47227-49010

TCATTTTTTTGCATTTTTAAATTCGTGACTTTTAGTACTGCAGCTGTTTTTTTTCTCACGTCAAGAAATTCCATAAAGTCTAACTATTAAACGGATAAGAGATACAATCATGTTGAGATTTACCAATTGTAGTTGCAAGACTTTCGTAAAATCGTCATATAAGCTTAATATAAGAAGAATGAACTCCTCGTTCAGAACTGAAACCGATGCATTTGGTGAGATACACGTGCCTGCTGATAAGTACTGGGGTGCCCAAACTCAAAGATCCTTTCAAAACTTCAAGATTGGTGGCGCTCGTGAAAGAATGCCATTGCCTTTGGTGCATGCATTTGGTGTTTTGAAGAAATCTGCCGCGATTGTGAATGAGTCTCTGGGGGGATTGGATCCCAAGATCTCCAAGGCTATTCAACAGGCCGCTGACGAAGTGGCTTCTGGTAAGCTAGACGACCACTTTCCATTGGTTGTTTTCCAAACGGGTTCCGGTACCCAGTCTAACATGAATGCTAATGAAGTTATTTCCAATCGTGCCATTGAGATCCTAGGAGGCAAGATTGGATCTAAACAAGTCCATCCAAACAATCATTGCAACCAATCTCAATCATCCAATGATACTTTCCCCACTGTCATGCATATCGCTGCCAGTTTGCAAATTCAAAACGAGTTGATACCTGAGTTGACCAATTTAAAGAACGCCCTTGAAGCCAAATCCAAGGAATTTGACCATATTGTGAAGATCGGTAGAACACACTTGCAAGATGCCACGCCTTTGACACTAGGTCAAGAGTTTTCCGGTTACGTGCAACAAGTTGAGAACGGTATCCAAAGAGTGGCACATTCTTTGAAAACATTGAGTTTCCTGGCACAAGGTGGTACTGCCGTTGGTACAGGGTTGAACACCAAGCCCGGATTCGATGTCAAGATAGCCGAGCAAATTTCCAAAGAAACTGGACTAAAGTTTCAAACCGCCCCTAATAAGTTCGAGGCTTTGGCTGCTCACGACGCCATTGTCGAATGTAGCGGTGCTCTAAACACCCTTGCTTGTTCTCTTTTCAAAATAGCGCAAGATATAAGATACTTAGGGTCCGGGCCACGTTGCGGCTACCATGAACTAATGCTGCCAGAGAATGAACCAGGTTCCTCAATCATGCCTGGTAAAGTTAACCCAACCCAAAACGAGGCATTGACTCAAGTGTGTGTGCAAGTCATGGGTAACAATGCAGCTATCACGTTTGCCGGCTCTCAAGGTCAATTCGAGTTAAATGTCTTCAAGCCAGTCATGATCGCCAATCTATTGAATTCGATCAGGTTAATTACTGATGCCGCATATTCATTTAGAGTGCACTGTGTTGAAGGTATCAAAGCCAATGAGCCTCGTATTCATGAGTTGTTGACTAAATCTTTAATGTTAGTCACCGCTTTGAACCCTAAGATCGGTTATGATGCCGCTTCCAAGGTCGCCAAGAATGCTCATAAGAAGGGCATTACCTTGAAGGAAAGTGCATTGGAATTGGGTGTATTGACTGAAAAGGAATTTGATGAATGGGTTGTTCCTGAACACATGCTAGGTCCTAAATAAACGAGCTAAATACCTAATAATATACAAGTTTTTTATGTCTTATTATATGAAGGAAAATAAGGAAGTGGAGAGAATTTGTGATTCAGCAATGGTCCCTCCGCTAAGGTCCCGCCTCTGGCCAGTTATGTCAGAAGAGGAGCATAGGCATACATTCCATTTTTGATGGCTTAATGGGGCCCATAAATTTACATCACTACATTATTATTCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:49137-52715

ATAAGAGAGTACACCAGAAGAGCAAATCTCTTTAAGAAGTTTAGCAGCAAATATCGGTTTAAAAACAAACAAAAGCAAAGGAAAAGAACTACTAAATCTTCGAGGACTTTCCCAATTTTTAAAACGCTGAAATTGTATTAGAAGAGAATAACTGTCTAAAAAGAGCATGTTTGCATCCGCTGGACAACAACACCCTCAAATTGTTCCTAAGGAAGAGGAATCCATATTAAACTACCTCCTTGAAGTGAGATCCTCCTTGGCTAAACTCAAGCAAAATAGGACCCAGTATTTGAACTCTAAGGATGTCCAAACTACTTACCAACACGTCTTGACCAAAGTCAGAGAGTTGGACGATATTAGGAAGAATAGTCATGAGACGCCCGCTAAGAGCGCCGCCACCCTGATTCATAGTACTGAATTGCATAATAGAGTTGACTCCGTACTGGATGATGTCTTTCAATTGCTCTCGTTGTGTTTTTTAACTGTTGGGCTAAAAAATTCTGCACCTGCGACTTATGCATCGTTATCTACTGTGGAGAGTCTTTTGGAACATTTAAATGAATCAAACGTCTTCACCCATCACGATTTGAGTCCTATTAAGGAAAGGCTGGAAGAAATCAGCAAGATTGTCGAACAAAAAAACTCTAGTCCTGCGTACGATGAGGATGGAAATGATGACCGATTAAGGGAAATCGACAACGAAAGGAAAAAGAATAAAATTGAGGAAGACCTATTACTACGTGCTAAATTAAAGCATTGCAAGGACGAATATGATATATTGGAAGGCAAATTGGAGGAAATTGATCCGTCTTTGTCTACTGTAATGGAAAAGTTATTCCGAATTAGAAGAGGTTTATTGTCATTAGTTGCATCTGCTAAAAAAACAATGTCTAAATCTGATATTAATACCAACTCTTTATTGCAGGAACAAAATGATTTGCAAACGAACAATGAAAGCTTAACGGATGACAAACATTTAGTATCTCAAGAGTATGTCCATGAGAAATTATCAGTTTTGAAGAACGAATTAAGTGAATTAGAATCTAATCGTGACGATTCTGGTAAATTCAAGTCCTTGGAGTCTCATCAGGTGGCAGAAAAAGGCCAAAGTGTCCTTAATGGTTTATTGGATGATTGCCATGATTTAGTTAACGATTTATCACACCAAAAAAATGGCGGGTTGACTTTAGATCCATATTTACAGCCAATATATGAACAGCTGATTGATATAAAGACTACCTTAGAAAATTTAATGATCACAAGAAGATGGACTTTGAGAGAAACCGATTTATTTTCTTACCAAAAAAAATTGAACGAAATTGATAACAAAAGAATCAATGGTAAGTTTCCAACAAAATCTCAGGACTCAAAGGGGCAATCAATACTTTTATACCTGTTGCGTAGATGTTATGCCATAATTTATAAACTGTTGGAAAGTTCAGAGCCCGTATCTGAAGCGTTGCAGCCAATTCACAATCAACTATCTACAGTTCGTCGTTGCCTATTAGAATTGAAAAGAATGGGAGGTGTGAATAATGAAAGAGAGTTATACCCTTATCAAATGAAATTGGCTTCATTGGACAACCTGAGAACTGAAGGTATATTCTATGACTCTGATGGCAATATACCTGAAGGCCAAGGTATATTGAATGCTTTATTAGCAGAATGTTTTGATATCTTGCATGAATTAAAAGTGGAAGCCGAGGAAAAAGCACAGAACTCTACTTCAAGTGATGGTTCTGACGACGATGACAACGGAGAATCAGGCATAGACTCGAACTCAAACGACAGCGAGCCTGAATCTGAATATCAACAGGAATAGAGGAGAGTGTTTCTTTATCTTCCATTTCTCCCTATTTTCTTGGTAGAGGAAAACATTATAAACAATAAAATGAAATACAGAAAGAAAAAAAGTTATTCTCTTATGTCTATGTATATAACAAACCCTGAATGAGCATCTATATAAAAACAAAAATATATAAACAACTTTATGTCATTATCATAATTGTCAATGGGAGGGGGGAGAAAAAGAGGAATAAGGACATACGTACCCTGTGTCTTTGTCCATGCACCGTAGAAATTGCTTTTTTTATATATTTTTCAGACATTACGTCAGCCTTATTGTATAATCATCACCACTTTGCGTGATATATCTTACCCATGGGTAACTCTTATACTGCAATTTGGGTTCGTTAATTTTAAGATAACGTACTTGAATACCTGAAGTAGTAAAGTAGGGTATTTGAAATTTGATTTGGACAGGTCCCTTCAAGATTTCCGCGTTACTTTTTGGCATTGTTCTATTGCCATCCTCGTTATTTGATATTGAAGGCAGTCCCAATTCGGCAGACATTGAGTACTCTTTACCACCGGGAAAACTTCTTATTTTCCATAAGATTGCACTTTTTTCAGGGACATACTTTAGAGACCCGTGTGAATATTTAAAAGTCGGTGTATCCGCGTCGTCCGGGACCGGTATCAATATCTCTACATTAGTTGCAGTAGATTTTCTTTTAATTTGGGCCTTGGCCTTACAGTGAATTTCAATTCTAGAATTCGAATGAACTTGAACGTTTACATCACACCAAATTAACGGTTTTATCGTAGTAGATAGTCTGTAGTTCATTAAATCGAACTTTCCATCAGGAGGTATAAACGTTATAATTTTTTCATTCTCGAATTTGCTTAATCGGACACATTGATGAAATTTCAAATCTTCCAATTCAATATTAACTTTCTTCTTGTTTGTGGCCGATGATGATGTTATTGATGGTTTTTTATCAGTTTCTGTGTTATTATCGGATGTTGTCGCGCTCGCTGATGGGATATTTGTATCATCATCCAAATATTTGGAGAAAATGCCTTTATCATTAATACCTAATTTCAGATCAGGCATACCAGACAATTTTGAGTTAACCTTAACATCGCCGATAATTTCTGATCTCAAAACTTGACCTTTTTGAGTCATGAGCATATTAATAGATTCGACGATATCCAGAAAGGCTTCATTTTTCTTGTGAGTGATGCCTTCTGGCCTCCAACTGACTGAATTTGTTAGTGCGACGGGTGGTCTAGTAGCATTCCTCTTCTTCTTGGCGGATTTAACTAGTTTGAAGGATTTTTGTGTTATGTACTGTTTCAGCATCTTAGTTTCTGTGATCTGTGGTATACCATAATCCATCACTTCGTCCAGTAATTCATATATTATAACAAAATTATCTCTAATAGATTCTTCTTCAACGGTTTTTAAGTAGTCACTTAATACCTCCACTAATTTGTGCAAAAAAGTAAAAATGGCAGCCGCATTGGCACTAAGAGAAGTCACAATTGCCACCACGTATAGATCGTTATGCTGTATAAATAGATATTCCAGACCATTGTGGTTCAAACATGGAGGAATCAGATTTGATTGTTCCTCTAAATCCGAGAGTAATATAGGGAATTTGTCAATTGCAGAAAGCGGAATATCATCTCTATACCTTCTTGATAGGAGTGGTTTCCCATTATGATCGCAAAAATACACTGCAGAAGCCATTCTGTGTCCCTCCAAGTTCGTAATTTACAATTTTCAAAAATACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:52930-54771

ATTTTATACCATTGAAATATCTTCATCTTTATTACATAACTATTATAGATCCATAGCAGTCCTATTGATAGTATGCAGTAATTTTAGCGCATAGAAAACGTTTATATTGGGTCGAATGCTCAATTATTTTCAGATGGAGGAATACCTTGAAGAAAATATATATATATAAAGACGCACTATTCAAATAATCATCAGTGCCAACATTAACTGTTTCCCTAAGATGCGTTCAGTTGTGATTCTTTTTTTTTTATGTCGCAACTGTCTGTCGTAGTTCTGTCAGCTAATGTTACGAGAATGTCCAACTGCAGTGTTAGGTTTCTGAAAGATGAGAAAGTTTCTGCCGGATAAGTTATCAACGAAATTATGGTGAATACTTGAGGTATGTGACTAGGATGGTAGCGCCGCTAGAACGCCAAAATCAGAACGAAGATTTTGGTTTCTGCCGAACAATTTTTACTATATTAATAAAAATGAAGGAACATTCTTAAATTATTGACACCTATTTTTGCATAATTCATTATTTCTACGTATAACTTTTTGTATATTTTGTAAAAATCGATGTGTCTATTCATTCATATTCTAGAGCGGCGGTCCAGAAGTTAGCTTCCAATTCACAAACTTCAGCATATATTGTGACCAGTGTATCAAGTTTTTCTGGAGGGTATGTTTCCAAGATGTGATTCAACAGCTTTTCGCCTTCAAGCATAGCTTCGTGGCACCATGACGATGAGTAAGTTTCACACCATTCACGGTAAACGGAGCCTTCTGCTGCAGTTACTTCATCCTTGATCTTGGTCAAAGCGTGAACATAGCCCATTAAGCAAGGATTAAGAGCTATAACTAACTCCTGCCAGTTACCTCTTCTGGAAACATCATTAAAGTAACGACAGTAAGCCCTTAATGCAGGACCTCTTTGAATCTTTTGTAAGTAGTCGGGATCCTTAATTCCAAATTCCTCCCTTAATCTCCTTTCATGTTGGCAAAGCCCATTACGAACGCATTCGACAATAACTAGCTCTTTCTCCAGGTCTTCAAGACACGGGGATTTACTACCCGCGATGCAGGAAATCCTGGCATAATTGACTAAGTACAGGTAATCTTGTTCGATAAAAAATTGGAACTTCTTAGGCTCTAAGGAACCGTCTGCTACTTTTCTAACAAAATCATGGTTCACATAGGAGTCCCAGTGGGGCTTAACTTTAGGGTGATTTATCAGATATTTATAGAAACTTCCTCCAGGGATTTTGTTAAGAGAACTTTTGACTGGCTTTTTGTGTACGGCATCTGATGCAGTGAAACATTCGTCACTGAGCATTTTTTCTAATGGAATTTCGATGGCGTAGACATGATTAATTGGCCCGTTGTCCTTAACAGTCTCTTTCGTGACATCGCAGCCAATGGCCACCGCATTTTGGACGTACTCAATACCGCCATAAACGGATTGGGGAAGGGAATAACCGCGAGCCAAATTTGATGCAATGGCGGAAGCTAGGGTGCACCCGGTACCATGAGTGTGGGTTGTATTAACAAAATTACCCTTGAAGGTTATAAACCTTTGTTCGGCCCCTAAGTAAAGGACATCAGTGATGTACTTTCCTTCTTCATCATTCCATGGAATGTGACCACCTTTAACCAAAATATTGGAACACTTGGTGATTTTGGCAAGGTCTTTTGCGACTTCGAAAATGTCTCGCAATTTGCTTATTTCTCTGTCTTCACCTAACAGTTTGAAACACTCCGGAATGTTAGGAGTCAAAATGTCAGCAAAAGGTGCGATTTTCTCCGTAATTAAACTGGCTATATCCTTTCCAGCTAAAGAAGAGCCTGAAGTAGCAACAAGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:54910-55451

GGGAAACTACTTCCTTTGGCGTGTTATTAATGCTGTATACTTTAACTGGAGTTTGAGCATTCAAAGCAGTGATGCATGTCATAGCATAGCATCTGTGTGCAGTGATAGTTTTCACATCTGCTTCAACACCAGCACCACCGCTTGGATCTGTTCCAGCAATAGACAAAACTGTGGGTAATTTTTCATTGCTGGCCAAAGCGAGATATGGTGGAGGTGTATTAATATTAACTGTAGAATAGGTCATTGTGGCAAGACAGTTGCTTTCCTTATGTATATTTCCTAACGTGATCAGATTTGGAAGAATAAATAATGATGCAAACAACAGGTGCTGCGTCTAACTTTGTATAGTTTGGCTAGTGCCTATAAATAAGAGCATTTCTCTTGCCAGATGGAGTAGCTCTAAGGGTTTCCAATATTCAGTCTGGATGCATCGATCTATCAGAAAAGAGAAGCTATACATATACGTATCATTAAAGAAATACGAGATCGCGAAGTGAGAACAGACCTGGCAGTTACTAAAAAATCGCGTGCACTTTCATGGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:55538-56033

TAAAACAAAAGCGATTTACTTTATTTTTGGTTACCTTCATTGTTCTTTCGGATATTTGAGGACATTCATAGCATTTTCATGATAGTTCTGGAAATTTTATAGGCTAGTGAAATTTATACAGCAACTTCTTGGGAGTGCGTTGTTGTTAAAGGCTATAATATTGAGCATAAAGAATATACTATAAGTTATTCTCGAGAATATTCGAATCCACAAAGGTAATCGATAATTCTATATAACAATATCACATCTTCTTTTTCGTATTGTATTTTGTCGCTCATTATCCCATTACACTATAAATCCTTTCGTTTCAGCTTTCATTAAACCTGCTGTGAGCGATGATAAAAGGGACGGTTTATCATTTCTTCACTCTTCTAAACAGGGTAAAGTAATTCAAACACAGAGAAACTGTACGTTTGTATATCATATATTTGTTTTGGACAGTTGTTACAGTTGCCCGTGAAGGTAGCAATGAACCTCCCCTTGTTTTAACAAATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:63189-63900

CAAGCAGACTGCTATCAAGTATAGTATACAGATCACCATTTATTTTTTTTTTCCCCTTGGTAGTATCATATACTTTTGAAAAGTTGTAGTATGACAGCTCATGCAAATGAAAGGATTAGCGATGTATCCCCTAGTGCTAGGGGTTCAAGTTCGGAATCGAAGTATGACAAGCTCTGCCGAGTTCTTTTCTTTATTGCAATTACAAAAAGCTCATTCACTCCGGAGCACATATTGTATAAGCATTCAATATTTACTGATAAGCCAATTTTAGCTGATATAGTTACTTTTATGTATGCGGCGTTTGTTTCCATTGGATGGTTTCTGATATGGGGGGAAAGAGCATACAGAACTCAAGAAATGGGTCAACCTCCAATGTACTCGAATATAAACTATCACCTTTTAAGTTTTAAGAAAAGACACCCCAAGAAATTTACATGTGCGTTATGGTTGGTATTTTTCCTTGCATATACGGTTTTGACAGTTTTAATTTGGTTAGTTCAGTTGATTTTTCGAAAAGGTAATGTTTTTCAAATGTTATTGCAACTTATTATATTAGATATCGCCATTGCATTGGTCAATGTAGCAATTGCATTCACTTTTGAAATATATCTTTCACAGAAAGCCGCTATCGAGATTCGCGACGAAGGTTTAAATAATCTTGACACCGCTTAATGGAATGGTAGTCGAAAGGTAAGAAGTACGCAGCAAATTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:64080-66985

ATAGTACAAAGGCAGAAATGAATAATAGTAATATTAATCGCAGTTTCCTGTTGTTTAGAGAACTGAAACGCTTTGTGGGCATCAGGTTTAGATTAACTGCTACCCTTCTTCTGTATTTGTCTGGCCATGCTTCTCAAATAAACCGCTGCGGATAACATTTCAAGTGGTTTCTCAAGGGAGAATCATAGTTTAGCTTAACATACAGCAAATCGTCACTATCTTGACTGATGCCCGGTGTATAGAGAATGGGTAGTTAATATCATCTAGATGGGGTTTCTTTGAAAACACCAGTTTCTTTGAGGACACCAGTTTCAGTGCTTCTCTCTACCCCATCAACTATTGCACTCCTACCTGCGTAATAAGTATACGAAGTCTAAAATAGTGGGACGTCTTGCTTTTTTCGGTAGTTTTTCGTTTCGATAAAGGCAACAATGCTGTATATTGTATGCAGGAAGTTCTTAAGGAAAATACAGGAATCTTTAGAAAAAGAATAAATAGCTTTCCATTGTATCATGAACAAGTCACTCTTCATATTATATGTCGTCGCTTCTTATCCCTTTAAGTTATGAATTGTTGAGCTTAGGATTTTACCACAACTGAATAACATTTTCTTTATTCTAATAATCGATTTTTTTTAATAAGATTAGACTTGAGTGCCATCAGCAAAGAAAAATACTTTTAATGTCCTTTTTTTAACTCTACACAGAATTTAGTTGGCTGTTTCATTGATTTACAAAAATATAAATATATACCGTTAAAATTATAGCGATAAACTGAGTATGTGGTCTCTCTTTTCCCGCAGAATATGAAAGCTTTTCTTTTATAAATCTTATAATATTGGTCTCTTTTTGGTACGTTTGGCAAATTGGCATTCATTTATCATGAAAAGAACAGGAACTATATTACTTGGGTATTGCCCATACCAAAAGAAATTAAAGATGAGGCACTGCTAGATTTACCGCTATTTATGGTCCCAGTTGGCGAGGGGAACATTCCATGGTTAATGAAGCTTGTCTTGGGTGGGCCCCCATTGAGGTAATGCGCCGTTGCGGGATTTTGGTTTTCCTTGTTAGACTCATTTAGGTTTAGCAAATCAATATAATCATTGGTTGCGTTATTGCTGTTAGGACCCGTGATTTGTTCGTAGATCCTTTGTTTGTTATTTGTATTCACCAGACTATTCACACTAACGGTGCTACCACATATACTGTTTGACTGCTGCTGACCAAATTGGTACATACTTGGAGTGATTGGTGATGATTGTTCCATATTCCGGCTGAAAACGCTGTTATCAGAGAGTGAGCTCATGTTTCTCATTGGAGTGTGGCTTTGAGATGAGGAAGCGGGCGAAGGAATGGATGTGCTATTTGAATTTTCGAAAGAGCATGATGGGGTTGATATGGTAAGCTTTCTCGAAATGTTCAAGTTGGATGCAATTTGCAGTTTTCTTTGTAGATCCAAGTGATATTCTTTCACTTGATTAATGAAGGGTAGAACACCATTGACCGTTTTATACACTTCCATCAAGGAGTTAGGAATGGAAACAATGCCGTTCATTAAGGTACTCAAAATTTCACCATTTTTGCTTTCTGATGTCATTGGAGTCATTAAAAAAGGACCGTGGTCTTGATTGGTGAATTGATTGATAATGGAGAATATGCCGTGCGATACTTCGAAAAGTTCATATCTAAGTAAGTCGTACTGCCACGCGGATACATCAATCAAGAATTTTTTCAAATTAATCAACTTGATCTTTAGTTTTAAGTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCGTTTTGGTAGGGCCTCTCGTCTACAGTGGCATCACTATCCTGGGATAATTGAGACTGACGTTTTTCAGAGCATTGTTTGTCATAAGTAACTTGATTTTCATAAAGTTCGTATTGCATCAAACAATTTTCATCAACATTTAAAACGTAATCATTGATCATTGGTTCATAAATGTTCCAATTTAAAGTGTCTAGTATATGTCTTTCCATTTGTAAAAACATTGATTCATCAAAGACCTGACCATCACCACAGTAATGAACTAGTTCAGAGAGTCGAGGTATACGTGCCCTTGGGTTGGGACCATAAAATCTTCCGCCAGTAGGGATGACTACATTATTGATGATGTGATTACAACCGCCCCAAGTTTTAGCAGCCAACCAGAGACAAGTAGCGACAACCAATTTGGCTTGGTCCCGTAACACGATTCTCTTGGAACAATAGCGGTCATATAATCTAACTGAATGAAAAAAAATACCATTTGTCACTCGAGTGACCACAGACAGCTCGAACAAAAAAGTGATAATGTTGGACCTTGTTTCCACGGGGTTCATTTCAGGCTGCTGGTCTATTAGTTTTGGATTAGGTTTGAACTTACATGATTGAGCAATAACATTGGTGGAGATTTCTTGGTGGTATTCTTGCAGCATTTCGAAGTGAGAAAGTAATTCTGCATTAGATAGCTCAATCGGATAGTAGTCCGGTTTAGCATTGATGACGAGTCCCATACGGGGTCTTGGTTCAGCACTAGCCATTGTCTGTCGTTAAATTTAATGAATGAATGGAAAAAAGAAAAGATTTTCTTTTGTATGCAAATTATGATGTGGTAAGCGAATGAATTGGCAGCTATAGAGTCTAGCAATGCTGTATATAAGAAGAAAATTTGACGATGAAGTAAAGTAGATGTTAAAATAAAAGTAAGTTGTCCTTGATATTATCTATTGCCAATTCACTAAAAAACCAGTAAGAGGAGCATAATAGTTACCAGAGTCGATTGCTATTTTTTTATATATGAAAGAGATAGTAAGTTAAACAAGTAGCCAGAGGCTGCGTGCGATACGCAAATAGAAGGCGGATCTGCGTTCTGCGTTTGCGCAGGCCTTTTTTCCTTTCCGTTTTTCAGTAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:67662-69100

GAAATCAAAACAACGAAAAAAGTCAATCTTCGAAGGAGCATAGAGGCGAATGACTACTGAACAATGAATCAGGAAGACAACACGGGCGGAGGGGGCATTTTTGGTCTTTTCAAATGGACTAAGGATGCGCTGTTTGGTACGGACATATCACCTTCAATGAAATATAAAGATCAGGAAGAACGAAGAGACCGATCTAGGTATGCCCAAGACGACACAAATTTTTCTATGAAGTTTGGAAATGACTCCAACAGGAGGAGTACAAACTTATCGAGGTCAAATTCGTGGTCTGGTCTGGATTCAACGCTCCATAGGAAGTACGAGTTACTCCCAGAGTACAACGAGAACGGCTTTAACTCAATTGTTAACGGTGACCACCACAGCAAAGAGAGAATACGATCTTTACGAAGTCCTGCTCCGATAGTACCGAGAGAACCACTTCGTAACGAACCTACGGATACATTTGGTCACAGACTACACACAAAAAGGAGAACTATAAATGAGCTTTCCAATTCGCAGATACCCTTTATACCACCTCAGGAAGACGACCCTTTGCTCTCGAAATTATTTAACAAGGATGGAGTTAATGAGGTTAGAAGATCGCCCTATAAGTTATCGGTTAAAGATATACCAGGCAAATTTCCATCTCCCTTAACAAAACGTGATGAAATAGACAATTACTATGTCCGGGACGAAGATGCTTGCCACAAGAATAGAGAGTATAAAAAGGCATATTTTGATCTTTTTGCACAAATGGACTTGAACAGTAGAGACCTGGAAGATTTGTGTGAGGATGTTAGAGAGCAGCGTGAGCAATTCCACAGGAATGAGCAAACTTATAAGCAAGCATACGAGGAAATGAGAGCAGAACTGGTCAACGAGTTGAAGAAATCTAAGACACTCTTTGAAAATTATTATTCATTAGGTCAGAAGTACAAGAGTTTGAAAAAGGTCCTTGATCAAACGATCAGTCATGAGGCTGAACTGGCCACTTCTAGGGAACGGCTGTATCAGGAGGAGGATTTGAAAAACTTTGAAATACAAACATTGAAGCAAAGACTATCCGATTTAGAGCTGAAATATACCAATTTGCAAATAGAAAAGGACATGCAGCGGGACAATTATGAATCCGAAATACATGATTTATTATTACAGCTTAGCCTTCGTAATAACGAGAGAAAAGATACTTCTGCTGGTTCGAATATTTTTTCAACAGGACAATAGGACAGGACTCCATTCCACAATGGAAATAACAGTTACGACTCTAATTCGCATTCATGGGACACTGATTACTTAAAAAATATAGACGGATTCATAGAACGCTGAAGCAGAAAAGCTGACACGTTTCTCCCACTGTAACATTAAAAATACGTCATGATAGCAATGATAATGTGTTAACTACTTAGGTATGTACATTATATAGATAACGGAATAAAAAAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:69215-73963

AATTTGTTAAAATAAAAAAGATAAAATTCAGGATAGAAGTAGGTGCAACGCGAAATTGTCTCTGTCTACTTGTGCCTTGAACATCGAACTTACAACAGATTAACAAAGTATCGTTGCTCTTTTCATTCGTCTGTTCGTTATCATCATTGGATAGGGCTTACTTTCTCGCACGTGATTTTTCCCACAGTATAAATTTTGAGCTATAAGTGGTAATAAAAATTCAATAAAAATATAGGGAAAACAAGCCCAGTAGTTTTGATTTCTTCTATCATGTCAGCTATACAATCGCCAGCACCTAAACCTCTGCAGCCAACTTATCCAGCTGCTTCGCCAGCTTCCACGAATGCATATATGAAGCCGGGCCTAATTGGTAGTCCTGCCGTCAGTAATCATACCGAGCCTAACAATGGTAACAATGAAACTGCGGAGCCTCAGGGACCAAATCAGAGAATTGATTTGGGTGCCATGATCGAAGAATTAACCTCACTATTGGGAAAAGAAAGCTGGACGAAATATGCTCAGATCATCAGTCTTTTCATTTTAGGGAAGTTATCCAGAAAGGAACTTTCTAATGAATTAGAGCTGGTATTTTCACCAAGCGCTGCAAGCTTAGAAAAATCAAATACAAATCATCACCATAGTTTAGTACGACTTCATAACCAACTTTTATTAGGGATTTTTGCTAATTCATTACGTGAAAACCCTCTTGGGAGAAACGGTAATGAGAGTTCTTGGGGATTTGGCAATGGAAGCAACAATCCAAACAATAAACTAAAAAGAATCAATAAGCATAACTCTCAAATTGAAGTCTATAAAAAAATTGTCATGTCGTTACCTCTAAATGATCGAAATAGACTTAAAATGATCACGAAAGAGGCCGGCAAAAGAGGCTTCATTTTTTGCTCTGTATTTCAAGCCAGATTAAATAATATACCCAAAATTCCCATTGTAACCAATCCAGAAAGTTTGAAGCGTGTCAAGAGCAATAATTTAAAAACGCCGCTGGAATGGTCACAAGATATAATGAATGGATTCAACGTTCCTTTAGCGAGCGAAAGCCATTCTTTACCAGACACGGATTCGTTTTACTTAAGAATGGTTGGTATAGCAAGAGAACATGGGTTAGTCGGCACAGTGGACGCACGTTGCGTAGAGCTTATATCATTGGCCCTAGATCAATATCTAAAAAATATAATAGAGTTTACTATTGATACAGTTCGTTATAGAAGGAAGAAATATTCAGATTATTATGATTTGAATGAGAGTGGGCTTTATAAATCCGTATCAGAAATGGCTGCTGATAAACGCGATGCCAAAATTAAGCAGTTAGATGATGATAAAAATGAGGATGAATGTGCCGATGAAGCCAAAAGTATTAATAACGGCAATAACAGTAGCAAGGACGATATTGGCGACATATCAATGAGCAGCATTACAAAGGCTGGCGAAGCAGTTAATGAGGAGTTACATGAAAACAGAACGATATCATTAACGAATGAAGACATATATGATTCGTTATCTATATTTCCGAATTTGGTTGAACCTTCAGGTTCATACTATGCGTTAACTAATTTAGGGCTAGTTAACGATGATGAACTAGTAGATATGAAGAGCAATATTGACGACTTGCCGGACTTCTTAAATGAAAAGCCGACTTTCACGCCTTTGGATGAAAGAAACGTTGGTACAAGGCATGAATTAAATTGGTTAATTAAAGGAATCTTAACGGAAGATTGATGTATAAAAAGTGTGTGTATGCGGTATGTTGTAATTATATTGAAAGATTATAAACCTTATTTGTTTCATATCTAAATGGCTGTGTTAAGAAAGACGATAATGTGACCGAGCTTAAGTGAGCTTTTTCTTTCTTTTACAAAGTTGTGTTTGAACTTCTTCTGAAATCGTTAATAATTTATTGACATTTTTTGAATCGTTCAAGTTTAGCAAGAAAAAGGATTTAGTATCAGAAATTAGTTTTTTCAGAACAAGTGCAATAGGGGTCTCGCATGATTCCTTCTTAAAGATGCTTTTATCAAACTGTTCAATGGACTTCAGATTATTTAACTCGATAAAATAAAAGTCCACCGGTACGGGGTCATTGTTGCCATCGCTTTTTGAATCTCGAGGAAAAAACTGCACCTTGATTATACCCATCCCAGAATGAGGTAAATTTGGGTGTTCATCACAACTAAAATTTAAGGGCAAATCTTCGAGTCCATTTTCTATGATGACAAGTTTGGAATCCAAAGAAATTGAGTGTTTTTCAAATTTCAACTTTATGCTATCTTTATCATTGTGGGAATAATCCAAGAGCATGTCCTGAGAAAATTCGTCATCTGATAAAAATACAAACTGTAAGGTGATCACATATTGTTTTTGATATATTGTATCCTTTTCGGCCAAAAATTTTATTAGAGACTCTCTCAATGAGCCATGTGGAGTGGTGCTTAGAGATATTAAGTTGAAATTTTTTTTTTGGTTCAGGCACATATCATGGTAAACGCTATACTCTTGAGTGAAAAATTTATCTTCAGAAACTTTTAAATGCGGTATCACCCTATTAAATTTGTAAACATGTTCGCTTAGACCTTGGGTTATTACGCCATTTTCGTAATCAAATAAAAGGTTCTCAGGCAAATTTTGCTCCATCACGTAAGCGTAACAGCGCATCGTGCCTTTTTGTTCAATAATAGAGTTTTCAAGTCTCCTACTCCGCAGGAGTTCTTTTTCCACAGTGTTATAGGTATCATTATAAAATTTTTCCTGTTTAGAGGCCATTTCTTTCAAATTTTCCATTTGGTTTTGTAAATGTTCCAAATCTTGCGAGTTTTGTAAGGATTTGCTTATTAGTGGGTTGTTTGCCAATTCCAATTGTTTTATATTTTCATTTATTTCTGAGATGTTTTGTTCCGAATATTCAGCTTGTCTATCTATATCCATGATCTCCTTGTGTAACTTCTCACTTTCCGATTGTAGAGTGGCTATCTGATCAAGTAATTCACGATGTTTGTTTGTCAAATTTTCCATGGATTTTAACTTAGCTTCTTTGAATGCAATAAAATCCTTCCTCAATTGTGATTCGTGGTTTACTTGTCTTTCCAAGTTTTGCTTCTGTAAATTCGCCCAATTTATGTTGAGCTCTTGCAGCGTTTTCTTCAACTGAGATATTTCCTCTGTGATTTCGTGGTCAGGCTCGACATTTTCCATTATTTGCAGCTCATTTTCCCAAAAGATAAGCTTATTATTGTACAATTCTTGAGATTCCTGCCTTTTCAAGATCAGATTCTGGTCGAGTTCAGCCTGCAAGGTTGCCAAAGCGGATTTGTTCTTCTTAATTAAATCAGCGCGTTCACCGTCCTTGGAGTTCAGATTTTGCGTCAAATCTCTAACCTGTTTGAGATACTTTGCTTGTTTGGATTTTTTCTTATAAAGTTCAAACCTGGACTTATTGAGATCTCGAAACTTGATGGTTTTGATTTCTCTTTCGCACTCAATCAATTGAGTCCTGAGAGTATGTCTTTGGAACCTTATTTTGTCTTGGCGGTCTTTTAAGTCCTTAATTTTGCTCATGTTGATGTTTAATGATGCAGATCGAGATACAGATGGGAAGGAATCCTTTACGGGTGGAAGAGCCAATGAACTCTTCATAGACGAAGGTCTAGAGCCATTCATGGTGTTTGTCGTGTTTGTGATATCCATAAGGTTTCGAGATTTTGATGAGGACACATTATCGGGATTGTGAAAGATTCTATTCTTTGAAAGAAAAGCGTGTTTGTTTTGCTGTGACGCCATAAAGTACACTGGTCAGGAAATGGTGCTTTTGCGAGGAGAATGTGTGTGTATGTGTGTGTTGTTAGGGCATTTCATATTCTATATTCATTGTTTTTTTGTTTTTTTTGTTTTTTCAGTTCTTTGTTTACCTATTTTTTCTTTGCCGCAATTGCAAATATTATTAACTTAATTGCGATTATTGAGACTAAACAATAAAGACCTGGCAGTGGAGGCATGACAGAGGATATCGCGAAACGATTGTTTAAGAGTATATTATAAAGTTGACTTGTTTCCTTATAATTATAATTATAAATATATATATATAGATTATTCACAGGAGAAATTGGGGGCACAAATGAGGGGTAAAAATGCAGACATTAACTAAAATCGTTGTTATTAACGTTTCTTGTCATCTGGGGCAGAGCGACTCTAATCCCATCGATATCTTTTGACATCTTAATCTGGCACCCAAGCCTGCTTGTCTCTGTTAGCCCGTAAGCAAGATCGAGCATATCGTTTTCATCATCTTCAGGTTCCGGCAGGGCATCGTAGTAGTCTGGATCAACGATGACGTGACAGGTGGAGCAGGCACAAGAACCGCCGCATGCGCCCTCCATGTCCAGGTTGTGACCTTGAGCGATGTCCAGGATGGTTTCGCCCTCACAGACTTCGTACGTCTTCTGGGAGCCATCCTTCAGAATAAAAGTTATCTTCAGTTCTTCGCCTGGTTTCGGTTTTTTCAAATGGCCATGGTTTAAGAACGAAGACGTAGAGAAGGGCAGAAATCTTGTGGTTGTGGTGGTGCGTGTGAGCAGAGATGGAGAGGTGCGTAAAAGATGTGCTGCGATGTTCGATATTCTAGCTGTGTGTCCAGCCCGAGTAACAATTTTCAGCATTGGGGGCGGGTTGAGTATAGATACGAGAAGCGCCTATTTCGTATGAGGTTTTTTTTTTCTATTATTATGTATATTAGGCATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:74163-74510

TATATTGTTGTTATTTTCTCTAAAAAAAAAAAAAAACTATGTAAAATTAGGAATTAAGAATATGCTTGGAAGGAATGCCGATTTAAAATGTGTAGGATATGCGATGCAAGGGGTCGTGAGAACAAGTAGAGATGTGGTAAAATGCGTCATACCGATGACAACCACAGTCTGTAGTTCTGTTGTGCGACATTGGCAAAGGCATCGTTACTTGCAAAGGCAAACCCAGAGGCAGAGTTAGATTCCTTACTAGCAGCAGCAACTGCACTGGCGGCGTTGCCGTTAAATTCCATATCGAACATGCAATCGTCTTCAGTACTCGTTATTATGTTGCTGTCCGTCTTATCTTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:74637-74911

GGCTCGAAAGCAACGTTTGAAAACGAAAGAGGGAAGACCTCGTCTTCATAGCGCGAGATGGGGGAAGATTCCACAGAGGACATTGTAAATAATTGTAATTGTATATTATTGTGTGTAAGTTTGGTTGGTTTGGTGTAGCCAATTTAGTTTGGTTTTCTCAAGAATAAAACAAGTAAGAAAGAAAGAGAGTTGCTCCAGACCCTTTCCGAAATCAAGATGAGTCCTGTTCTTATATATACCTTTTTACGCAGAGCCGCTTCTTTATGCACCGTGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:75258-82385

TTTGTTTACAGTTTTTTGCTTGGCAAAGGTGCCATCGTTTGTCATGATAGCATGACGGTAGCAGGCATCATTGATTTTGCAACTGTTGCGGACCAGGACAGTGGGTATGGTGTAACTTCTGTAACACACCCACAAATGTGGTTGAGTCTCTAATGGAGATGAGTGAGTGGGCGAGCCAGGATAGGGTCTTTGGCATGTGCGGTGCTTACCCGGAAGGGAGATGCGCACGTGACTGTTGAAAAAGGGAAAAGCAGAGGTAATGAATGACGAAGTCGGTTCATTGCATGTGCTGTTACACTTCTTAAATAGATATCGATTAAGAATTACTATAATGATTTGTTACTTATTTTTTATTAACTAGCTTTGGGGGAGAGCCATGGAAAATAGCACTCGGTCTTGTGGCGGAGTTGGATTTGCTTGACTGTGGCCCCCTCACGCTGTTTAATGACGACGAGAGGCAGCAATGATGTTGTTCATTTCTTCGACCTTAGCCTTGGCTCTGGTGAAAGAACCCAATCTCTTCTTGGCGACCTTTCTGGCTCTCTTTTCACCGGAGTTTCTGATCAAATCGATCAATCTTCTTTCATATGGGGACAAACCGGCGATTTCTCTAACCAAAGATCTGACGAACTTGGTTCTGTTGGAGGCAGCACCCTTCTTGTAGGAGATCTTTGGGGCTGGAGTCATTTGGGTGACTTTCTTACCCTTGTTCAAACCAATAGCGATACCTAGAGGAAAAAAATAGAATATCTTATGTTAGTAACAAGCACACTAGTACTCACGTAGTATACGAGCAAAATAAATAAACAAAGACTCCACGGAGTACTGCAACGCTGGGTGCAGGATATAAACGATGTTTGCATATCTCTGGAGCTTAATCTCATCCTGTTTGTATTTCTGTTGTTGGCTTAGTGGTTCAGTTCATTTTGCTTTTGCTCTACAGTTCATTAGTTCAGGTAAACATACCAGTCTTGACAGCCATTTTGTATTATCCTTGCTTCTCTATTCTGTTTTGACTATGGTAATACACGAACTTAAGACTTAACGCTAATTAAAACGAATATTCAAGAAATGCAATGATGTGCCTCTTCCTCTGCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCCTAGTGCATTCATGCTAGCTTCCCTCGTCGGGCTTCCCTGAACAGCCTTGGTTGGCAACCCAATGAAAAAGTTCCGCGCACGCGGTATGTGCGTCTTTCGCAACCAGACCTCTCGGTCATGGTCGTCTCCCGCACGGTAAAGCGGAAACAAAAACCCAACACATCCGTGGATGTACGGGTGAAAATACAGTCAAAAAAAAAACAACAACAACAACATTGTCTAAACGAGTCGTGATGCATTTTTTAACACAAATTGGAGAGGCACACAATGTGCACACAGCGCAAAACTATACATCTATTTAAAAACTTTTTTAAAACCAGTCCAGCCTTTCCTCCCTTTAGCCTTAGAATCTCGTTCCAATAACGATGCCGTGGACACTTGCTCCTTATTGATGTTAATCAACTCATCGATTTCCGCTTGCAGTTCAGTGATTCTTTCCTCTAATTGGCCGTTCTCCCTCATCACCTCATTGTTCCTGGATATGGTCCTTTCCAAGTCTTCTCTCAGATCTGCCTTTGGTAGTGACGCGTCCGGGTTCGGTAAATTTTGCTTGCGAATCTCTTCCTCAATTTGGCTTTTGATATCAGTGATTGTATTTATCAGGTCGTTTTTTTCATCCAACAGCATCTCCATATTCAATCTGTTCTGAATCAGCTCGTTAGCGGCGCTGATATTCTCTTTGTTCAAAATTGAATAGTCGTGTTCTAGCTTCTGCGCCTCTCTTTGTAGTTGGTGGTTTTGAATTCTTAGTGATTCGTAGTGGTCCTCTTTTTTTTGCTCTTTTTCATGGATTTCTACGTACTCTCCCCTGTATCTTCTTAATGTTAATGGTGTGATATATACACCTGTCATTGCATCATGAACGAAAAGATCGACATTGTAGGAAAAAGTGCCGTCATCATTGCCCTTAAATGAGTTCCCATTTGACAATCCCATTTGCACTACAGAAGCGTCATCCTGGTTTCCCATTAAATAGTAATTGAAGAGTTCGTCCTTTAAAAAATCCAATAGTTCATCGAATCTCAATTTTACTAAAGTTTCTTCATTCTTTAACATTAAATTTACAGCAAACTTCAAAAGCACTTCAATACCCTCTACGAATACAATATCAAAAATTCTTAACACAAACTCTAACGGAAACTTGTATGCGAAAAATGTCAAAAACCATTGTGTAGCGTACATTGTGGAGCTAATTCCCTCACGGATCAAGCGATTGTACAAAGAAGGTGAATGCTCCTCTAATAATCTATCAAATTGATAAAGCATTAACATCAGCCCAGGCATTCCTGGTAAGAAAAGCTCTCTTAATCCATAATTCTTCATTAATCCAACGAGTAGTCCAAAAGATTCGGCCTCGTTTTCACAGTTTATTAATAGCGGCGCTGCAATGAACCCCATGCCTTGCGTGTACCCAACATCTGGATCATAAACAGAATACACCTTTATTACCTTGTATAGTGACTCCATTTTGTCCTCGGCCACAAACTTCGTTCTCCTTAAATCTCTACGTATTGTTGCTTCATGAAGACATTCGGTATCCAATAGAGTTTCATATATATCTTCCATTTCTCTTGATTTGGAATTCGCCATCAGCTGCCAAATGATACCTCGAATTTGTGGTGGTATCCCATTGGTAACATGGGCTTCTAAATTTTCTGGTTCGTTGCTTGCCACTGTAGCATAATCATTAACTACTTGAGTCCAGAAGGACCAATCAATTTTAAACATTTCTCTATCTTCTTCATTAACATTCTCCACTTCGTTATACTCGGACAAGTTCTCCAGAAATGACGTAAATGTCGATTTTAAAAAGCTTTGACCTTCCTGCAACGACTCTCTAGTTTCTTCCCCCTCTTTATTCAAATGGTGACTGGTCTTGCGGTAACGACTAGCGATCAAATTAATTTCTGCAGTGGACTCTAATTGCGCAGTTTTGGAACCAGTGAGAGGAACATGATGATAACTATTTCTTTTAGTTTCTTCGAAGTTTTTACGGAACTTCTCTGACTTCATTTCTTCCTCTAGTGGCGGTGGAACAGCATTCTTCGTCTTCGGTGGTTGTTCCCTTTGTTTGCCCCTTGGAGGTAATTTTGGTGACGTTGATGTCGCAACATTTTGTCTAGGTGGTAATGGTGGCGAAGATGTAGTGGGAATTGCGGAAACCTCGTTCTCGCTTGAGTTATCACCTTTTTCATTTATGATTTGTGTGGGTATAGGTGGTACTTTCCTAGCAGTTTCTGAGGAAAGATTCTCTGCTGTTACGGGCCCATCTTCTATAGCAGCTTTTTGTTCCTTGTTTTCATTCAAGTTTATTCCTGCGGCTACCTCATTGGTAATATGAATCTGGTTATTATCATTTTCTGACGACCTTTCTGGGGTTACTTCACTACTTATAGAAATGTCGTTCGCATTTGCAGCTGTCGTAGTACCAGATTCGTCATCGAGAAATTTACTCGAGGATGATTTCTCACCTCCAGAATTTTTTCCAGTTACTTCCCTATTTTCTGGACTACTAACAACCTCTTTCGTATCAGCGTAAACCTTCTCATTCTCTTTGACTGCATCATATTCTTTTTCAATATTCAGCCCATTTGGGGCTTGCACATCCGTTGTCACATCTTTTTCAACATCCAATGGCTCATTTAAATCAATTTCAGAACTAGGTTCTCTCGTTTCTTGCCTTTGTTCATTAACGTTTTGTTCAGTGATTTGGGTGTCTTCATCACCAGAGATCCCAATAGGTTCTTCTCTTGATACATTTGTGGGTGCTTCATGGCCTAAACTTTGTTGCTTGTCATTTAGTTCTTTGTCCGAATGGAGGGGCTCAGTTGGAATTATAGCTATCTCTTCATATTGGTCTGATGGCGTTGATTTTATCTCTTCCTCCATTGAACCCAAATTATTCGAATGATTATCACCTTCGTGAACTTCAGAGGCGATCGTATCTGTATTTTTCTCAATAGATTTGTCTGAAGACATTGCTCTATTAACGTTCTACTTTACACTGGTGGTAGGAGCTGTTTTATTTTGAGTATTAACTAATCAATCTCAATTACGTTCGATCCAAACCCTTTTTTTTCGTTATATGAGCGAAGCTTCTGAATAAGCCCTCGTAATATATTTTCATGAAGAATTTAGGTCCAAAAAAAAGATGGGCATTAATTCTAGTCATTTAAAAAATTCTATAGATCAGAGGTTACATGGCCAAGATTGAAACTTAGAGGAGTATAGTTACATAAAAGAAGGCAAAACGATGTATAAATGAAAGAAATTGAGATGGTGCACGATGCACAGTTGAAGTGAACTTGCGGGGTTTTTCAGTATCTACGATTCATTTTACTCTTTTTTTGGGTTTGGTGGGGTATCTTCATCATCGAATAGATAGTTATATACATCATCCATTGTAGTGGTATTAAACATCCCTGTAGTGATTCCAAACGCGTTATACGCAGTTTGGTCCGTCCAACCAGGTGACAGTGGTTTTGAATTATTACCATCATCAATTTTACTAGCCGTGATTTCATTATTCATGAAGTTATCATGAACGTTAGAGGAGGCAATTGGTTGTGAAAGCGCTTGAGAATTTGTTTGAGTTGTTATGAGGTTCGGACCGTTGCTACTGTTAGTGAAAGTGAAGGACAATGAGCTATCAGCAATATTCCCACTTTGATTAAAATTGGCGCCACCAAACAAAGCAGACGGGGTCAGTGGCACTAATGATTGCAGCTGTTGCTGTTGCCCTAGAAAAGGCGTGACTGAGCGATGCGAAGGTGTGCTTCTTGGTATTGTCACTGGAGAGTTACGAGAGGGTGGACGGTTAGATAACAGCTTGACTAGATCACTGAAACTTGCTCCTGATTTCAATGGCACAGGTGAAGGCCCTACTGAGCCAGGAGAAACATATTTAACACTGATATTGTTGACATTTTCCTCCGGAAGAGTAGGGTATTGGGCGATAGTTGCAGAACCGACAATATTTTTAATGGCGCTACCATTACTATTGTTATAACTGATATGCGGTAATGGGATTGCACACTGTGATAACAGAAACGGCGCACATACCTCTTCCAGTACTTGAATGTATTTTTCACAAGTCTGGATTTTAAAAGTGGCCAGTTTTTTTAATAGCATCAGAACAGTGTTAATTTGTTGTAATAATTGTGCGGTCTCGTTATTCTCAGCATTCGATTTTGAGTTTGAGAGTAGAGTCTTTATGGGTACTAGGACTGCATTGAACAAGTAATAAGAACAATTCCAGGCAAAATATGGGGTGACATTATGATTGTCCATATAGCTACTTACAGACATAACAGTTCTTTGTGCTGCATCGCTTAACATGATGGAGCATCGTTTAACTTCATAACTTTGATGATCATTTTGATCCTGTTCTAGTTGTGACTTTTTCTGGGTAAAATTAGTGAAAAAATCTCTTAATACATAAATGATAAGAGACAACTGTTTCCACTTCAGTTCGAATCTTGTAAAGGATAGCCAAGGGTGTTCCTTCAACAAATTGGTTAGAGCGGTGGTGGAAATATCCATTTGTAAAAACTTTGGTGCCTGTCTCGAAACCTCCTCAATCTCATTACAAATCATCAAGCATTTTTTTGCACATATAGGACTTTTTTCTGCAGTTACTGTTTTGTCTAGTTCATAGATTTTTGTGAAAACTTGTAAGAGCCTTGCTGTTTCAATGATGCCATGATATATGGTGGGACCTGTTGTGGTACGCTGCACATCGTCGACAGAAGAAGGGAAGGAGATTGTATTCTGAGAAAGCTGGATGGATCGACCATAAAGCAGGGACAATTGGATCTCCCAAGAGTAGACAGACCACCAAATTCGGCGTCTTTGTTCCAGAATGCTGCTATCACTGAAGGACGAGGGGAGGTCCCTATTCAAGCCCAATGATATGGCCATTCTTATGGAAAAGCTGTGAAAATTATAGCTAGTATTTGTTTTCTGCCTCCACTGTGTATATCGCGACAGAAGATGTAGGGCTGTCACCAAAATTATGGAACCTGACTCGAAGACCTTGCTCGTCAAATGAGATTTAGCATTTTGATAGTAAAAAACATCTATATCAGTAGATTCCCCCTCTATACACCAGGCTCCAATGGCTAATATGCAGTTAAAAAGGATTTGCCATTGATCCTTCGACGCGATTTCAATCTGGTTATTATACAACATCATTAGCGTCGGTGAGTGCACGATAGGGCAGTAGGGGTGAAAATTATTGAGATAACTTTGAAGTAAACGGGATGTTGTGGATCTAGAAGCCAACGTGTATCTATCCGTAATCATGGTCGGGAGCCTGTTAACGTTAGAGTTCGTGTAATTTTCCGGTTTAAAGCCAATAGATCGAAGAATACATAAGAGAGAACCGTCGCCAAAGAACCCATTATTGTTGGGGTCCGTTTTCAGGAAGGGCAAGCCATCCGACATGTCATCCTCTTCAGACCAATCAAATCCATGAAGAGCATCCCTGGGCATAAAATCCAACGGAATTGTGGAGTTATCATGATGAGCTGCCGAGTCAATCGATACAGTCAACTGTCTTTGACCTTTGTTACTACTCTCTTCCGATGATGATGTCGCACTTATTCTATGCTGTCTCAATGTTAGAGGCATATCAGTCTCCACTGAAGCCAATCTATCTGTGACGGCATCTTTATTCACATTATCTTGTACAAATAATCCTGTTAACAATGCTTTTATATCCTGTAAAGAATCCATTTTCAAAATCATGTCAAGGTCTTCTCGAGGAAAAATCAGTAGAAATAGCTGTTCCAGTCTTTCTAGCCTTGATTCCACTTCTGTCAGATGTGCCCTAGTCAGCGGAGACCTTTTGGTTTTGGGAGAGTAGCGACACTCCCAGTTGTTCTTCAGACACTTGGCGCACTTCGGTTTTTCTTTGGAGCACTTGAGCTTTTTAAGTCGGCAAATATCGCATGCTTGTTCGATAGAAGACAGTAGCTTCATCTTTCAGGAGGCTTGCTTCTCTGTCCTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:82570-84258

ACTTTGAAATTATAGAAGGTTTGTAGAATAAAAAAAATACTGGGCGAATGCTGTCTCAAAGGACGCGGACGTTTTGAAACTTCTTGCCGCTCACGCACCCAAACCAATCGCCCCTCTGGGGCCTCCATGCAATGTTGTTTATCTCTTGTGTTTTATTGGCATACATCATGTTAGGAGTCTCTAGTGTCTTGCACACCTGCTTGCTGTTGTTGTTTAAACTTAAGGGATCCTCGTTTAAACCGGATCCTGCGCCACCGTCTGTCATCTCTGTGTCGCCGTCAGGGTCCTCCAAGGAAGTTCCATGAATACTGGGGGATTTGCTACCTGCAGCGTTAATTTCCATAAAGGAGCTGTTCAAGTCCCAATAGAGCACCTGGCAGTCATCTCCGCACGAGAGCAAAACATTGCGCTTTGTGGGATGCCATTTAATCCCGTTTACCGAAGAACCGTGGCCTTGTAAGTTTAGTATAGGGGATTCTGGGTTCCTCATATCTAGAATAATGATTTTGTTCGAGTCAGCTGCAAAAGTGGCCAACACATTTGGGTCATACGGTGATGGCTCCAGCCTCAATAAGGCGTCCGAACCTTTCGACGACGGTGTTATAGTACCCGCAGTGGCTCCAGACACTGAGGAAGAGGGAGGCTCGTAAATAATTGTACTGTGCGCAAGCGATCTTAAATCAAATACTCGTACACTACCGTCCCCACCACAACTAGCAAATAATTGGGTCGATTTTGTCAAAAACCTTACATCAAAAACTTCGCTGTCGTGAGCGATCAATTGGGTCTTAACGTAGTGACTGCTTTGCAGATCCCATACAATGCATGTGGTGTCGATGGAACTTGAGATTATCAAGTTAGTATCGACCGTGTTCCAGTCAAATGATGTTATTGGTGGGAAAGTGCCTATGACCTTCATGTCATCTGCGGCCGCGGGATTGGCGGGGTGCTGTCTATTGTATTTACACAGAGATAGATTTATTTGTTCTTGGAACTGTCTTTCCTCAGGGCTAACGCTCCAAATCCGTAAGGAGTCAGAACACGTCGCGAGTTTCCTTGGATACAATTGAGAGGGGACCCATTGGATTTTGCTCACAGGATAAACCACATCTGCGTCCACTACGCTTTCCCAGCTCAGTAGATCATTAGAGTGCAGAACCTGCAACTTATTTCTGCTGTCCTCTTTGTACGAACCCAAGCAGACGTAGTCGTCGGCGCTCCAATCGAGCCCAAAGAGTGGATAGTGTGATTGATATTCGCACACGGAGGCCATGGAAGGGTTCATCAGATTGCTTACAACCGGAATATTTGCAGCATAGCCCCTCGCCTGCTGTAACTGAGAATGATTTGGTGAAAAAACTGGTGGCGAGAAATCTAACGGTGAATACATCGGCGATCGACTTGCATAGTACGTGGCACTTAGGTCACAGCCACTATTCCTTTTGCTGTTACCGCCATTGGTAGTGTTGCCAGACATTCCAAAGGGAGATGGGCCTCTACCTTGATCTTGTGCCGCCGAGGAAGGCCCATTAGTACCACTCAAGTAATTGTTCTTGTTATATGGCTGCCGCTGCGATGAGCCAAACGATATTGAGCTCCTTTTATTGCCATTGTGAAAGGGATCCATTTGAAGGGCGTGTATTTGCTCCTATAATTCCTTTCCTTCTTGTTGTCTGTTGACCCTTTAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:84792-85361

ACGGCAATTGCGACTAATAGTACTAGGGGTGTATATAATGTCGGAATTGAGTAGTCTGTGCGAAAGATCCTTGTTCTAGGGCGGATCTGTGATTCTTTAAAACTATAGTATGCGAATAAGGTGAAACACCACCCACTGGCGCCTGCAACTAATGCTTCTGGATATAGCAACTTACCCAACAAACAGTACAGAATTCCGGCAAATAGAGCACTCAGGTTCAAAAAAACACCTGTGTACACAGTCCCATGCGTTTCTTCGAAGAGATTCAAGGGTGCCCAGATGGCTAGCACATTGAACAGTAAATGAGGCAATGATAGGTGAATTAAAGGATAAAGCGATAGCCTGCTCATTTGCAGTTTGAACAATGACTCTGGCGCCAACGACAGGTCTTCCCTTAGGGCAAAAATAAAACTTAACAGGTAAATAGCGGTTAGAAATACCACAAGGCCTGTGGTCAACGCAGCTGGTGGATGACCACCGGGAAAAACGTACGACTTCCAATTCATAGCACGACCAAATAGCACAACCTAACAACCAGAGTGAATTGCTGTTCTCAGTGCTTCCAATTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:85578-86477

CATATAAAATGCATGGGCCTACTTCAAAAGCTATTTCCCGCAATGTGAGAAGCGTGAAGAGACCAAGAAGAGCACCTAGGCCCGTGGTCTCCACGCAGGCTATGAACAAGTTGTCTAACGTAACACTCTCTGCTGAACAAGAAAAGTTGAGAGAGCGCGTTTTGTCGTTCATGCGTTCCAACTTATCTCAGTACAAGTCTGACTGGAAACATCCGGCCATGTTTGTAATCCAAGGGGACGCAGGTACAGGCAAGTCTGTGATTCTAAACTCCTTGTTCAATGAAATTCAGAAACTATCCCAGTTCTCACCTTCTTCTGAAGATATCTTACATGGGACACATAATTATCTGGTAGTCAACCATCCCGAGATGTTAAAGTTATATATCCGGATTAGTGACAGTTTCAAATATATTTCTAAATCGTCACTAGAACGGCCCACTTCGTTGATCAACAATCTACAGAAGAGAAAAGTCATGGCCGATGTAGTCATTGTAGATGAAGCACATTTGTTGGCCACTTCTAAGGATGCTTTCAAAAGATTTTATGGCGAAAACCATCTCAAAGACTTAATGTCCCTTTGTAAAGTGCTTGTATTGGTTTACGATGATAAGCAAGCTTTAAGAATGGGTTCCTATTGGGATGAAGGTTCTAATAACGGTGCCACTTTAAAGGACTTTTACAACGAGATTCCACCAAAATCCAGAGACTGGTACACTTTAAAACAGCAGTTTAGGGTTGCTGCCCCACAAAACGTGTTGAACTGGATTGACCAAATTAGTGTCGCAGGTAAAATCCCACCAATTGAATCTGTGCTATCTAAGGGCAATGCAGATTGTGCTGACGATAAAATTAAGAATTTTGATTTCAAAATTTGGGATGATTGTGGCGCCATGTACGAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:86597-87575

TGGGATCGCTATACTCCACGTGAAGTGACGCCTTGGAGTGAGCGTTGCGACACGATTGATGAGGTAGGTAGTGTGTATACTATCCAAGGGTTTGATCTGAATTATGCTGGTGTAATTTTGGGCCGTTCCATTGGGTATGATGCGGCTAATGACTGCATCAAACTAAGACCAGAGCTGTATGACGATAGGGCCGGTTTCACCAAAAAGAAAAACATTCACAATGCAGAGGACGTTAAGCAAAAGATTATTATGAATAGCATTAATGTCCTCTTAACTCGTGGCGTGCGTGGTCTGTATGTTTATGCATACGATCCTGAATTAAGAGAGAGACTGCTTCGTCCATCAAAAAAATAGGAAGTACATAGTATAGACAAATTTTATAAATATTAACTTTTATTTGTTGCGATCTTCACTAATCTACGCAGATTTTGCCTTCGGTATATTAGCCTTCTTCTTGTTGAGTGCTTCCCAAGTGATTCCACCAAATACTATAAACATCCCCACCCATTGCTGGAAACGTACACTCTTACCGAAGACAATAATACTCAAAATCATCGAGACCATTTTCCTGGTGACTGTTATCATGATCAAAACTAAAGAGCCAAATTGTTCTAGAGTATAGAAAATAAAGCATTGTCCCATAGCGCCACAGAACGAATAAAGCATTAAATAGCCCCACACTTGTGGGTCCATCGTCAATACAGAAACGGCATTATCCCATTGTTTGCAGTCGATCACAATAAAATACAAAATATTCCACAATATCACGAAGAGGTTCAGTGTAAACATCAAGTGTGCACCTGTTATCAAAGTTTGTTTTCCCTTTTCTTTGGCCTTATTGGCCTTTAGTAGCTTATCTTGGGTGGCGTTGGTCAATCCATCAAGGAATAAACTAGAGAAAAGTAGTCCAAACCCTTGTAATTTGTTATCATTTCCGCTCTCATTAAAGGATCTCTTCAACTTTTTACCATCGTTGCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:87681-88042

ATCATCTTGCATGACTTTGCTAACATGTAAGTGAGATAATCCACGTGCTTTAAAGAAGTTGTAGCCAGCGGGCCTGAACTACTCTGTGTAAATGATATCAACATCAATTGTTTCCAATGATCTTTAATCATTTTTCTGGGCGGATATTCCACCTTCTTCCAGTTTAAGTACAGGTAGCCCATCATCATTGCCACAGAAGCTTGTATGAGGGATATTACATTAGGGAATTGAAACTTTCCCATGGAGTTTGGCCAGGTTCTTGTAGCCAAAGGCTCCTGTACTAATGCCCACGTCAAAAAAGTAGCATATATACCAATCGCACAGATCACCAAACTGGATGTACTTCCCGCCATACAAATATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:88446-95354

TGTATTATATTACAGTGTAATTTTCTTTTTTTCCATATTGAATCAAAAACTAGCCACGCTTGAAACTAAAGATGGTTGCCTATTCTCCAATCATTGCCACCTATGGTAATCGTGCAGAACAGTTTTTAGAAACAGACTCAGACTTCGCTAAGTATCATGCGAAATTGAATAAAAAGTTGCAACACTTGAGGAGCCGTTGCCATTTGGTCACCAAGGATACAAAGAAATACTCAAGTAAAAATAAGTATGGCGAAATTAACTCCGAGGATTATGATAATAAAACTAAATTGATTGGTGTTTTGATTTTACTACACGCTGAAAGGGACTTGGCACTGGCTGAAACTTTGAAATTGAGAGCTCGTCAAAGAGGAAAGTTAAAGAAAAGTGAAGAAAAGGTTTTATCCACAAGATTGAAGAAGGCCTGCAAGACTGCTGATAAATTGGTTAACGTCACTCAAAATGAACAGCAATGGATAACTCGTGCCCAATATTTAGCGTTCGCTAAATTGGTACATTCAGAGTACCTAATTAATGGAAAAAGGTTCAAGAGGAAGGACAATGCCAAAATTTCGAACAACCTAGCCCTCGTTTTCGCCGCATTGGAACACTTGAAGAATCTAAGCTTATTAGCTGAAGAAGTTGTAGATAACATTGTTAATAAATACCAGTACTCTCTCAAGCAGTACGCGGGAAATTTAATTACAACGCCCGAAATAAATAACTTTATCGTGGAAAGAGTTCAATCTGATGAGAACAAGGACGATGAGCTTGTGAAATTGTTATTAGACAATGGATTCAATATGAAAAAAATTACAACCTCAACTGAAGATCAAAAGGTTACCACTAACATAAACTGGAGATCTTTCAACGCCAAGATAATCGATGCTGAAGTTGCTCAATTTTTGGAACAAGGTCTATCTATCCACCCAACTCAGATTACTCAATATACACAGAGGCTATCAAAATTGGAGAAAGCTTTAGACCGTCATGAATTTTTCATCGCAAACCACGACGATCAAGATGACATAGACGAGATGGTTGAAAATAGTTCTGAAAACAATCAGATAATTTTAGCCTACATTAAATATAATATTCTTTTGACCTCTATATCTCGTGAAAGAGATTTGTTTACTCATTTATGGAATCAATGGCTGAAATTAAATACTTCATTACCATCGAAGTTAACCAAATATAAAGAAATGGAACGTATTGTGAAGAATTTGACAAAATATTTATCGGACATAATGGAGCTACCTGGTGTGTATTCAGATGACGAGCTGCTAAGCCAATTAGACTTATGCAAGCTGTATTTCCAGTTATTTCTGAATACGGGCTGCCTGAGTGTTTTATATCAGTCGAAAGGCAGATATATGGAGGCGTTAGCTCTATATGTGGACGCTTACCGAAGATTAGAAAACAAATTATCTGAAATTGAATCTCTAGACGAAATCTTACTTCCAGCAAATCTTTTGTCATTGAATTCTGTCCGAAGCTTACAAAAGAGAATCGAAAACGGTGGTAATAGTGTCATTACTTTGGCGGAATACGAAAAAAGAAATCATGGTGGCAGCTTAGGGAAATATGATTTGACAGTGATTGAAAAATTGGATAGTAAAAAAATACTGCCAACGGACATACAATTGAAAAATTTATTCCCTCTCAAGCCAAAAATGCTGCCCATTCCTAGTAAACCAACACTTTTTGATTTGGCCTTCAACTACATAACATATGATAAGCAAGAGCCCTCAGCTTCTCAAGTGAAAGATTCAGTCACAGAAACCGAGAGCATCTCTCAAACACCAATTTCTAATGAGCAGACGGAAGGAGAGCCTAAAAAGAAGCGTGGTTTCTTGGGCCTATTTGGTCGTTAATATTTTTCTAGTATGACTGTATTTATAGTACTATATAGATTATTCCATTTAAACAAATGATGATTGCCAACTATAGTAGCCAAATAACGAAGTGCATTACTTAACACATCTTATTTTTATCTACTGAAGATATCGCCAAATTACAGCACATGCTAAAAAGAAGATGTTTAGGGTCCTTTACATAACTATACGTTAAATTATTTTTGCTGCTGAAAATAAGGAAAATAAAAACAAAGATAAAAATAGAAAGAATGGGAAAATTTAGTAACAGCTTTTGCCCAATATGCTCAAAACCGAGTTATCTATTACAAAGCGTTCCTTTTATAGAAAAAACTGACAATCAAATGTAGTAATTGGCTATTGTTAACAACAACGTTGGAATGGAATAATTTCCACGTCTCGATTTTTGGTTCAACTTGAGTCTTTATCAAGTCTTTAAATGAGAAAGAATCGACATCATCCGAGTATCGTTTATCGGGCCCTTTTCTTTTGTCAATCATTTGAATACCGAATCTAGAACCATCCGATGTGGAAATTTTGAATATTATATCTGGGAATTTAGGACCGCTCGAACCAAAGACTTTTACAGTCAGTTCAGCTAGTTTTTCACCCCTGATGGTTTTAAGCACTCCTCTTTCATACAACTGCTTTGTGTTCCATTTAAACTTCATTCCCTGCAATTCAGAACGTTCTCTTCCTTGAACTTTTTTTACTGCATTCTTAAAATTTCCAAATTTACTTTTGTGCACCGGCGAAAAATCCTTGGCTTTCTGGAAGTCTTTTATCGTATGATCAACATGTTTTTTAAGCCTTGATAATTCTATATCTAAGCTGTGGTTCATTTCCGAAATTTTTGTGAGTGTTTCCTTTGTGATGTAAATTTCCTGGGTTACATAATCAATGGCATAGTTGGGATTTTTAATAGTGTTCGCAATATCGTTTAAGAAATTTTGTAACTTATTATCAGAAGAGCAAAAAGTCCCCGTACTTTCTAGTTCATGTATTTTTTTCAAAGTAACATTTTTGAGTGTGAAGTATTTCAATGGTTTCAGCTTCTGTATCATTGGATCATCCCTGATTTTAGGATTTTGCTCCAGAAAATTTGCAAAATTTGGTTCATCTTGAGGTAGAATTGTACTAATTGAAAGGTCATACAAATTGGTATCTACATCCTCAATTTGCATCATGTACACAAATGCCCTTTTAACTTGGTCGTAGATTTTTCTCATCTTGTCATCACTAACGAGGAATCGATATGCAGATGCATCCAATTCCAAGGTAACACGTCCTGATCTTGGAAAGGATGAATTGTCCAAGTTCTTTTCCAAAATATCATGCAAAATATCTGCTTCCGGAAATTCATTTAAATACTCTTCAAATTTACCACTGATTTCCAGAACCTTTTCAGTTAACAATTCCAATTTGGGGCTTGGCGATACCATATCCAAATAAATCAATCTATCTCCCTCTTGTTCATACTCTGGATCTACTAACACATTATAAAGGACATCTTTGATATGAGGCTTTATTTCGTTAGCGTACTGGTTCAATGGATCCAAAAAGCCATCAAAATTTTTGATTTCAAAAACAGTCGCCAAGGATTTCATTAGAATGTCAATTTTTTGGTTATTTTTTTGAACGTTGCTGTCTTTGTATCCGTAATATTCCCGGTTGACCAAATATTCAGACACAAAAACGTTCACTAGAATACTTGATATGGCCCTTAAAGAGTCAATCTCCTCAATATTCTTATCTGCCGCGTAGCAGAAGATTTTAGTGCAGAGGTACCTGATTTCAACGGGAATAGTGTGAACCTTTCTGGTATAAATTTCAGCGACCATTTCAATCGCGTGCCATAGGCACCTTAAATTGTCAATGAACTTATTCTTGGTACTCGCATCATCCACAGGCGAACAATGCTGAGGAGAGCTAAAGCCGTGTATTTCTTGATAAATTTTGTATGGATCACTTTCAAAATCCACTACTGGATCTGACAAGTAATCCAAAACTGGGACTATTATAGAGAAGAATTCTGGAGACTCTCTTCTCAAAAAATCTTGAAGAATGGTTTGCCAAAATTGTGATCGGTTGTCAAGAAAGCTTTCAATACTCGGTGCTTCATTAATCGCATTTTGTAACATTTCACAAACAAACCTTGTGAAATAGGATCTCTCTCTGTCGTTCATCCTTTGATTCACTGTTCCAAATGTCATATAAACATTCTTTGCAACAAATTCTGGCTCTTTCAAATACAGCAATTTCCAATAAGAGGGATCAACTTGCAACATATAGAACAGTTTTTCATACTTTTGATATTTAGACTTCGGAATCGTAGAATCGGAAATACCGAGTTCATGATCTTTATCTTTTAATAGTCCAAACTTATCCAATACTCCGTTAATATTTAGTTGTTGTCTTATGCTCTTCAGTAATCGTTCCTTCTTCATATTTTCGGAATCAAGAGAGGCTTGGCAACTCTCCAACTGGTTTTGGACCTCTTCAATGGTTGCTGTTCCATTGAGCAAATGAACGAATTTTTTGACAGCCCAAAGACTTGGATTTGGACAGTCTAGAAGTTCCAAATATGCCGATCTTTGCAGACTTTTCCTAATCCAGCTTTGAATCATAATAACCGACCTTACGTTTCTCTTGTAAAAACTCGACTTTTGGTCCAAGCTTTCACGTACTAAAGCGCCTCTAGAAAATGCTTGAAATAATGCTAAATTATTATACTCCACAATGTCATCGACTAAGTCTAATGTGTAGCGGACTAGAATACCTCTAACCAAACCCTGGAGGTCGTGCACAGTTTCACTGAGATTATTTTCGGGCGCAAACAGTGACTGTACCTTATGTCTTACAGCGTTTCCGCGTATACAGGCTGATAATTGAATAATATTACAGTTTTCTTTTCCAAGTGAATATATTATTGATGCTAGGCACGAACGCGTAAATATTCCTCTAATCAAGCTTTGCAATTTTGAGATATTTTCCTTATGTACATCATGTACAGCACTTAATATCGCGTCCTCTGAACACCTCACAACGTTACCTCTGATGATTGCCGAAAACTTCATAATACTTTCTCGCTCATCGTTCAACTTTGTATTGAGGGACATCACCTTCTTTCTCACATAAGAAGCACGCATATAAGACTGCAATTTTGTCAGAGGATAATGTGATATCTCAATATCATTTAATTTTGTGTTAACGGTTGTCTTCAACAATTTTGAACGACAATATGCTTGCAAAAGTTCGACAGTACACGAAAACCTTGAGAGTGTAAATTTCAATTTATCGTATTTATATCGAATTCTGCTTCCCTTAATTCGCGATTGAATCGCCTCGACATGAGGAACGTCAATCTTTGCTCTTCTTATTGGCAAATACATTGATGACAATACTCTAAATTTATTTCCTCTTAGGCATGCTTGAAACCTTAGTATGTCCTGTTCAAAAAGGTTCAGTAACCTTTTTTGAATGTATAGGTTAAAACGGGTATTAACTCCTCGACAAATATTTTGCAGTTGAACTACCTTCTCTAAAAATTGTTCCTCTGTCATCCTTTCTCTTCTCATGGGAGAATAATGAGAAGGTGAGTATTTGAACGTCTGGTAATAATTCAAATCTTCCTCTCTTGCACGACTCCTTCTCGTATAAAATTCTGTATCATATGTCAAGTATTTCGAGATGGTAGGAGAATAGTACGACAGACTTTTGTTTTTTATTGGGCTATATTCTAAAGATGGTGTAGGGCCCAGAAGACTCGGCTCAATGGGTGTGAATTTCCTCTTCTCAACAACGACATCCAAATTTGACATTTTTGGAGCTTCATTATAAGGTGAAGGTGTATTAGAAAAATCGGAGCAATTAGCATCTGTTATATTCTTTCTTGGGGTAATTAAAATTTCTTCCACCGGTATATTCGGCCTTTCAAATTTATTAAAGTCTTTTATCAATCCGCTTCTTTTTTCTTTTGGTTCCTCAGGGGAAGCTGGTGCAGTATTGATATTAGTTCCTAAGGACTTGAAGTCTCTAATTCTAGGCCATGCTTTTTTACAAGCTGCGATTTCTTCTTTGGTAAAACTTATTTGGCCCGATACATTTGTTAAAGCGGGCGTTTTGCCTGGCCATTTCTTATTAATCATTGATATAAGAATATGCAGGGTTTCGAAAACCTGAGGGATATTCTTCTTGTTATAGAGATCTTGCAATTCAAATCTAAAAGAGTCCGGAACACCGACATGTTCTACCAAACCAAAAAAGGCATTAATGTTCTGAGTGTGTTTAAATTGTAGTTTATCACCTGCAGGAAATATAACCGTTGTCAAATCTGGATTTATCCTCTGGGTTAGCTTGGCCAAAAAAACACCATTCCTAAGTGAGTCTCCAACACATAACTCTATTTCTGATGGTAGTGCTTCCTCAATAACAGCTTCAATCCATATTTTGACTTCTGATACTCTGCATAAAAACTCATAGTACCTCAGTTCTATTTTCGAATAATTACTTAAGTCTACGGTATATTTTCCTACGAGTTTGTTAGGAAGGGATGGCTTCAGCTTTGATACGGAACTTTCTACTTTTTTTGACAAAATTGTCGCAGAACTGTTGCTAGCTGACGTCTTAGTCTTTAAATGACTTGGCGACGCTATGTTTAACGAAGAGTTGATTTTGGAACTTGACTGCGGTCTCAGAGGTGGAGTCACATTGGTGCCTAGGTTTTCAACATAACGATTTAGATAAGAATTATTATTGCCTGGTTTCGAAGGAGAGCCTGAATATGCTGTCATTGTTTTTGCACCACCTTGTTACATATAATTGAACTGGTGCAATAAGTTTTTCAAAAAAATAATCTATGTTTTGGCCAACTACTTTCTTATTTTCAATAAAAAGCTGTTGTTTTCTGATGTCAATAACAGGGTTTCTTAATTTCAAGATGGAAGAATTTGTAATGTTTACACTTTCCTCTTTTAGGATATGCTATTAATGGCATGCTTAAATCACTATATACGAAATAAACAATTTTAGCGATGCG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:95399-98857

TGTATCCTTGTTACAAATATCAAAATCTTCAAATGCAAAGGCAGAATTGTCCTCAGTTTCTTCGCTTTGGAAGGGGTTAGAGAAATCTTGTATAATTAGGTGGTCCCGAGTGCTTGCGTTGAAAATGCATTTGTGACAATTTTCTATGATTACCACTTGTTTGCAATCGATACTTGGCGAGAGTTTCTCTATCAAAATTTTGCAATTTTTCAAGTCACGTAAACGGATTTGGAAATCCTTGTCGGAAGGAGACCGTAGAAAAATTATAGAATCCGTACAATCAGTTATGAAAATACTCCCTGTTTGAAAGAAAATCCTTTGTAAGTTTATGACACATTTAGTAATATTGCGAAAGCACAAAGAACCAGAAAGGGCACTATTGCCACTATAATCTGTTGTTGATGTAACAGTACAAAACTCTAAATTTTCAAAAGCTGAATCACCCTTCTCCAAGACATAATGCTTTTTCAAAGTAGTGGTATACGCCGGCGCATTCGCAAGCTCCGTACGTTCAACATTCTTATGAACGGCTGATGATGAATTTTTCTGTTTGAAGGAGAATAGTCGTTTTTTGCCCTTTGACTCAGATAATTTTGCATTAATAGATTTTAATACATTTTCTATATCATTGGAGAAGTGTTCTTTTTCATAAGATGTCAAAGAATGTGACAGAGTATTCAGCTCACTTCGAAGACTTATGGTCTTCTTCTGCAAGGTCTTATAGTCACTCGTCTCTGAGAGTTCTCGTTCGAGCTCTACACAAAAAAATAGTATACGAAAATATGCAATGTTAATTAGTTGGACGCATAATGAAAGCAGATGAGTTTCAACATACCCTTTATCTTCGCAGTAAAGTCCATTTATGCTTAAGCTATTTCAGTTATATTCTTAAGTATATTTCACGATTTCAGATTCTTCGCGTTTTGTATGACACACTAGACGCGTCGGAATAGTGAAAACTCTAAAAAAATACATTGTAATGTTTTACCCAGTTATTTCCATGCAGATGCCCTATTTACATACTTATTTATTCATTCGAATACCTATACGTTATATTATGTTTTGTTTATAACCTATTCAAGGCCATGATGTTCTACCTAATCTACCTCTTCCATTTCGGTGTCAGCTGGAACCTCTTCAACCGGAGCTGCGGTGGATGCTTCTGGAGCAGTCTCTGTTTCTTCATCCTCATCAATGTTCAAACCCAAAGAGATCAATCTGTTAATTCTTGATGCAAAGGAAGTTGGTTCGTCCAAACTGAAGCCGGAAGTCAACAAAGCAGTTTCATATAATAACTTAGTCAAGTCCTTGACAGTCTTGTCTTGAGCACCACCTTCGTCAACTCTCTTTTTCAATTCCTTGATAATTGGAGATTTTGGAGAAATTTCGAAAGTCTTCTTGGAAGACATGTAGGAGGACATGGAAGAGTCTCTCAAGGCTTGAGCCTTCATGATTCTTTCCATGTTAGCAGACCAACCAAATTGACCAGTTCTGATAGCAGCTGGGGCATCCAACAATTTGTAAGAAACAACAACTTTCTCCACTTGGTCACCCAAAATTTCTTTCAAGGCCTTGGTCAATGGTTCATATTCTTTGATCTCCTTCTCTCTTTCAGCTTTTTCTTCGTCAGTTTCTTCCAATTCGAAATCTTTAGTAATGTCAACCAAAGTTTTACCTTCGAATTCCTTCAATTGAGTGAAGGCGTATTCATCAATTGGGTCGGTCAAGAACAAAACCTCGAAGTTTTTAGCCTTCAAGGCATCCAAAAATGGAGACTTTTCGACAGCCTTTAGAGATTCACCAGTGATGTAGTAGATGTTCTTTTGGTGTTCTGGCATTCTGGTAACGTAATCAGTTAAGGAAGTCAACTCATCTACGGACTTGGTAGAGTTGTAACGTAACAACTTAGCCAAAGCAGCCCTGTTTTGGGTATCTTCATGTACACCCAACTTGATATTTTTGGAGAAAGCCGAGTAGAACTTTTCAAATTGTTCAGAGTCTTCAGCAATTTCGTTGAAGGCTTCAATCAACTTTTTGACAATGTTCTTTCTAATAACCTTCATGATCTTATTTTGTTGTAACATTTCTCTGGACAAATTCAATGGTAAATCCTCAGAGTCAACAACACCCTTGACGAAAGATAACCACTCTGGAATCAAGTCTTCAGCTTCATCAGTGATGAAAACACGACGAACGTACAACTTGATATTATTCTTCTTCTTTTTACTCTCAAACAAGTCGAATGGTGCTCTCTTTGGAATGAATAAGATAGCTCTAAATTCCAATTGACCTTCAACGGAGAAATGCTTAACGTACAATGGGTCTTCCCAGTCGTTTGAAATAGACTTATAGAAAGCATTGTATTCTTCTTGAGTGATATCAGATGGGTTTCTAGTCCACAAAGGCTTAGTCTTGTTTAGTTCTTCTATCTCTTGAACTTCTTCTTTAACTTTTTTCGTCTTTGGCTTCTTTTCCTCTTCTTCATCGACTTCTTCCAATTTTGGTTTCTTGTCGTCTTCATCCTTCTTTTCCTCATCCTTCTTTTCCTCGTCTTTCTTTTCTTCTTCTGGAATTGGAACTTCCTTTTCAACTTCCTTGGTGACGACTAATTGGATTGGGTAGGCCACGAACTCAGAATGTCTCTTGATAACTTCCTTTATTCTCTTTTCTTCCAAGTACTCCAATTGGTCATCTTTCAAGAATAACCTCAAGATGGTACCCCTACCAATTCTTTCATTAACTTCGTCTAGAGTAACAGTGAAAGAACCACCAGCGTTGGATTCCCAGATGTATTGTTCGTCGTCGTTGCTCTTTGAAATAACCTGAACTCTGTCGGCAACTAAGAATAAAGAGTAAAAACCAACACCGAATTGACCAATCATGGATACATCGGCACCAGCAGATAGAGCTTCCATGAAGGCTTTGGTACCAGACTTGGCAATGGTACCCAAGTTATTAATCAATTCAGCCTTGGTCATACCAATACCAGAATCTCTGATTTCCAAAACTTTTTGCTCTGGCTTTGGAGTGATTCTAATAAAGAGATCTGGTTCTGTTTCCAATTGCTTTGGATCAGACAAAGATTTGTATCTAATTTTATCCAACGCATCCGAGGCATTAGATATCAGTTCTCTCAAGAAAATTTCCTTGTTAGAATAGACGGTGTTGATGATCAAACTCATCAACTGAGTAATTTCAGCTTGAAATTCAAAAGTTTCACTAGCCATATCTTTGCGTGTTTGTTTGTGCTTTTGTTTATAGGACTCTATTTTCTATCAGGTATGATTTCTTGAACTCTAATACAGCGGGAAGAAATGAGGAGGTCACAGATGTTAAGAATTGAAGGGATAAGCTGCATATTTATATGTTTTAGGGGGTGGCGGAAGGACCTGGTTGGTATTAAGATGAGAATTAACCGCTCATAAAACCATGCGCGTGTTTTTCTTCCACGGCGTTCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:98991-99200

TGGTTTATGGATTACTGTGTTGAGAGAGGGGGGGTGACACCCTCCGGAATGTGATATATCACACGCTTGCACGTTGGTTCATATCGTAACCACGAAGAATACAAATACGCACACGCAAGCTAAGTTATATTTTAAAATATTCTGTCATCAAGCTTCCAAATACTTCTAACCATCTCTTATTCTCCTCTTAGTAGCCATTCTTTGCCACGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:99274-100229

ATATCACCATGAACGATGATATGAAATTTTCATAGAATAAGAAGGAAAAGTAATAAAAGAAAAAGAGAATCTGAGAAAAAATCGATGAGTTAATTATCATTTGTGTAAAACAAAAACGAATTGTAATACGATAGGCAAAATTGTTCGCGCTCTATCTCAAAGAAAGTAATTATTTCCAAATAGAAAAAAAAAATCTACATATACGCAGATATGGGCCTACACAGTGAACCGTTAGATCAAGAGGACCAAGACACCATAATACTCGATGCAAGAGCTGGCGATTTGGATTCTCTGAAAGATATATTTACAACTTTAGTCAGTCCCGAGTTACTTTCGACTTGTAAGGAAAGTGAATCTGATTCTACGGCTTTACATATGGCTGCTGCCAACGGTCATATAGAGACCGTTCGGTATATACTGGAGACGGTTTCTCGCGCAAATAGTGCCGAAGACTTGAAAGCTTTTGTTAATGAGGTGAACAAAACAGGCAACACGGCTTTACATTGGGCGTCGTTGAATGGCAAATTAGACGTGGTCAAGCTACTGTGTGATGAATATGAGGCAGACCCCTTTATTAGAAACAAATTCGGCCACGATGCTATCTTTGAGGCCGAGAACAGCGGGAAGGAAGAAGTGGAAACATACTTTTTGAAGAAGTATGATGTCGAACCTGAAGATGATGAAGAAGACACACAAACTGAGGGCAAGAATTCGGTCCAAATCACAAAGGGTACAGAAATTGAACAAGTCACCAAGGAAGCCACCGAGGCTTTAAGAGAAGAAACCGAGAAACTGAATATAAATAAAGACTAAAGTAAAGAGCTTGTTTTCTTCGTGGAATAAAAGCCGTAATATCCATTGAGCATGATATTTTATTTCTTGGTACCGGAGAAGATAAAAGGATGGAACCAGCAGAAATGCATTAATAAATACAAAAAATTTAGAAAAGAGTTACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:100342-105534

GGAGTGAAAAATTTTGTAATTGCGAGAAAAAGTGAAATTGATGGAAAAAAAGAAAAAGAAAGTAGAAGAAGACATTATAAGAGAGACTAGGAAACTTCTTGCACATCAACCGAAAAGCGCCTAGGCAACCAGTCATATAATAAGCACGCACGAGATGTCCTCCGATTTAGCTGCTGAGTTAGGATTCGACCCTGCACTAAAGAAGAAAAAGAAGACTAAGAAGGTGATCCCAGATGATTTTGATGCTGCCGTAAACGGCAAAGAAAATGGTTCAGGAGATGATTTATTTGCCGGATTAAAAAAGAAAAAGAAGAAGTCCAAGAGCGTTTCTGCCGATGCTGAAGCTGAAAAAGAGCCTACTGACGACATAGCAGAAGCCTTGGGTGAACTATCCTTGAAGAAGAAAAAGAAAAAGACAAAGGACAGCAGTGTAGACGCGTTTGAGAAAGAACTAGCTAAAGCTGGTCTAGATAATGTGGATGCTGAAAGCAAAGAAGGCACTCCAAGTGCTAATTCCAGCATTCAACAAGAAGTTGGCCTACCTTATTCAGAGTTATTATCTAGATTTTTCAATATTCTAAGAACTAACAATCCAGAACTTGCTGGTGATAGAAGTGGTCCAAAGTTCAGAATTCCTCCTCCTGTTTGTTTGCGTGATGGTAAGAAGACTATTTTCTCGAATATCCAAGATATCGCCGAAAAATTGCATAGATCTCCGGAACATTTGATTCAATATCTCTTCGCAGAATTAGGTACGTCCGGTTCTGTTGACGGTCAGAAAAGATTAGTCATTAAGGGTAAGTTTCAATCCAAACAAATGGAGAATGTCTTAAGAAGATACATTTTGGAGTATGTCACTTGTAAAACTTGTAAGAGTATTAACACCGAATTGAAGAGAGAACAGTCAAACAGACTGTTCTTTATGGTCTGTAAAAGTTGTGGTTCTACCAGATCCGTCTCTTCTATTAAAACCGGTTTCCAAGCTACCGTTGGTAAGAGAAGGAGAATGTGATGTTGGTGCTTTACCTGTTAGCATATATATAATAAATACGGATTTCGTTTATCTTGTGTATTTTATTCGTTTCATTAGATATTTAATGTTTAAATGAAGAAAAACTTAAAGTAAAAATTTTCATTCACAAAATAAATCTAAACAGCGGTAGGTAATCTTCATTGATCAGAGTGAACACATTGCATGGAGCCAGCCAATCATCGTGTCCTGTTTACTTCCCAAGGACAGGAAAAAGCTTTGAGAAGCAAAACCGATCAAGTGTCTAAATCTTGTAAAAGATTTAATAATTGGCTGGTAGTAGGCCTTTGTATAGGATCCACTTGAATGCATTTCTTGATTACACTCAAAAGCCCCTCAGAAAATCTGGAATTTCTCGGGAAACTGTACTTACCAGTGTTTATAGCGTAGGTTAAAGAAGCTCCATGTATCTGCTCTTCTCGCTCAAAGGGGGAGATACCGAACATTAAAGTATAGAACGTACAACCCAAAGACCAAATATCAACCTTAGAGCTCAAAACCTGATTTAATTTCAAGTTCAGAAGTTCTGGTGGAGTATATGGCAACGTACAATTGTCATTGACCCATTCTTGTAGTTCGCTGAGTTGATGTCTGTTTTCAATTGTTATATCAGCTTGAGAGCAGGAGCCGAGGTCACCAATTACTGGTAAACCGTCTGAAGAGAACAAAATGTTTGAAGGTGTAATATCGCGATGTGCATATGCTATTGAACCTGCTGAGTTGGAGGAAAGCATGTCCATCTCTAAGGGGGTGTCTTCTAGGAGCATCGCCGTTTCATCGCTATAAGTCATAGAAACCGCATCGACATTTACTCTGGAAGTAGCGTTATCTTGTCTTGACGCAGGATCATGTAAACAAAGTAAACCTCTTGTAACTCCAAGCATTATCCTTACGCATTCTGCCTCTGATACAAAGGTGCCCTCGAGTAACCTCCGATTAATAGAGTCTTGTAAACTCCCTAATGAATAATAGGGTAGTACTATGTAAATTGTTTTTGACCCATCTTTTTCCTGCATTACTTGTGAGTCGATACTTTTTATAACATAAGGACTTTGAAACCGTTTGTAATTTTCAATTTCTCGCATACCATTGGATATACTTTCCACACTAGGACAAATAATCTTCTTTAGTGCGTATAATTCTGGTGTTGCGATGCCGTTGTCTATAATCAGAGAATTCTTTGACAGTTGTACCAAATACACAAAGGACATTCCACCTTCTCCAAGTAGTCGTTGAATCCTATATCGTTTATCATTTACCCTAATAGTAGCATCGGAAAATCCGCGACAGCAGCACAAGTTCTGGAACAATTCCAATACAATAGAAATCATTGATCGGATAAGATGGTACAATCGTTATTTTATCCCTAGTCAGTCGCTGAGATTACAGGCTCTTTTTGTCTACTCTCTGTTTCGTCTTTTTGGAGAAAGTATGGTTCAACATCTTACAAAACCAGATACCGAAAATGTCCCTAACTCGGTGTCATAAGACAGGACTTATCAAAACAGAAAGGATCTTGCAAAAAAGAAAAAGAGCAAATTATGTAAACTTTGGGGGTCAACACAGTTGTATCAGTCGTATTGGTTAGACCCAATATAGCGGTTTTCTTTACTTCTTTGTTTCTACACTTATTAAAGTCTATTTAACTCCCTTTCACGTGATCAGTTTGAAAGAAACGTGAAAATTATTTTTTTCAGCGAACTTTTTGAAGGTTTTCAATAGAAGATGAAAGCTAAATGAAGACTGTACATTCACACGGGAAACGAGAGAAAGAAGTTCAGTTAGTTGAAGCCAGCAATACTACTTTCTCTAGCAGTCTAGCACAAGTTACTTTGAAAGGAAATAAAAAAAATTGTCAGCATGTCGATTCAAACTAGTGATCCAAATGAAACATCAGATTTAAAGTCGTTATCTTTAATTGCTGCCCACTCCCATATTACAGGTTTAGGTCTAGATGAAAACTTGCAACCACGTCCCACATCCGAAGGTATGGTTGGGCAATTGCAAGCCCGTCGTGCTGCTGGTGTGATATTGAAAATGGTTCAAAATGGCACCATAGCAGGTAGGGCTGTTTTGGTAGCGGGCCCCCCTTCAACTGGTAAGACCGCTCTTGCCATGGGTGTTTCCCAGTCTCTGGGTAAAGATGTACCATTCACTGCTATTGCGGGCTCAGAAATCTTTTCTTTAGAATTGAGTAAAACTGAAGCACTAACTCAAGCTTTTAGGAAATCCATCGGTATCAAAATCAAGGAGGAGACAGAATTGATTGAAGGTGAAGTCGTGGAAATTCAAATTGATAGATCTATTACTGGTGGACACAAACAAGGAAAATTGACTATTAAAACTACCGATATGGAAACAATTTATGAATTAGGCAATAAAATGATTGATGGCCTAACTAAAGAAAAGGTATTGGCTGGCGATGTTATTTCTATTGATAAAGCTAGTGGGAAGATTACCAAGCTAGGCAGATCCTTTGCTAGATCTAGGGATTATGATGCCATGGGTGCTGATACCAGATTTGTTCAATGTCCGGAAGGCGAACTGCAAAAAAGGAAAACAGTGGTTCACACGGTGTCACTGCATGAAATTGATGTTATTAATTCAAGAACACAAGGATTTTTGGCATTATTTACTGGTGACACCGGTGAAATTAGGTCAGAGGTAAGAGACCAGATAAACACAAAAGTGGCAGAATGGAAAGAAGAAGGTAAAGCAGAAATTGTTCCTGGTGTATTATTTATCGACGAAGTCCACATGTTGGATATAGAATGTTTTTCCTTTATAAATAGGGCTTTGGAAGATGAGTTTGCCCCAATCGTCATGATGGCTACAAATAGAGGAGTTTCCAAAACCAGAGGGACTAATTACAAATCTCCACATGGGTTACCTCTCGATCTTTTGGATAGGTCAATTATTATTACAACTAAAAGTTATAATGAGCAGGAGATTAAGACAATTTTATCTATAAGAGCACAAGAGGAGGAAGTTGAACTGTCATCCGATGCCTTAGATCTATTGACCAAAACAGGTGTGGAAACTAGTTTGCGTTACAGCAGTAATTTAATCTCTGTTGCTCAGCAAATTGCAATGAAGAGAAAAAACAACACTGTTGAAGTGGAAGATGTCAAAAGGGCTTATTTGCTATTTTTGGACAGCGCTAGATCTGTTAAGTATGTTCAAGAGAACGAGTCACAATATATTGATGATCAGGGCAACGTTCAAATATCCATTGCTAAATCAGCAGACCCTGATGCCATGGATACTACGGAATAAGCATTTTGTACTTTAAGGCAGAAATTGCATCAAATATATATGTATAAATAAAAATTTTATGTTTGCGTGATTGTTGGTGATAAGAAGTAAAAAAGTACACCTAAAATAGGCAGCAGTTGGCCAGCACGTTCAGAACCCCGTATGATATACCTTCTTTCGAATAATTATCGATTATCAAATGTATAGATAGCAGTATTATAATATATACTATATTCTATACATATATGAAGGGGGTTGGTGCGTGTATATGAGAAAAAATTTTTTTATTGTAATTATTTTTTTTTTTTAAACTTTTGACTCATTCAGAGCCTCTAGTGTTCAAAATCAAAGCTACAATCATACCATATAACCCTAAAACTTCAGAGAAAATTAGAATCAAAACGATACCGACAAAAAGCCTTGGTTGGTGCATATACTTTCTAACACCAACGTCACCGACCATACCAATGGCGTAGCCACTACTCAAACAGGCAAATCCCACACAGAGCCCACAACTCAAGTGCATGAACCCATTGAAGAGAGTATAGTCTTCGGTAGGAGATAAATTACCTGCAATTAAAACGGCCACAACAAGCCCATAAATGGCTAAGATACCACTCATAACCACAGGAATCAAAGACTTCATGATCAATTCCGGCTTGAAAGTACCTATACCGGCGATACCAATACCTGACTTAGCTGTACCAATGGCAGCTCCCAAACAGGAAAGCACCATGGCAGCTGCACAACCTGCGAACCCGAAAAAGGGAGCGTACAATGGAGCATATATGTTACTTGCGAGTTGCGTTGACATGTTTACAGAGAATAATAGAATGGACCCTTTCCTCCTCCGACTCTTGCTTTGCTATATTTATTTTTTTTTTTCTTACGAGTAAAGAAGAAAATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:105720-105952

ACTTCTTCTTTATCACCATTTTGACAGGTTTCTACATTTTTTTTTCCGTAGAGGGAAAACATATAAAAGCAGTCCAGTAATTGCTTGCTTTTTGAAATGGCTCTTTAAGCCTGAAAGCACAAGACGATTAGTGATATAGATAATATATACACAGATACACATGTACGTACATAAGTACTGATTTAGGCTGCAACCTTTTACCTGGCTCAACTGACACGAATATTTTGTTATCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:106076-106866

AGTAGGCGGAAAAAGTTTTATTCAGACGTGTACCGGAGCCTAAATCCTTTCTTACCCATAGCAACCACACTAAATATATTATTGTAACACGAGAAGATGTCACAAGGTCAGTCCAAAAAACTGGACGTAACTGTTGAGCAGCTTCGAAGTATATACCACCAGTTTCATGATATCTTGGAAGAAAAAACTGATTTGCATCTACCGAAGAAAGAATACGACGATGACGCTGTTAGGAGAGAGGTTCAGATACAGTTACAAGAATTTCTTTTGAGCGCTATGACGATGGCTTCGAAGTCACTAGAAGTTGTCAACGCCGACACGGTAGGAAAGACGGTAAAGCAATTGATCATGGAATCACAAGAGAAGTACATGGAGCCCTTTGACCTTGACCTGAATGAGCAAGTTAGAAAGATGTACCAAGAGTGGGAAGACGAAACCGTTAAGGTGGCCCAGTTGAGGCAAACGGGGCCTGCAAAAATCAACGAAGTTTACAACAACTCAAAGGATGAGTATTTGGCACAATTGGATGGGAGAATCGGCGTTCTTCAAGCTAGAATGATGCAGCAACAATCTGCTGACCATGATGATAGTACCGACGATGCCGATGATCACATCAACTGGGAGCACATCAAGCAGGATTACGTTGCCTCACTCAATGAATTGTATCAAACACAGCAAGACCTACCCAAGGTAAGATATAACGTTGAAAAGGTCAAGCGCTTAATGGACTTCCTGGAGGAGGATTGAATAAATAACATATAAGACAGTCAACCTCGTGGTAAATGATAACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:107088-108298

CGTAAAGACGTCAAGAACCAAATCAAGTCAAATCGTGGAAGTTACAAGGGGAAAGACCAATAACTTTTAGTAAAGAACAAAGAAAGGTCTATCTCACGCAGTGACGGTCTTTGCGGTAAATCTGTGTATACTTGAAAGAAAACCCTTTTACAATTAAAAAAGGCAATTAAAAATAGAAACAAATCAAATGAGTTATAATAATCCGTACCAGTTGGAAACCCCTTTTGAAGAGTCATACGAGTTGGACGAAGGTTCGAGCGCTATCGGTGCTGAAGGCCACGATTTCGTGGGCTTCATGAATAAGATCAGTCAAATCAATCGCGATCTCGATAAGTACGACCATACCATCAACCAGGTCGATTCTTTGCATAAGAGGCTACTGACCGAAGTTAATGAGGAGCAAGCAAGTCACTTAAGGCACTCCCTGGACAACTTCGTCGCACAAGCCACGGACTTGCAGTTCAAACTGAAAAATGAGATTAAAAGTGCCCAAAGGGATGGGATACATGACACCAACAAGCAAGCTCAGGCGGAAAACTCCAGACAAAGATTTTTGAAGCTTATCCAGGACTACAGAATTGTGGATTCCAACTACAAGGAGGAGAATAAAGAGCAAGCCAAGAGGCAGTATATGATCATTCAACCAGAGGCCACCGAAGATGAAGTTGAAGCAGCCATAAGCGATGTAGGGGGCCAGCAGATCTTCTCACAAGCATTGTTGAATGCTAACAGACGTGGGGAAGCCAAGACTGCTCTTGCGGAAGTCCAGGCAAGGCACCAAGAGTTATTGAAACTAGAAAAATCCATGGCAGAACTTACTCAATTGTTTAATGACATGGAAGAACTGGTAATAGAACAACAAGAAAACGTAGACGTCATCGACAAGAACGTTGAAGACGCTCAACTCGACGTAGAACAGGGTGTCGGTCATACCGATAAAGCCGTCAAGAGTGCCAGAAAAGCAAGAAAGAACAAGATTAGATGTTGGTTGATTGTATTCGCCATCATTGTAGTCGTTGTTGTTGTCGTTGTTGTCCCAGCCGTTGTCAAAACGCGTTAATTCCAACTATTTTCTATATTTCTATTCTATCCGAACTCCCCTTTTGTATATCAATATATCTTAATACTTTCGCCTATTCTTTACTATATTTCCTAAATTTTCTCTGGTCTGCAGGCCAAAAACAACAACTTACTACTGAATCATGGACGTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:108543-114494

TGTTAACTGAAGGTTACACAAGACCACATCACCACTGTCGTGCTTTTCTAATAACCGCTATATTAGACGTTTAAAGGGCTACAGCAACACCAATTGAAATACCATCATTATGAAGCCGGAAGTTGAGCAAGAATTAGCTCATATTTTGCTAACTGAATTGTTAGCTTATCAATTTGCCTCTCCTGTGAGATGGATTGAAACTCAAGATGTTTTTTTGAAGGATTTTAACACTGAAAGGGTTGTTGAAATCGGTCCTTCTCCAACTTTGGCTGGGATGGCTCAAAGAACCTTGAAGAATAAATACGAATCTTACGATGCTGCTCTGTCTTTACATAGAGAAATCTTATGCTATTCGAAGGATGCCAAAGAGATTTATTATACCCCAGATCCATCCGAACTAGCTGCAAAGGAAGAGCCCGCTAAGGAAGAAGCTCCTGCTCCAACTCCAGCTGCTAGTGCTCCTGCTCCTGCAGCAGCAGCCCCAGCTCCCGTCGCGGCAGCAGCCCCAGCTGCAGCAGCTGCTGAGATTGCCGATGAACCTGTCAAGGCTTCCCTATTGTTGCACGTTTTGGTTGCTCACAAGTTGAAGAAGTCGTTAGATTCCATTCCAATGTCCAAGACAATCAAAGACTTGGTCGGTGGTAAATCTACAGTCCAAAATGAAATTTTGGGTGATTTAGGTAAAGAATTTGGTACTACTCCTGAAAAACCAGAAGAAACTCCATTAGAAGAATTGGCAGAAACTTTCCAAGATACCTTCTCTGGAGCATTGGGTAAGCAATCTTCCTCGTTATTATCAAGATTAATCTCATCTAAGATGCCTGGTGGGTTTACTATTACTGTCGCTAGAAAATACTTACAAACTCGCTGGGGACTACCATCTGGTAGACAAGATGGTGTCCTTTTGGTAGCTTTATCTAACGAGCCTGCTGCTCGTCTAGGTTCTGAAGCTGATGCCAAGGCTTTCTTGGACTCCATGGCTCAAAAATACGCTTCCATTGTTGGTGTTGACTTATCATCAGCTGCTAGCGCTAGTGGTGCTGCCGGTGCAGGTGCTGCTGCCGGTGCAGCTATGATCGATGCTGGCGCTCTGGAAGAAATAACCAAAGACCACAAGGTTTTGGCGCGTCAACAACTGCAAGTATTGGCTCGTTATCTAAAAATGGACTTGGATAACGGTGAAAGAAAGTTCTTGAAAGAAAAGGACACTGTTGCTGAACTTCAAGCTCAGTTGGATTACTTGAATGCCGAATTAGGTGAATTCTTTGTTAACGGTGTTGCTACTTCTTTCTCTAGAAAAAAGGCCAGAACCTTCGATTCTTCCTGGAACTGGGCTAAACAATCTTTATTATCATTATACTTTGAGATAATTCATGGTGTCTTGAAAAACGTTGATAGAGAGGTTGTTAGTGAAGCTATCAATATCATGAACAGATCTAACGATGCTTTGATTAAATTCATGGAATACCATATCTCTAACACTGATGAAACAAAAGGTGAAAACTATCAATTGGTTAAAACTCTTGGTGAGCAGTTGATTGAAAACTGTAAACAAGTTTTGGATGTTGATCCAGTTTACAAAGATGTTGCTAAGCCTACCGGTCCAAAAACTGCTATTGACAAGAACGGTAACATTACATACTCAGAAGAGCCAAGAGAAAAGGTTAGGAAATTATCTCAATACGTACAAGAAATGGCCCTTGGTGGTCCAATCACCAAAGAATCTCAACCTACTATTGAAGAGGATTTGACTCGTGTTTACAAGGCAATCAGTGCTCAAGCTGATAAACAAGATATTTCCAGCTCCACCAGGGTTGAATTTGAAAAACTATATAGTGATTTGATGAAGTTCTTGGAAAGCTCCAAAGAAATCGATCCTTCTCAAACAACCCAATTGGCCGGTATGGATGTTGAGGATGCTTTGGACAAAGATTCCACCAAAGAAGTTGCTTCTTTGCCAAACAAATCTACCATTTCTAAGACGGTATCTTCAACTATTCCAAGAGAAACTATTCCGTTCTTACATTTGAGAAAGAAGACTCCTGCCGGAGATTGGAAATATGACCGCCAATTGTCTTCTCTTTTCTTAGATGGTTTAGAAAAGGCTGCCTTCAACGGTGTCACCTTCAAGGACAAATACGTCTTGATCACTGGTGCTGGTAAGGGTTCTATTGGTGCTGAAGTCTTGCAAGGTTTGTTACAAGGTGGTGCTAAGGTTGTTGTTACCACCTCTCGTTTCTCTAAGCAAGTTACAGACTACTACCAATCCATTTACGCCAAATATGGTGCTAAGGGTTCTACTTTGATTGTTGTTCCATTCAACCAAGGTTCTAAGCAAGACGTTGAAGCTTTGATTGAATTTATCTACGACACTGAAAAGAATGGTGGTTTAGGTTGGGATCTAGATGCTATTATTCCATTCGCGGCCATTCCAGAACAAGGTATTGAATTAGAACATATTGATTCTAAGTCTGAATTTGCTCATAGAATCATGTTGACCAATATCTTAAGAATGATGGGTTGTGTCAAGAAGCAAAAATCTGCAAGAGGTATTGAAACAAGACCAGCTCAAGTCATTCTACCAATGTCTCCAAACCATGGTACTTTCGGTGGTGATGGTATGTATTCAGAATCCAAGTTGTCTTTGGAAACTTTGTTCAACAGATGGCACTCTGAATCCTGGGCCAATCAATTAACCGTTTGCGGTGCTATTATTGGTTGGACTAGAGGTACTGGTTTAATGAGCGCTAATAACATCATTGCTGAAGGCATTGAAAAGATGGGTGTTCGTACTTTCTCTCAAAAGGAAATGGCTTTCAACTTATTGGGTCTATTGACTCCAGAAGTCGTAGAATTGTGCCAAAAATCACCTGTTATGGCTGACTTGAATGGTGGTTTGCAATTTGTTCCTGAATTGAAGGAATTCACTGCTAAATTGCGTAAAGAGTTGGTTGAAACTTCTGAAGTTAGAAAGGCAGTTTCCATCGAAACTGCTTTGGAGCATAAGGTTGTCAATGGCAATAGCGCTGATGCTGCATATGCTCAAGTCGAAATTCAACCAAGAGCTAACATTCAACTGGACTTCCCAGAATTGAAACCATACAAACAGGTTAAACAAATTGCTCCCGCTGAGCTTGAAGGTTTGTTGGATTTGGAAAGAGTTATTGTAGTTACCGGTTTTGCTGAAGTCGGCCCATGGGGTTCGGCCAGAACAAGATGGGAAATGGAAGCTTTTGGTGAATTTTCGTTGGAAGGTTGCGTTGAAATGGCCTGGATTATGGGCTTCATTTCATACCATAACGGTAATTTGAAGGGTCGTCCATACACTGGTTGGGTTGATTCCAAAACAAAAGAACCAGTTGATGACAAGGACGTTAAGGCCAAGTATGAAACATCAATCCTAGAACACAGTGGTATCAGATTGATCGAACCAGAGTTATTCAATGGTTACAACCCAGAAAAGAAGGAAATGATTCAAGAAGTCATTGTCGAAGAAGACTTGGAACCATTTGAGGCTTCGAAGGAAACTGCCGAACAATTTAAACACCAACATGGTGACAAAGTGGATATCTTCGAAATCCCAGAAACAGGAGAGTACTCTGTTAAGTTACTAAAGGGTGCCACTTTATACATTCCAAAGGCTTTGAGATTTGACCGTTTGGTTGCAGGTCAAATTCCAACTGGTTGGAATGCTAAGACTTATGGTATCTCTGATGATATCATTTCTCAGGTTGACCCAATCACATTATTCGTTTTGGTCTCTGTTGTGGAAGCATTTATTGCATCTGGTATCACCGACCCATACGAAATGTACAAATACGTACATGTTTCTGAGGTTGGTAACTGTTCTGGTTCTGGTATGGGTGGTGTTTCTGCCTTACGTGGTATGTTTAAGGACCGTTTCAAGGATGAGCCTGTCCAAAATGATATTTTACAAGAATCATTTATCAACACCATGTCCGCTTGGGTTAATATGTTGTTGATTTCCTCATCTGGTCCAATCAAGACACCTGTTGGTGCCTGTGCCACATCCGTGGAATCTGTTGACATTGGTGTAGAAACCATCTTGTCTGGTAAGGCTAGAATCTGTATTGTCGGTGGTTACGATGATTTCCAAGAAGAAGGCTCCTTTGAGTTCGGTAACATGAAGGCCACTTCCAACACTTTGGAAGAATTTGAACATGGTCGTACCCCAGCGGAAATGTCCAGACCTGCCACCACTACCCGTAACGGTTTTATGGAAGCTCAAGGTGCTGGTATTCAAATCATCATGCAAGCTGATTTAGCTTTGAAGATGGGTGTGCCAATTTACGGTATTGTTGCCATGGCTGCTACCGCCACCGATAAGATTGGTAGATCTGTGCCAGCTCCAGGTAAGGGTATTTTAACCACTGCTCGTGAACACCACTCCAGTGTTAAGTATGCTTCACCAAACTTGAACATGAAGTACAGAAAGCGCCAATTGGTTACTCGTGAAGCTCAGATTAAAGATTGGGTAGAAAACGAATTGGAAGCTTTGAAGTTGGAGGCCGAAGAAATTCCAAGCGAAGACCAAAACGAGTTCTTACTTGAACGTACCAGAGAAATCCACAACGAAGCTGAAAGTCAATTGAGAGCTGCACAACAACAATGGGGTAACGACTTCTACAAGAGGGACCCACGTATTGCTCCATTGAGAGGAGCACTGGCTACTTACGGTTTAACTATTGATGACTTGGGTGTCGCTTCATTCCACGGTACATCCACAAAGGCTAATGACAAGAACGAATCTGCCACAATTAATGAAATGATGAAGCATTTGGGTAGATCTGAAGGTAATCCCGTCATTGGTGTTTTCCAAAAGTTCTTGACTGGTCATCCAAAGGGTGCTGCTGGTGCATGGATGATGAATGGTGCTTTGCAAATTCTAAACAGTGGTATTATTCCAGGTAACCGTAACGCTGATAACGTGGATAAGATCTTGGAGCAATTTGAATACGTCTTGTACCCATCCAAGACTTTAAAGACCGACGGTGTCAGAGCCGTGTCCATCACTTCTTTCGGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTCAAGCTATTGTGGTTCATCCAGACTACTTATACGGTGCTATCACTGAAGACAGATACAACGAGTATGTCGCCAAGGTTAGTGCCAGAGAGAAAAGTGCCTACAAATTCTTCCATAATGGTATGATCTACAACAAGTTGTTCGTAAGTAAAGAGCATGCTCCATACACTGATGAATTGGAAGAGGATGTTTACTTGGACCCATTAGCCCGTGTATCTAAGGATAAGAAATCAGGCTCCTTGACTTTCAACTCTAAAAACATCCAAAGCAAGGACAGTTACATCAATGCTAACACCATTGAAACTGCCAAGATGATTGAAAACATGACCAAGGAGAAAGTCTCTAACGGTGGCGTCGGTGTAGATGTTGAATTAATCACTAGCATCAACGTTGAAAATGATACTTTTATCGAGCGCAATTTCACCCCGCAAGAAATAGAGTACTGCAGCGCGCAGCCTAGTGTGCAAAGCTCTTTCGCTGGGACATGGTCCGCCAAAGAGGCTGTTTTCAAGTCCTTAGGCGTCAAGTCCTTAGGCGGTGGTGCTGCATTGAAAGACATCGAAATCGTACGCGTTAACAAAAACGCTCCAGCCGTTGAACTGCACGGTAACGCCAAAAAGGCTGCCGAAGAAGCTGGTGTTACCGATGTGAAGGTATCTATTTCTCACGATGACCTCCAAGCTGTCGCGGTCGCCGTTTCTACTAAGAAATAGAGAGAGCACTACGTAGTCCCTCTTTTAATATGTAACGTGTCGCTTCTATTTATCAGACATAATAGTAATTACTTTGTTATTTTTCTATCGTTTCCTTACTTTAGCCTCTGATTTCGATCTGGCCTAATCATTGTGTACGTCTATAATCATATGGCCCTGAGCGTACACACCGTTCAATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:115059-116826

TTAACCGTTCAACAGTCTTCCGTATATAACAATCTCAATCCACTCTTATTGCCTATAATTTTGATTAATTCTTATTCATCCCGGCAGATAAAGTTTCGTCTTGTTTTGAAAGAGACAGGAGTTCTTGGCTGCAGTATTTTGCAACAGCTTCATTAACCATGTATGTAAAGAAAAAATCTGGAGCGACTTACTGGCTTAGCTTTTTTTACTAACACATAAATAATACTGTGATAAGATAAGAAAAAAACACGAAATGGAAAATACCACGAATCGTAATACTGCAGGCGTTCTTACGAGCAGCAATGGTAACTTTGCCACCAATAGTGTAGCGGCATCAACTCCGAAGAGGTCCAAAAGTGCTCGAAGGAAAACGTTCAAATGCACCGGATATGACGGTTGTACGATGTCCTTCACTAGAGCGGAACATCTTGCACGTCATATAAGAAAGCACACTGGTGAAAAGCCGTTCCAGTGTCCTGCATGTTTGAAATTCTTCAGTAGAGTTGATAATTTGAAACAGCATCGGGAATCGGTCCATGCACATAAAAACCACCATTCTACCAGCTCGCACCAGCGTAAGCCTTCCTCTTCATCTTTATCCTCCTCTTCTTCTGCATCTTCTTCGTCTTCTGCTTCATCATCTACATCATATAGTGATCCTTACAGGAAAACTAATATTAATAGCGGGAACATGCCGATGATGGCAGAAAACGAAAAAGCGCCCCAAATAATACATTCTTCGCCGGAGTTCATTACTAGCACGAGAAGCATCCCACCCATCTCTCCAAGGTCCATTTATAATACCCAACGACAGCAACAACACCAACAACAACAGCATCAACAGGCTCCCTATTATTTTCCTTCCCATCCAATCACTGATAGTTACTACCAGTATCCTCTTCCCAGTAATAATAACACCATCAATTATTTACCATCAGTAGATGTGCAGTATCCTTTGAATGTGAGCCCCTCCTCAACGAGCCATCCGGCCTCTGAGGTAATCATATCGTCCTTTCCTCCGAGGTCCATGCCAAGTACTTCCTTCAAATATAAAGATTCTGCCGACTTTCAAGCACGGACAACTATGAACAAATACAATATTAGACCAAGCAATATCAATGTCAATACTAGTAATATCAATAACCATCTTGATTCATTCTCCCCGCCGTTTTCTCCGTCAACGACAGTTGCTGAAGCAAAACCAATTATTTTACCACAGTATCAGCAGGCATTTAGCCAACCACCAAATGGAAATAAAAACAATAATATGTCTTCCTCGAAGAATGGCGGCAAAGGGGGAGAAAATTTCAAGAATACTGATGATCGCAATGATAATAATAACAAAAAGAGGTCGGAAACTTTATCAGAGTCTGATATTTCGGTCAACACCAATAAGAAAAGGCTTAGTGTTGATTACATATTGACTTGATCGAGGCAATCTGATCTAAGTTTCAAATATTCCGTAGAGTATAAATATCTTACAACTAATATAATTCTTAATATGCGCAAACAAATTATGGTGCGCATCTTTTTTTATTTTTATGTTTTGTTCCATACTAAATGCAGTTTATAAAATTTTTCAAATGAGTCAAGCTATGTATAATCAGTGCTACAAAAATGATAAGATGCAATTGCAAGAAAAAATCCCTTGCATAAAGGGCTTTCTGACCTCTTGCGTTGATCAACGAGAAATAACCGCAAAACTTAATTTTAAACTCCCGCGTCTGCTTTACACAGCCCACAGTAGCATCAAAAACTACGATGTAAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:116963-118052

AGAAAAGAAAGAAGCTTTTTATCTCATTTCACTGACAAGATGACGCTTTTTCCGATTTTAGCAGATAAACTATCACATATAACCACTTTTTTATATTACATGAAATGATGCCCTACAACACCCCTCCAAATATCCAAGAACCTATGAACTTCGCAAGCAGCAACCCCTTTGGTATTATTCCAGATGCGCTCAGTTTCCAGAATTTCAAATATGATCGTCTTCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAACAGCAGCAACAAAATCGCACTGCGTCATCGTTACAGCAGCCGCAACAGCAACAACCAATAAGCCCGCCTTTGTTTTTAGTAGGGGCCGGTACCAGCGAAAACTCAAACCTTAACAAGAATGCCAACACTAGTACTATCCCTCCTTTACTCTTTAGCAGATCGTCTCAGCATTATGTTGTCCCAGATATAGACCACTCCTCCATAATATACAAGAACAACATCTGCAAATCTTTCAAAGATGACTTATTTTTCTGTCCAAGATCTTTACTTTCTCTCGAAGAACAACAAGCATGCGAGAAAATGGATAGGCTGACCGCTGAACAAATGTCATTGTATCATCAGAACACGCAATCCAGTTCTAATCCTGGTTCTATGTCTTCTTCACCTCCAAATTCTGCTTCTTCTATATTCAACTCTAGGCCGAAGTTCAATCCTTATACATCTCAAAGTTTTAATCCTTTGGAAAGTGTTCAAGAATGATCGCGATATGGACAAACACGTTGTTTTGATTTCTTTTTTGCATATTCCTCATTTGAACAAATCTTGTGTCCATGTTATGTTACGTTATGTTATATTATGTCAAGCCGTTTCATTTCCTACTTATTTTTAATTATCGGTTTCTTCTATTCATGTAGTTCACTATTCAATTAGTATATGTAGATAAAAGGAGAAGGGTTTTATCTGCAAACAGACGCAAGACGTATGTACTAAGCACTAAATACTCATATAACCATATTCTTTCAAAAATACATGCCATTTTTCTGTTTCATAATAATCCTGGAGGCTACAAGTATGGTGATATAATAAATCTTGAACCTTGTTTTACTGGAACTCCTAAAGTCAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:118145-121348

ACCTACATTTTAGTTAGTTTCGTCGTAAGTTATGGTAATAAAGGAAAAGTCCTCTAATGAATCTATAATATAGGTTCACACAAATAAGAGTGATAATTAAAAGCGTATTCGACACTGAAAGATCTGCTGGGAATACTATACTGATATTTCCAAAATATCCCTTATAAATTGAATCTGGAATAGCACTTCTTTTTTTAAAAAACCTTGAATTGTTGGTAGCATTTCTATCCTCCCACTATGAGTTACACTGACAACCCTCCTCAAACAAAAAGAGCTTTATCGTTAGACGATCTGGTGAATCACGATGAAAATGAAAAGGTTAAATTACAAAAATTAAGTGAGGCGGCTAATGGCAGCAGACCTTTTGCCGAAAATTTAGAATCTGATATAAATCAAACGGAAACGGGCCAAGCTGCTCCGATTGACAATTACAAGGAGAGTACTGGTCATGGCTCGCACTCACAAAAACCTAAATCACGCAAGTCATCTAATGATGATGAAGAAACCGATACGGATGACGAAATGGGTGCAAGTGGAGAAATTAATTTTGATTCAGAAATGGACTTTGACTATGATAAACAACATAGAAATTTACTATCCAACGGATCACCTCCTATGAATGATGGTAGTGATGCCAATGCGAAGTTAGAAAAGCCTTCTGATGATTCAATTCATCAGAATAGCAAGAGTGATGAAGAACAGAGAATACCGAAACAAGGTAATGAAGGGAACATTGCCAGCAACTATATAACCCAAGTACCTCTGCAAAAGCAGAAGCAAACTGAGAAGAAGATAGCGGGAAATGCAGTAGGAAGCGTGGTCAAGAAGGAAGAAGAAGCGAATGCAGCTGTAGATAATATTTTTGAAGAGAAAGCTACTTTACAATCAAAAAAGAATAATATCAAGAGAGATTTGGAGGTTCTGAATGAAATATCTGCGTCTTCCAAGCCCAGTAAGTACAGGAATGTTCCAATTTGGGCACAAAAATGGAAACCTACTATCAAAGCTCTTCAAAGTATAAATGTGAAAGATCTCAAAATTGACCCATCTTTTTTAAACATTATTCCCGATGATGACTTAACAAAGTCAGTACAGGACTGGGTTTATGCTACAATATACTCAATTGCTCCTGAACTAAGATCCTTCATTGAGTTAGAAATGAAATTTGGTGTTATTATTGATGCGAAAGGCCCAGATCGTGTAAATCCACCAGTTTCTTCACAATGTGTTTTCACTGAGCTTGATGCCCATCTAACGCCTAATATTGATGCATCTTTGTTCAAAGAGTTGAGCAAATATATTCGTGGTATTAGCGAAGTCACTGAAAATACAGGTAAATTCAGTATTATTGAATCCCAGACAAGAGATTCCGTCTATAGAGTCGGACTATCCACGCAAAGACCAAGGTTTTTGAGAATGAGTACAGATATTAAGACTGGGAGGGTAGGACAATTTATAGAGAAAAGACATGTAGCCCAACTACTATTATATTCACCAAAAGATAGTTACGACGTTAAAATCTCCCTAAACTTGGAATTACCTGTACCTGACAACGATCCGCCAGAAAAATATAAATCTCAAAGCCCAATTAGTGAAAGGACGAAAGACCGTGTTAGTTACATTCATAATGATTCCTGTACCAGAATTGATATTACAAAAGTCGAAAATCATAACCAAAATTCAAAAAGTAGACAATCAGAGACCACTCACGAAGTGGAACTAGAAATCAACACGCCTGCACTGTTAAACGCCTTTGATAACATAACGAACGATAGTAAAGAATATGCATCTCTTATTAGAACGTTTCTGAATAATGGTACAATTATTAGAAGAAAGTTATCGTCTTTATCATATGAAATTTTTGAAGGTTCAAAGAAAGTCATGTAATATTTGAATCATTTCAAAAAAAAATAAGCAAATGCCCTTGAGCGAGAAATTTTTTTTGTTTACTCAAATGCTGTTATGAAAGCTTATGTAATAATAATAATAATGATAATAATAACATAAAAATAATTACTCTAACATTTCTTATTATCTCTATATATCCCTAATAAATAGGCCATTCTTATAATAACCAAGTCTTTCGCCATTTTGATACTATCAATAGCTAAAGCCATCTTAGAGCCATCAACCTCATGCCAGGAAATTGGTATCTCCTCAATTTGGATTCTTTTTCTGATGGCTAAGATCAAAATTTCAACGTCAAAGATCCAACCCTCTGTATGCAAATACGGAAAAATTTTCAATATAGCGGCTCTGTTGAACAATTTGAATCCACATTGTGTGTCTTTGATAGACCTGATGCCGAAGATGAAAACTAAGGTATGGAAACCGTACATCAAGCAGTTTCTTATCATTGATCTCTTTATGACGGCTTCGGTATTTACCATATGTGCTCTGGAACCAATTGCTACTGCTGGTTTAGTCGTTTTTAGATCTGTACTAGACGTTTCAATTTTGCTAATAGCATCTATTAGTTTTTCTACATCACTGAACTTACTAGCACCATCAGCATCGGCAAAAAGACCATACTTACCTCTAATATGTAAAAAACCTTGTCTCACTGCGCCACCTTTGCCTCTGTTTTGAGAAAACTTGATGATTCTGAATTGTTCGTAGTTCAATTTGAACTGTTCTTTACAAATTTTCAAACAGTATTGTGTGGTATTATCTGTGGAACCATCATCCACTATGACAATCTCCCATCTGGAACCATATTTTTCCTTTAAAAAGCTGATTGCGTCTGTCAACATTAGTAAAATTCTACCTGTCTCATTATAGCTTGGGATAACAACAGATAAAAATATTTCTTCGTCATCTTGGTGTTCATTCAAGTTAGGTAAGGCACGACTAACTTCATGACCTTTTTCATCAATAGCTATGTATTTGAGCTCCTCTGGATATGGCGGCCTTGGTGTATGCGAAAATAAATAGACCAATAAATACAGTGAAAGCACCAAGGCTACTAAGAGCGTAAAAAAGACAGTGTTTCTGTTCTCAATCAGGAATCTCAACGCTCTCATTTTTGTTGTGCTTTGTGTAATTTTTGGCTGCCTCTCTGTTTTTGTCCCTTTCTTACGTTATCAAAAGCACCTAATCTATCCTTACAGCATCCAATTAGATACCACTACCTTTCCACAGTGACTATGGTCCTTTGTGCCACTTTAATTGCGATAAAGCCTTGAAAATTGGCACGTTTTCTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:121693-128136

CGTCGATCTATAGTGCATAATTTATATCTTGTAAACTGTAAATACAACGACAATCAGTGCTAATTCAACTCAGGATGCCTCCAAAGAAGTTTAAGGATCTAAACTCTTTCCTTGACGACCAACCAAAGGACCCAAATCTAGTCGCTTCTCCCTTCGGTGGTTATTTTAAAAACCCTGCTGCTGATGCCGGTAGTAATAACGCTTCCAAAAAAAGTAGCTACCAACAACAGCGTAATTGGAAACAGGGGGGCAACTACCAACAAGGTGGTTACCAATCGTATAACAGTAATTACAACAATTACAACAACTACAACAACTACAACAATTATAACAACTACAATAACTATAATAAATACAATGGCCAGGGCTATCAAAAATCTACTTACAAACAATCGGCTGTGACGCCCAACCAAAGTGGAACTCCAACTCCATCTGCTTCTACTACATCTTTGACCTCTTTGAATGAAAAGCTGTCGAACTTAGAGTTAACACCCATCTCTCAATTTTTGTCAAAGATACCTGAATGTCAAAGTATCACTGATTGCAAAAATCAAATCAAACTAATCATTGAAGAATTTGGCAAAGAAGGTAACAGTACGGGTGAGAAAATTGAAGAGTGGAAAATCGTCGATGTTCTATCTAAATTCATCAAACCTAAGAATCCATCATTAGTTAGAGAATCTGCCATGCTAATAATTTCCAACATTGCTCAATTTTTCAGTGGAAAGCCACCACAGGAAGCATACTTGCTACCATTCTTCAATGTCGCACTTGACTGTATTTCAGATAAAGAGAATACAGTCAAACGTGCCGCGCAACATGCCATTGATTCTTTGTTGAATTGCTTTCCAATGGAGGCTTTAACCTGTTTTGTACTGCCTACGATTTTGGATTACTTATCATCTGGTGCCAAATGGCAAGCTAAAATGGCCGCTCTAAGCGTTGTAGATAGAATAAGAGAAGATTCGGCGAACGATTTATTGGAACTTACTTTCAAAGATGCAGTTCCAGTTTTAACCGATGTAGCAACTGATTTCAAACCTGAATTGGCCAAACAAGGTTACAAAACTTTATTGGACTACGTTTCTATTTTGGATAACTTAGATTTGTCTCCTCGTTATAAATTGATCGTGGACACCCTGCAAGATCCATCTAAGGTTCCTGAATCTGTAAAATCGTTATCCAGTGTTACATTTGTCGCTGAAGTTACGGAACCTTCACTATCTTTGTTAGTTCCTATTCTAAACAGATCTTTAAACCTATCGTCATCATCTCAAGAGCAATTAAGACAAACCGTTATTGTCGTGGAGAATTTGACAAGATTGGTGAATAATCGTAATGAAATTGAAAGCTTCATCCCTCTACTACTACCCGGTATCCAAAAGGTTGTTGATACTGCGTCCTTACCTGAAGTTCGTGAATTGGCTGAAAAGGCCCTTAACGTTCTAAAAGAAGATGACGAAGCTGATAAGGAAAACAAATTCTCAGGCAGACTGACTTTAGAAGAAGGTAGGGATTTCTTACTTGATCACCTCAAGGACATTAAAGCTGATGATTCCTGTTTTGTCAAGCCTTACATGAATGACGAAACTGTTATCAAGTATATGAGCAAGATTTTGACCGTGGATTCTAATGTGAACGACTGGAAAAGACTTGAAGATTTTTTGACCGCCGTTTTTGGTGGTTCAGATTCACAAAGAGAATTTGTCAAACAAGACTTTATCCATAACTTGAGAGCTTTATTCTACCAAGAAAAGGAAAGGGCAGATGAGGACGAAGGTATTGAGATTGTCAACACTGATTTCTCCTTAGCTTATGGTTCAAGAATGCTTTTGAACAAAACAAATCTTCGTCTCCTAAAGGGTCATCGTTACGGTTTGTGTGGTAGAAATGGTGCTGGTAAGTCTACTTTAATGAGAGCAATTGCTAATGGTCAATTGGATGGTTTTCCTGACAAGGATACATTACGCACCTGTTTCGTCGAACATAAATTGCAAGGTGAAGAAGGTGATTTAGACTTGGTTTCCTTCATTGCTTTAGATGAAGAACTGCAATCTACTTCTCGTGAGGAAATTGCAGCCGCTTTAGAATCTGTCGGTTTTGATGAAGAGAGAAGAGCACAAACTGTTGGATCTTTATCTGGTGGTTGGAAAATGAAGTTGGAATTGGCAAGAGCTATGTTACAAAAAGCTGATATTTTATTGCTGGATGAACCTACCAATCATTTAGATGTTTCGAACGTTAAATGGTTAGAAGAATACTTACTGGAACATACTGATATTACTTCATTGATTGTTTCGCATGACTCTGGTTTCTTAGATACAGTCTGTACTGACATCATCCATTATGAAAACAAGAAATTGGCTTACTACAAAGGTAACTTGGCAGCATTTGTTGAGCAGAAACCTGAAGCTAAATCTTACTATACCTTAACAGATTCTAATGCTCAAATGCGTTTCCCACCCCCAGGTATTTTAACAGGTGTTAAGTCTAACACTAGAGCCGTCGCTAAAATGACTGATGTAACTTTCTCTTATCCAGGTGCCCAAAAGCCTTCCTTAAGCCATGTCTCCTGTTCATTGTCTCTGTCTTCTCGTGTGGCTTGTTTAGGTCCTAACGGTGCTGGTAAATCCACTTTGATCAAGCTATTAACTGGTGAATTGGTTCCAAATGAAGGTAAAGTGGAAAAACATCCAAATTTACGTATTGGTTATATTGCTCAGCATGCATTGCAACACGTCAATGAACATAAGGAAAAGACGGCAAACCAATATTTGCAATGGCGTTATCAATTCGGTGACGACCGTGAAGTCTTATTGAAGGAATCCAGAAAAATATCCGAAGATGAAAAGGAAATGATGACAAAGGAAATCGACATTGATGACGGTAGAGGTAAGAGAGCCATTGAAGCTATTGTAGGTAGACAAAAGTTGAAAAAATCTTTCCAATATGAGGTCAAATGGAAATACTGGAAACCAAAATACAACTCCTGGGTTCCAAAAGATGTTTTGGTCGAGCATGGCTTTGAAAAATTGGTTCAAAAATTCGACGATCACGAAGCCTCCAGAGAAGGGTTGGGTTACCGTGAATTAATTCCTTCAGTTATCACCAAACATTTTGAAGACGTTGGTCTTGATTCTGAAATTGCTAACCATACTCCATTAGGTTCTTTATCTGGTGGTCAATTAGTTAAAGTCGTTATTGCCGGTGCTATGTGGAACAACCCTCATTTACTTGTTTTGGATGAACCTACCAACTATTTGGACAGAGACTCTCTTGGTGCTTTGGCCGTTGCTATTCGTGACTGGAGTGGTGGTGTCGTTATGATTTCGCATAATAACGAATTTGTTGGTGCTTTATGTCCTGAACAATGGATTGTGGAGAACGGTAAAATGGTTCAAAAGGGCTCTGCACAAGTTGACCAATCCAAATTCGAAGATGGTGGTAATGCTGATGCCGTTGGTCTAAAGGCCTCCAACTTGGCCAAGCCATCTGTAGATGACGATGATTCTCCAGCTAACATCAAGGTCAAGCAAAGAAAGAAGAGATTGACAAGAAATGAAAAGAAGCTGCAAGCCGAACGTCGTCGTCTACGTTACATTGAGTGGTTGTCATCGCCAAAAGGTACACCAAAACCAGTTGATACTGACGATGAAGAAGATTGAAAGCCTACTGGCTAGTGTTTTATCTTCGCTAACTTCGTTTGTTTCACTCCATCTTTTTTCTTTAATTCACTCCTCAAATGGAGTTTACTACGTTGATAGAATTTAGGACAAGCATATGACGCTCTCCTTCCTTTTTTGTTTTCTAGGTTAATTCATTTTTCATACAGAGTAGTTAATATTGGTTCTTTTCATATATGTACGGTACGCAGATTAATTATGTAAACTTAAACTTAAGGGATCCTTTTTGATGCTAACAATTGTCGATGTTGAACTACAAATTTATGTAAGAGGTCGTTGTTAAGGATTATTATTTTAAAAATACACGAAGATTGATTATTATTTCTTACATGAGGTTATGAATCGTGCTCCAAAAGTATACCAAAAATAACTCCTGAACTGCTAGGCACAGTTTGCGATAATTTAAAGGGGTTAAATACACTTTTACTACTGGCTTTCACCTTATAAATCCCTCATTAAACTAAAGATGAATGAACATTGTTGAAGAAATTGTCCGGGTAAGAGGTTGTACTAGGGAGTGATGAACATCCATAAATTCTTCGACTAGCAGAAGTAATGATAATTTTCACCCGTTAAAGCTACATCTGGTTAGATGGACTAGAAGAACCACGACGAAACAATCATATAACAATGTCTACTTTTAATGCAGAAACCGCTGATAACTTGGAAGATATCGAGAAACAATTCGCTGTTGTTGCTGTTGAACAAGCGGAAACATATTGGAAACTATTAACAAGTGTTCCCGGTTCCAAGTTACGTTTGACTAAGTTTGATGACGAAATATACGAGAATTTTATGGAGAGATTCCCAGAATACAAAGATGTTGAAAGGGTCAAAAAGTTTACGGAGGAAGAATTAAAAACAAAAGAAGCCAAGGAAAGATGGAGAAAGTTCTTCACAATTTTTGAGAAAAAAATCGAAGACTATAACTTTGGTACTTTGTTGAGGACAGACGCTTCAGCCGAGTATGGTCAATTTACTACTTGTTTTGTCGTGAGACTACAATTTTACGCTTTTGAAATTGCTAGAAATAAACACGGCTTGAACGATTGGATTGTCGGTCAGAAATGAACATGCATATATATTTGTGATTGATTATATAGAATACATTACTTTATACAAAGGAACAACACAAGGCATTCTTCCTTGTTCAACATATATATATATACATATATATATTAAGCTCAGTAAATTGTTGAAATGTGAAAGGCTGTACTTTTGCTCTTAACTTTTGAAAAAATTCATCATTGAGAATTCCCTAATGTTTATGGGTGTGAGTATCGGCAGAATCAGAATGAGTATGAGTATGATTTGTTGATTTAGTGTCATGAGAGTGCTCCAAATCACCTTTAGAGTCAGAGGTTACATCAACAAACTCGACGTCCACCTTCCCCACGTTTGGCACCTTCATACGTAAATCCTCTCTTATAGTCGAAATAGCGTTTTCCAAAAATCTTATCCCAACTTCCTGACCTGAATGTAATACTGGCACTTCCAAAGTTGTGGTGGCACGAAGATTAGGACCGGAAGCTAATATAGTAAGGTCTCTAACATGTAACGACTGTTTGAGATCTAAGTCTGTTTTCAAACTGCCAATGCTGTCTTTTATGACAGATTCGATTTCTAGATAACGCGGATCAGTAGGTGGTATAGATTGGTCAACTAACTCCTTCAGTGAGGATAAGATACCTTGTCCACCTGTTTTTATGATCAAACCTGACACTACAAGCCCACCTAAATTATCTAAGGATTGAATGTTGAAAAAATAACTAGATGTGATAGCGACCAACGCTACCAACGATGTCAAGGAGTCAACACGATGATGCCAGGCGTTTGCCATTAGTACATTAGAATTTGTTTGGATTGCAACTTTCTTTGTTGCCTGAAAAACCCATTCTTTAACCAAGATAGAACCCGCTGCTATCCATACAGCATTTACATTAGTTGCCTGTTGTGTTAGCGACTGAGAATGGGAATGCGTTTCACCAATTAAACCGGCCATCGATTCTAGAATGGCATGAGGAATGACAGGCCCCACAATAGCGCATAACGACGACCAACCGATAGATATACCAGCCATTGCTAAGATTGTGGATACTGCCAAAGATCCCACAGTTTCCACTTTACCATAGCCATATGGGTACTCCGAAGTTGGTTTACGAGACGCATATTGGACAGAAAACAGTGTTAAAAAATCAGATACCAAATCGCTAAGAGCATGTACGGAATCAGCAAGTAATGCTTGAGAATGAAAAGTGATTCCTCCTACAAATTTTCCTACTGCCATCCCCACATTTGATGCAAGTCCTATCCATGTTATTCTTACGCCAGGATTCTTCTTGATCTGCTGTACGTTCAGTGACAATAAAGGATTGTCATGCATATGTGTGTGGCTGTGACTATGAGTATGTTGCAACAACGACTTCACAGAGGAAGCCTTGCCTTCCTTCTTTCCTTCACTTTCATTCTGTCTGGAATTCGATCCATTCTGTGAAGACATTTTTGAAATGAGCTGTTCATTATAGCCCTCTTCTTGACCTTCTTTATTTAGCAGTTTCGAAGAATGCAGGCACCTTCTCGGGTTGGCTGAGATCATTGTACTGTACAGGCTTGATGTTCTTATGGCCCTCCCGGCAGCATGGTAACTAGTGTTGTTATAACCTGGCACAAAGGAACCGAATTGCTTGATAGAGTCAATACTTATCCGTAGCATATCTTTATTGCGTTTGCTTTTTTGAGAAAGTAATTGCTTACACGTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:128520-129875

CCAGATGAAGAAAAAAGAAAAAAGAAGACGAAATTAGGGTAAAATTTCTCACTTGCTGCTCAAGGGTGAGACCCGCACCTCAGGCATGTAATAGAAGCTTCGACCACCGCATCTACCAGACGCCTTGGTTCCCACTATCATCATCATATTCATCGTTTCCTGACCCAGACAGATCGCGTCTACCGCTGCCGATATTAGAGGATTGGTAGCGGTTACTTTGAGCACCTCTTGTACGACCTTGTTTTTGCTGTTGGCCCGAAGTCAAGAAGTCATCGTCTTCATCGTCGTCCAACTGACCTTGAGTGTTAGTTTCGCGGTAAGTTTGGGTATAAGTGCCACCACCAGTGCCGGCAGTGTAGTCAGTAGTTTGTTGCTGGAAGTCGTTACCGCCAAACTGCGTGTTACCGCCTAGATTAGACTGTGGCTGCTGGCGTTGAGGGAAATTCCCTTGGTTTTCTTCGCCGTAGGGATCGGCCTTGGATCCTTGATTCCTGAATTCCCTCTGTTGATGTTTTTCATGACGCTGTTGTCTAGTCTGGTCGTCATTGTCGTCTTCGTAACGTTCATCATGATCGTTGCCGTGCAACTTATCAGCAAACTTGTTTAATAGATTGGACATTTCTTAATTGTTATTCGTACTTAGCTTTTATGCGGTAGTGTTTGGCTCTGCTGCTAGTAGATATTAAGAGTTGAGGGTAGGTATGTATCCTTTTTTTGATGAAATAGTAATGTGCTTTTATAGTCCAAGAAATATTGACTGCTTCAAGGGAGCCTGATTAACAAGCACGTAACGGAGACCAAAAAAAGGATTTCGGTCTTTTCTAACCATTTCCCTTTACTCCCTTGTGCGTTATTTGTTTTGATTACTAGGCATGATGTATGGAGGAACTTGCGATCAAATGTCATAAAAGTGGAGGAGTGAAAAGAAATGACGAAGCCCAAAACGTGGTCCTAGAATTACCACATTTCCTTTTTCTAAAGGAAGCCAGACTATGCTTTACGCAAGAACTGTGGTTAAAGAGGGATATTCTGATGAACATAAATTCATACACATTCATGAGAAGCACGACAAGGATTGGTTAATTACTTACAACTAAGGCAAAACTGCCATTGACCTCATCTGTACCACCACATGCTGTGTAGTTATTTTCCCTTTGTGATCCCTAAAAAAGATGGGATCTACACACCTTACAAGAACATCCTCAAACCCATACCTGGAACCACTGAACATATTCTTCCCGTGAAAGGCTCTACGGCGAAACTACTGTAATGTCACAGGAAATTAAGGATGCTTCGACTATGGAACGGACCATACATGGGGACCCGATGTATAGAAAGCCTCAATGAGGCAAAGAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:130061-132264

TCTGCCTGCATAAAAAGAGCCATCAAGGATAAGCTAGAGACTATACTCCGGAAGTAGAAGAAGGAAGGTGTGAGAAAGAAGATAGAGCGTGTAACACAATCATGGGGGAAAAAAGGACAATAATCAAAGCGCTGAAAAACTCTGCAGCGTCCCACTTCATCAAGAAGTTGACCGCAGATACTTCCCTGTCGTCCATACAAGAGGCAATAAACGTCGTGCAGCAGTACAATGCAACGGATCCCGTGAGATTAAAGCTTTTCCATACGCCTCGGATGGTTTCGCAGGGGGCTCATTTTGCATTTTGTTTGCCCACTAAGAAACCACATTACAAGCCATTACTGCTTTCGCAAAACGCACTTGATGAGTTTAATTTGGTGCAGGATCAGGACTTGGAGAAAATACTATCCGGTGAGAAAGTATATTATTCCGATAGTATCTTTCCCTATAGTACAGTGTACTCCGGATTTCAATTCGGCTCATTTGCTGCACAGCTGGGAGACGGACGTGTGGTAAACTTGTTTGATCTTAAGGACAAGTGTAGCGGACAATGGCAAACGTTTCAGTTGAAAGGTGCCGGTATGACGCCATTTTCTCGGTTTGCAGATGGGAAAGCTGTGTTAAGATCAAGCATACGTGAATTCATAATGAGCGAGGCGTTGCACAGTATTGGAATTCCATCCACAAGAGCTATGCAATTAACTCTGTTACCGGGGACGAAGGCGCAAAGGCGCAATCAAGAACCGTGCGCTGTTGTATGCCGTTTTGCGCCCAGCTGGATCCGCTTGGGTAACTTCAACCTATTCAGATGGCGGCACGACTTGAAAGGGTTGATCCAACTATCAGATTATTGCATTGAGGAATTGTTTGCTGGGGGGACCCAATTTGAGGGGAAACCCGACTTTAATATATTCAAAAGGGATTTTTTTCCTGACACTGAGACGAAGATTGATGAGCAGGTGGAAAAGGATGAAACTGAGGTGAGTACCATGACCGGAGATAACATTTCCACATTGAGCAAATATGATGAGTTTTTCAGACATGTAGTTAGCTTGAATGCAAACACAGTGGCCCATTGGCAAGCGTATGGGTTTGCTAACGGTGTTTTGAATACGGATAACACCTCCATTATGGGCCTGACAATTGATTATGGCCCCTTTGCCTTCCTGGACAAGTTTGAACCAAGCTTTACCCCGAACCATGATGACACAGCGAAGAGATATTCGTTTGCCAACCAGCCAAGCATTATATGGTGGAACTTGCAACAGTTTGCCAAGGATCTCGCATGTCTGCTGGGTCCTGAGGCCCGTGACCTTGAATTGTTACTTAAGGGCGAACTGAATTCTGTTGATGACGCCCTAGAGAAAACCATGATTGAAAGGGTCCAGAAGTTGGTAGAGCTCAGTGCTAATGAGTACAAGTATGTGTTTACGACAAGGTACGCGCAGATAATGTCTCAAAGACTCGGTGTAGATCTGGATCTGGAAAAGTGCATGTCTTCTACAAACCTCAAAGATATCGAACATGCAGCCGAGAAGGCTAAAGAGTTCTGCGATGTTATCGTCGAACCATTGCTAGATATTCTGCAGGCCACAAAAGTCGACTATAACAATTTTTTTATCCATCTACAAAATTACAAGGGGCCCTTCTTCATCAAAGATAAAAGTGACACCGCAACACTTTTTGGAGCATTCGATGAAGAGTACTTGGGTATGTTCTTCAACTCCAAGCAACTGCAGCAAATGGCAGAAACTGAAGAGGCCTTCGCGGCTGGTGAGAAGGTCTTTGACGCTAACGGCGAATTGCGTTTGCTCAACGAAAAATTGCAAGAAATACGCAATTGGACCCAAGACTATTTGACCTTGGTCCCACCCACGGAAACTGCTGCAAGAGCGTCGCTTGCCAAGAAAGCCAACCCGTTGTTTGTCCCCAGAAGTTGGGTACTGGAGGAAGTAGTCGACGATTTAATGTACAGTCAAAGGGATGGCCTACAAGATCCCAGTTCGGAGCTAGATACATCTGCGTTGAAGAAGCTATACCTAATGAGCGTAAACCCATACGACCGCACGAAATGGGATGTCACTCTGCGGCCAGAACTGGAGACAAAATGGGCTGACCTTTCCCACCAAGATGACGCTAAGTTTATGATGCAAGCTTCCTGCAGTAGCTAAATGACCACAGATGTATTTATACATTCATAGCTATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:133006-135523

TATTGACACACATACCCGACCAAAAACGGCGTTAAGAATGCAAGTACTAGTGACGCTCTGGTGTCTAATATGCACATGCCTGGTACTACCAGTGGCCGCCAAGAAAAGGACACTGACAGCGAGTTCACTGGTCACGTGCATGGAGAACTCACAGCTTTCAGCCAATAGTTTCGATGTGTCGTTTTCTCCAGACGATCGATCGCTACATTACGATCTGGATATGACCACGCAGATCGACTCTTACATCTACGCTTATGTGGACGTGTATGCCTACGGGTTCAAGATTATTACGGAGAACTTCGACGTGTGTTCAATGGGTTGGAAGCAGTTTTGCCCTGTGCACCCAGGTAACATACAAATCGACTCCATTGAATACATTGCCCAGAAGTACGTGAAAATGATTCCGGGAATTGCCTACCAAGTGCCCGATATTGATGCGTACGTAAGATTGAACATTTATAACAACGTAAGTGAAAATTTGGCTTGTATCCAGGTTTTCTTTTCCAATGGGAAAACTGTATCACAAATTGGGGTTAAATGGGTGACAGCTGTTATCGCCGGTATTGGTTTATTAACTTCCGCTGTCTTGTCCACCTTCGGGAACTCCACAGCAGCATCTCACATTTCTGCAAACACCATGTCACTGTTCTTATATTTCCAATCTGTCGCTGTGGTCGCAATGCAACATGTAGACAGTGTTCCACCCATTGCTGCTGCCTGGTCTGAAAACCTTGCCTGGTCGATGGGCTTGATCCGTATTACATTTATGCAGAAAATCTTCCGTTGGTATGTAGAGGCGACTGGAGGCTCCGCATCTCTATATTTGACCGCGACAACAATGTCAGTGCTCACTCAACGAGGTCTGGATTACCTTAAAAATACTTCGGTTTACAAGAGGGCGGAAAATGTCTTGTACGGTAACTCAAACACTTTAATCTTTCGAGGAATTAAAAGAATGGGATACCGTATGAAGATTGAAAATACGGCCATCGTTTGTACTGGGTTCACATTCTTTGTGCTGTGCGGTTATTTTTTGGCCGGGTTTATCATGGCCTGCAAATACAGTATCGAGTTATGTATAAGATGTGGTTGGATGCGGAGTGATAGGTTTTACCAATTTAGGAAAAACTGGAGGTCAGTTCTGAAAGGATCGTTGTTAAGATACATCTATATTGGGTTCACGCAACTGACAATTTTAAGTTTTTGGGAGTTCACTGAACGGGATTCCGCCGGTGTTATTGTTATTGCATGCCTATTCATTGTATTGTCATGCGGGTTGATGGCGTGGGCTGCGTACAGAACCATTTTTTTCGCAAGTAAATCTGTGGAAATGTACAATAACCCAGCTGCTTTATTGTATGGTGATGAGTACGTCTTAAACAAGTACGGGTTTTTCTACACCATGTTCAACGCAAAACATTATTGGTGGAATGCTCTTTTAACGACGTATATTCTTGTAAAAGCTTTATTTGTCGGATTCGCACAGGCATCAGGTAAAACGCAAGCATTGGCTATTTTCATTATTGACTTGGCGTATTTTGTTGCCATCATCCGTTATAAACCATATTTGGACCGTCCAACGAATATTGTCAACATTTTTATTTGCACTGTCACCTTGGTCAACTCTTTCCTTTTCATGTTTTTCTCAAACTTGTTTAACCAAAAGTATGCTGTCTCTGCCATCATGGGCTGGGTGTTTTTCATTATGAATGCTGCGTTTTCTTTGCTTCTACTGTTGATGATTCTGGCCTTTACCACAATCATTCTGTTTTCTAAGAATCCTGACTCCAGGTTCAAGCCAGCAAAGGATGACAGAGCATCTTTCCAAAAGCATGCTATTCCTCATGAAGGTGCCTTGAATAAGTCAGTGGCCAACGAATTAATGGCCCTAGGTAATGTGGCAAAGGATCATACCGAAAATTGGGAATACGAACTGAAGAGTCAAGAAGGTAAAAGTGAAGATAATCTTTTCGGAGTTGAATACGATGACGAGAAAACAGGAACTAATTCAGAGAATGCTGAAAGTAGCAGTAAGGAAACCACCCGTCCAACCTTTTCTGAAAAGGTTTTACGTTCATTATCAATCAAAAGGAATAAGAGTAAACTGGGCAGTTTCAAGCGCAGCGCTCCGGATAAGATAACACAACAAGAGGTTTCTCCTGACCGCGCCAGCTCTTCGCCTAACAGCAAGTCATACCCCGGTGTCTCGCACACCAGGCAAGAATCTGAAGCGAATAATGGGCTAATCAATGCATATGAAGATGAGCAATTCAGTCTGATGGAACCAAGCATACTGGAAGACGCTGCTAGTTCCACCCAAATGCATGCTATGCCAGCCCGAGATTTGAGCTTGAGCAGTGTTGCAAACGCCCAAGATGTTACTAAAAAAGCAAACATCCTGGATCCTGATTATTTGTAAGCTTTGTCGATGGGATAAAGGTAAAAAGAACAACGTAATTAAATCATTACGAAAACTCTACTGCATTATTTTTTAGTCTTTTTATAGAGACATGAACAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:135733-138343

GTTTCATTGATATTGGACGTTACTATTTCAATTTAACAGTCAACCAGTCGTCCAAAAATGTCCAAGATCACTTCTTCTCAAGTCAGAGAACACGTCAAGGAATTGTTGAAGTATTCCAACGAAACCAAGAAGAGAAACTTCTTGGAAACCGTCGAACTACAAGTCGGTTTGAAGAACTATGACCCTCAAAGAGACAAGCGTTTCTCTGGTTCTTTGAAGTTGCCAAATTGTCCAAGACCAAACATGTCCATCTGTATCTTCGGTGATGCTTTCGATGTTGACAGAGCTAAGTCTTGCGGTGTTGACGCTATGTCCGTCGATGACTTGAAGAAGTTGAACAAGAACAAGAAGTTAATCAAGAAGTTGTCTAAGAAGTACAACGCTTTCATTGCTTCTGAAGTTTTGATCAAGCAAGTTCCAAGACTATTGGGTCCTCAATTGTCCAAGGCTGGTAAGTTCCCAACCCCAGTTTCTCACAACGATGACTTGTACGGTAAGGTCACTGATGTCAGATCTACCATCAAGTTCCAATTGAAGAAGGTCTTGTGTTTGGCTGTTGCCGTTGGTAACGTTGAAATGGAAGAAGACGTTTTGGTTAACCAAATCTTGATGTCTGTTAACTTCTTTGTTTCTTTGTTGAAGAAGAACTGGCAAAATGTTGGTTCCTTGGTTGTTAAGTCCTCCATGGGTCCAGCTTTCAGATTGTACTAAGCATAATTACGTGTTTTCATAGTTTAACGCTTTCAGAACTACTTATTTAATTTTGTAAGAAGTAATTTGAGTCACATTTGTATTTAGTAAAAGATTAAGAGTATTTCTATTTCACCGCCTTGATAGGAAAGAGCGGCGCGGAAGGGCAGCTGTAGGGAATTTTGCTCTGTATTCCCCTGTTTAATATCAAAAACAACAGAGAAGGATCCCCGATGAGAAAGACGCTCGGGAGGTCTCTGTGTTTGCTAGGCAATTGACATATTTAAAAGATTTTGTTTGAGGTTTTGCAGATAAACAAGAAGCAGTATGGCTAATGATCAAGATCCCAACAAGTCTCTCATTAATGACGCTTTGACTCGGAGTATGTCCGAATTTTATGATGATGATGATGATAACGACAGTGACATGTGTAGGGCAAATGATGAGGGAGAAGACGTTTTTGACCTTCCACTTAAGGTAGGCGTTTCTCAAAGCAGGAACTTTTCAGAAGTAAATGACGTGTTAGACCCGCTTTCTAGTTTGCATGGTCCGTCCAAGAAGGTGAGATTTGAACAGCAAAAGCAGCAACAGCAACATCAGCAACTTCACAATGACTTCAATACAGATTTCAACCTGAAAAGCCCGTCCAGTAAAAAAATGGGGGTAGAACAGCTGATCCAGTCAGCCAATGAAATCAACGATTACCTCGCTAACAACATTGACAAGGTAAATAGCTTTAACTCAGAGCTATTGAGCGGCAGTGGCAAGTTACCTGGGAGAGTAAAGAGTGACACAGCAACTCAAGGTACCGGACGCTTAGATTCCATGTCCAACTTTGCTCTTAGCGATACGGAGTTGGACAATGATGACGATAATTATCTCCTGGATCCCCTTGCAAATGCTAGCTCTACTACACCCACTGTGGAACACCACGGTTACAGCTTATTAGACAAGGCTTTATCCACGTCTGATAAGGAAAAAATATATACGAATAAAGTGAATTCGAATAGTCAGATAGATACTGATAATCACTCTCACGAAAGTGGAAACACTACCAATAACGAAACAGATGAAAATGAGAGTTCGGAGATCCTGGACTACACAAAATTTGATTCTTTCCCCTATCCCCCGTCTTCTGCCCCCAATGGGGAACCACCAGATTTGAAAGTGCTAAGCATTGAATGTGAGCAGGAAAATGAAAAAGAGCTACGACGAATATCTTTATTATTGGATCATTACGAATCAATACCGAAAATACCAGAATTGTCAGACGATGAAGCACTATCTAAGTTCCGTGAGAATATCGAATTAATTTTACAACTATCTAAGAAAATTAACGATAATGCGAACACTTTAGCGATTTCCTCCGAAGATCCTCAAAAATTTGTTAATTTTGTGATGAAGAACCCACCTTCCTTATCATTCAGAGATTTTATCGACAGAATCCAGAATAAATGCATGTTTGGTGCCGTAGTCTATCTTGGAGCCACCTATCTACTTCAACTTGTGTTTCTTACGAGAGACGAAATGGACGGTCCCATAAAGTTGAAGGCTAAATTACAGGAGGACCAAGCCCATAGGATCATCATATCTACAATAAGAATTGCCACCAAGCTATTAGAAGACTTTGTCCACTCACAAAACTACATTTGCAAAGTCTTCGGTATTTCAAAAAGACTGCTGACCAAACTGGAAATTTCTTTCATGGCGAGTGTTAATTTCGATGGATTAATGATTACTTGTGAAAAATTAGAAAAAACATTGCATATCCTTGATGATACAAGACAGGCATTAGGAAACACATGAGTTTTGCATATGTATTATGCAGGTTCATTTGTTCCTTCCCTTATTTCTTTTCATAGTATTTATTTTTATTTATTTATTTATTTTTTTTTGGATTTTATTTTATTTCTTTTTTAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:138605-141587

TTATTGTAATGGATCCTCTAGAAAGGCAAACAGTAGATTTATTTCCTTCTTTTCTAGAAACATCATTATAACTAACAATATATAATTGGAATAATGGCTGGTTGGGATATTTTTGGTTGGTGTATGTTATCACCCTGTTCACGTTTTTCGGATACTTAGTTTTATTCAATGTGGTAAACATTGAATGTTTTCAGCTTAAGATCTATTTTTTTTTTTCTAGAAGAAATTGCGTCCTTTACTAACTTTATTTTACTGTACAGTCAGAGATGTGTTGGCTTCCCTTGGTCTGTGGAACAAACATGGTAAACTACTTTTCTTGGGTTTGGATAATGCCGGTAAGACCACATTGCTACATATGTTAAAGAACGATAGATTGGCAACCTTACAACCAACATGGCATCCAACTTCTGAAGAACTGGCTATTGGTAACATTAAGTTTACAACTTTCGATTTGGGTGGTCATATTCAAGCTCGTCGTTTATGGAAGGATTATTTCCCAGAAGTTAATGGTATCGTCTTTTTAGTCGATGCTGCTGACCCTGAAAGATTTGATGAAGCACGTGTCGAATTAGATGCTTTATTCAACATTGCCGAATTGAAGGACGTTCCTTTTGTAATTCTTGGTAACAAGATCGATGCTCCAAACGCCGTTTCTGAAGCGGAGCTACGTTCTGCTTTAGGATTATTGAATACCACTGGCTCTCAAAGAATTGAAGGTCAAAGACCAGTTGAAGTTTTCATGTGTTCCGTTGTTATGAGAAATGGTTATTTAGAGGCGTTCCAATGGTTATCTCAATATATTTAATTGACGTATACATCTATACCCTTTATATGACATTCACATGAATTCAACAGCTTTGTAATAATCAACAAAATTGCATAGGATGCCACCTCATAACTTTTGAGCACAGCATTTCCGCGATCATAGTATATTTTAGACTCTAAGATTGAATAAAAGTATGATACATCTTAAGTATACATATATATATGTATATATATATATATACATGAAAGTTTACCTCCTCATCTTACGTGGACGAGATTCATCGTCACCGCCCATAGTTGTTCTTTTACCATTCTGGGCGAAGTATTCTTTCTTTTTCTCCTTATCCCTTTGTGATTTTTCTTCCTCCATCTTAGCTAATTTTTTCAATCTTTCCTTACGTTGACTAGCCTTCTGTTCCTTCCTCTTGCTGTCTTTGGCTTTCGAAATCGTCAATACTTTTTGAATGAATGATCTTGCCTTCTTTTCATCACCACCTAGCACCACGGCTCTTTTAGCCATATATGTTTTCTTCTTTTGTGGTTTCATTTGATGGATCTGAGATTTGAATGGCAATTCCTTTTGAACAGCTTTTGGGACCTTTAGACCATTGAAGTGTCTTTCTACACGTTCTATTTTATGATATGCACTGTCCGGATTCGACGGTGTTTCCAGGTTCATAGCCGCTCTTATTTGGCCTGTCAATCTTAAACCTTTCCACTCGGTTTTTTCCTTCAACAATAGTGAGGTAACAGGATTATAGAATTTCTTGACGCGGACAGGATACCATGATCTTAGAATTACAATATCACTCATTAGGATTTTATCCTCAAAGGCTGCCCTATAGTGACCCTCAGGCTTTGAAAGTGCCCTTTTGATTTCACCACGGATACCCGAGACAGTTTTGATCTGCGCACCCTCAAACCTTGCAACTTCCATAGCACTTGAAAACATGTCCTTTATAAAGGCAGTATTTTTGAAAATTTTATATGGAAACCCAACTAATTTTAACTTTTTAACAATTTCAATATTAACGTCTATCTCTTCAACGATACCTGTTGCTGCAATTCTAAAACCGTTCCCGGTATCACTATTAGCAACAATTTGAACACCACAAAAAGGTGTGTTTGGAGAACATAAGGGACCGTAGAAAGCCGCATTACAATATGTGTGTTCTGGTGTATACTTTAGCATTCTGGTTCTTGTTCTAGAGTCAGTTGTTGTATAAATTGGTAAAGTTTGGAACCTTCTCCAACCCAAAGACAAGACCAGTGGGTCATTTGTCTTCAAAATCTTCTTATGCCAACGATGTCTTCTCAACCTGGCTTTGACAATACCGAACTTTATTTCGGTCGGCAATAAACCACCCATAACAATTGGAAATTTTGGATTGAAATTCTTGACAAATTCCATTGGGACTTTTTCGAAAACGATACGTACATAAGAACCAGCTTTGAAACCTTCGATTCTTTGACGTTGTTCTGGAGTCATTTCTTGATATTCTATATTGTTAATTTCTAACTGTTTAGATATCTTGGCCTTCTGTAGTTCATACCATGTATCATATTCATTGTTTTCATCATCTTCTTTAAAGTTTTCACCTTCTTCTATCTCGAATTGTGCACGTAGTTTTTCCTTCTTTGCAGCATTCATTTCTCTTTCTTGCTCCATGGTTAAGTCCTTTTTTTCCTCCGCATCAAAATTAGTGAATGAATTATCATCATCTCCATTAGTGTCTTCGTTTTCATCCTCATCCTCACTTTCTTTGTCACTATTGTCTTCTGCTTGTTCAGAAGGGTTTCCATCTTCTAGATCTTCAAAATCGCCGTATAGTTCTTCCCCACCTTCATTAGAGTCACTTTTCGTTTTATTATCATTACCTAAAATGCCTGCGCCGAGGAATCGCTCTTTGATTGCATCAACGCTTTTCCATTTTTTAGCCAATTTTTCGAAAGTGTCGAAATATGGAACAAACTTTTCCAAATCAACTGCATGGTCTTTATTGCCCTCTTTTGTAACAGTACCATCTTTTTTCCTGAAGAAGTCATCATCAACATCTTCTTCAATGTCACTTTCGTCTTTACTATCGTCGTCCTCGCCCCTCCACCTTCTTATACATTCTTCAGGTGAAATGTTGTCCATGTATATCAGCTTACCGATATTCCAGGTCCTTTTCTTACTTTCAGTTTTCTTCAGCTTGTTTGCCGCTGTTCTTTCCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:141721-142176

GTATAAGGTTCTTCATCACTCGGTAAATTATCAATATCTGCGTCTTCTTCTTGAACTGGCTTACCATAAATTCTTGGTTTTCTTAAACTGGTTCTTCCCTTGCTCTTTCCTTCATCGTCCTCAATACTTTCTTCTCCACTTTCAACATCCATGCCTTCATGATCGGCAACTTCATGAAGCTCAGTGCCGTTGCTAAACAATTGCAAACCCACACCATCAAATTTCTCTGCAATACTTTGTTCAACACTTTGTAAACCCGTCATGAGTTTTTCTCCTTCACCTCTTTCTTGGCCGGGAACAAAACTTGGCTCTTCATTTTTCTTTCCAATATCAATATAAACAGCATCCTTATCCATCAACACACCTCCGACATCGGACATTGGAGCATATATCAATTTATCTTTATCATCTAACCTTTTACGTCTTCTTGTCGTAGAGGCAGTTGTAATTTCTCCG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:142288-143296

TCACCAACACCAGCAATATGCACCCTAGTGCCCGGAGCAGAAGGCAAAGGAGTACCGTGCAAATAACCATAGATAGCGACTTTGCGGTCGATTTGCAGTCCTTGAGTCTCTATTAATTCCGGATGAGTTAAATCTGTGAATCTGTCAGCCAACATATAGGGATGTTCGTTCCTCCATTTTAATGGTCTGAATTTCATAACAGATATAAATCGTGAAAGGTTTAAAATCTCTCTATCAGGATACCTTCCATTAATCACACCAGATAGGTAAAATAATTTTGCACCTTGATAAACTTCCGTCCAGAATCTGTGCTTTAATCTTTTCTTAGAAGCTCTCAAAGTTGACTGAGATTTAAACAGATCAAGATGTGTAGCTACACCAAGTACTCTTGGCATACCGTGATGTTGAGCAATATTTAAGAATTCCATTGTTTCCATTTCAAAACCGAAATTACCGTCAATTAGTAAAAGAACCAAGTCGGCAATCTTAGCAATATCAATCATCGCATTCAGATCGTCCGCAGGGCACTCCAAAAAAGTTAGTCTTCTATGTTTACCAGAGACAACAGTAATAGGACCTTGAATATCATTCAAAGTGCTTTTTGTCATTCTCCTGACGAGGGACCGAATCAAAGTAGTCTTTCCTGTTCCAGGTGGACCCACGACAGCGACGATAAATGGAGGCGGATCATCTTCAGGGGTACGATCAACCATAGGAACATGCAGTTTTCTTTCGTTCACATCACTTGACCTTTGCATAGTTCTCGCCATCTTACCTGGGGCTGCCACGGCAAAGGCCTTTGCATTATGACCCTGCGTATGGAGCTTCTTTTTTGCTGTATTCTTCTCCTTCGCCTTACGGTGCTGTTTATTAGACTGCTCCATCGTTTCAGATAACTCAGATGGCTGATTAAAGGCTACTATTATGTGATATTTTTACCTTAACAGCGCAAATACTTTCCTTAATTTTGAAGCTTCACTTCAGCTCATCGCCTTGAAAATTTTTCATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:143352-150299

CAACTTTGAAATTACAGAAATATTTACAACAGTAGTACGAGTATCTGCACTATGGCTCACATGTCCTTAAAATAATCTAAGCTTACCTATCTGATATTTGTTTTGATATTGTTTAGGACCAGCAGTTTCTGAGAGTTTAGCAAATGCACCTTTACAGCTATCCTCAACTTTTGGAAGAGAAAGTGACAAGATATGTAACAATACTTGCATGAATCGACATTTGTTTACTTTGGTCCATTTTGTATATGATAGTGTGATTTAGCGATATGGAATTATGTGTATTTTTCTATTTGTTGTCATTTCAATATGGGATGACTTGTTTTCTTGTAACGCGCCACTTCAATAGTAAACATTATGAACCTGATAAATGTTAGCAGACTTAGTAAGAGAGACAATCATTTTCATTCAGTAAAAATCGCAATCCCTAGTTTGGCTCTTCTTCTAGCCGTACTTTAAATTCAAAGCAAAAATGGTTCTGCTTAACAGAAGGAAAATACAACCTAAGGAAATAGGACAGTCTGCTGATTCCTTCTCTGAAACTCCATGGGTGATTAAAGAAAGTAGCGAGCGTATAAATGATTATGACAGTGATTTAAAAAAGCTAGATTTTTACAAAAGGGATATATTCACCTGTGAGATTAGTGGAAAAGATGGCCTTTCGTATTTCAAGGCGTTAAAAAGCGAAGAACAGCACCGTGAAAAGGTCAGATATCTTTTACCAAAAGAACTAAGGAAGGCTATAGCAAATTTCGCAAACTTCAGTCCGATAAGGAAGGTAGGACACCTTGTAGAAAGCGCATTTCAGCGTTTTAGTAACCGTTTCTTTATAGGCGATACGGTGTGCTTGAAAACTATCCAAAAAAATGCATTGATTACCTATAAAGAAGGAGAGCCTAACTTGGTAGAATCACCAACTATTGAAAACAATGTCACGTTGTTCCTTGTCAAGGATGTGTTTCAATCTAACGGGATGATGGAAAGTGAAAAGGGAGAAATTTCTGCCCCAAAATTGTCACTGTATTTAATCACAGAATGCCTGAATCGAGAATCTAAAGGTGCGGCCCTAATTGTAGGCCAGAATGAAATTAAAAGGCCAGAATCACACTTTTCTAAATTCATAATTGCGTGTTTTCTTAATGAAATACTCATAAAAGTATCGAATAAGGAGCACGCACCATGGAGGGTGAAACAAGAATATATAGAAAGATATGATGTAAACCCTAAATGCTCTCCTAATATGATTGATTATTTGCCGGATAGAATGAACTCATCTTCTTCCGAGCTTTACACTCCTCTTACTATACCACCAGAGAGCGATGTTGAACCTGCTGACTGGAAGGAAACGTCGGAAACGTCGGAAACGTCGGAAACGTCACTATCTAAAATAAAAGCAATTGACGACGAGATTTCAGTCTCATTTGACCACATTTACGATAATGTGAACTCCCTTGCCTACAATGATTTGAAGGGAACCGTCGACGACAAGGAGCTTCCATTCACTGGGCCTTCGATACCATTTGAAAATATCAGCTACTTAGATAGCTCCTTAGAATATAAGAATATCGATCAAAAATGGTTCAAAGAGTGCAGTCAATTTCCAACGGAACGACTATTGGTTGTTTATCAATTCCTGAGCTTTTTTGGACGTTTTATTGGTCTATCACATTTTAATTTTGATCAGTTCCTTACTACTATCAAGTGTACTAGTCCGGAGGCTTTAGTAGATGAATATGTCAAAATAAACTTTCTTAAAACTTACAACAGCAAAGGGAGTTTCACAAATGAGAAGCCAAGAAACGAAATATATAATCAAGTGACCAGTAGTAACGTATCCCAGCGTGAGAAGGCTAACGTCTTTAATGCAGATGAGAGTCAACGAATACCTAGCAATTTCACCAGAAACCAGAAAATGAGGAAATTTATAACGGATAAAAGTACTGAATTTGTAATGTATTCCATTTTTAAAGGGAAGCCTCTAAAAAATGACGATATGGAGTTTCAATCGTACGAAAAAGTGAATATACTTTACATTGATATAGTTTGCTCGTTAATGTGTCTGATGACGGATAATGAACCTGATTGGAATTGTAATCTGATGGACAATTGGACTGAAGAAAAGCGAAAGGAGGAAGGAAATAAAACAGAAATTGATATAGCTATAGAAAAGTGTTTGAACTATGGAGATACTAGCTGGGTTAAACTTTTGCACAATAAAAACTTTAGCAACGGCAATTGGTTGATCTGTCTCCTTGGAATCTTGCAACAGAATACACATATGATAGCATATAGTGATGTCGCAAAATGTATCACAAAAAAAATACTACCTTTATCCATGAATTTTGTAAATTTAGGTGATGAGCTCTGGGATAACTTTCGCAAGAGATTATCTATAAAAGATAAAATTGATGTTTTATGGGTTCTCGTAGATTTTGCGTCCAATTTCTCGAGTTATATTAAGGAGTTGGTAGATAAAGTACCAAAACTGTGCAATGGAATCCGCTTAAAGTTGGATAGTGCAAAAAAAGAGTATATCAAATTGAAACGGCAACTAAAAACGTTAACCAAAAATCGCGTGAAGCTTCACAGCAACGTTTCAATGAACCGATATGGATCAGATGAATGTAAAGGTAAGGTCAATGCCCTTAAAGTGAAAATTGCATACTTAATGGAAGATATCGCCTTCCTAGAGGCAAAATTGATTCAGAGCGATATCAAGAGACTAGAGATTTTGGGTAAAGATAGAAATGGAAATCGATATTATTGGATGGACTCAAATGGATCGTCATCAGCCATCAGTGAAAAAAATGAGGAACTTTACAACTGCTGTTTTTTGTGGGTTCAAGGACCCTCTGAAGCGGATATAAACTTTTGCTTAGATGTCGACGTCGAATCTTTGAAAAAATGGGAGTTGTTAGCTAAAGCAAAAGGTACTGCCTACGCGACAAAAGAAGTCTTTTCAATATTTAGGTCGACAGACGGGTCTTACTATCAAATTGCTCAAGGTGAGAATTTCATGATAATTAATTCAAACGGTATCTTAATGAGGCCAACTATTCCGGCATTCATAGACAAAAAAATTATATCAGAAACTCCAGAAAAGCTCCTACTCTCTCATCATCAATGGGCTTTCTTCAACGATATAGAAGATATACATATGTTAGTAGATAGGTTGGATGATTTAAGAGAAAATGAGGGACAATTGAAGAAAGCTTTGACATCCAAAATGGACCGTATTGAAGTATCATACAAGCAACAGTTCAAAATTAAAAGGCGTATTGAATGTGATGAAACCTTCAAAAAAAATCACAAACTTTTGAAAAATAACGAGTTCACGTTTCCTGAACTGAAAAGAATTGAGACAACTTGTACATCCAACGGCCAACATTTTTCCAACATGGAGAAAATTTCCAAAAAACTATCAAGGACAAAGAATGATCTCGTTTTGGAAGCGATTTTAAAAGACGTAGCTCACCTTGGAGAATGTGAAAGAGCACTTCTCAAAAAGCAACAAAATTTGATTTATCCTTTGAATTTTCATTTCGAACAATTGAGGACGATAGACCTCGAATTTATAGTTGAAACGAAAAGAAAAAGGCAAGAGGATATTCTTACGAAGCTTTTAAATCATCAGAGGTATAAGCATATTAGTCATGTTTCAGGCTATGGGATAAGTTCTCAACGAGTAGATAAAGCTGCACATCTTGATGTGCAGGGTATATTAGAGGAGATTGAATGTCAACTTATTTCAAGACGACGAGAGGATGAAGAACGCAACTAGAAACAACTCTGCAGTTCAAATCACTCTTCCTGTATACGCCTTAGAAAGATATTAGAAATATCTTTTACTATTTAATCTTCACCATTCATTATTCCTCGTATATAAATTGGCCCATTTCAGGGCGTCTGACTGGAGTTGTATTTAGGCTTTACCCGGCGTTCTTCTGAATTTATAGCCAGCAAGGAAAACAACGTCAAAATTGGTCCTCGACTGACGCATTAGTAAGATTAATATTTAGCAAACACTATGATCTCCGTAACAATCTCTTCAGCTATTCCAACACTTGATGATGTCAGTCAATAGATTTACTTCAGGTCGACTCCCTGTTTTCCTTAGAAAGTCCCCTTTTTACTACTCGAGAGCTTATTTGCATCAAACATGTGTTTTCAAGCAAAATAAAGAAACTGCACAAGATTCGCCAGAGCTTTTAGCAAAAAGCTCACATCTGAATTCGAAACCACTAGATGTAAGCAATAAAGCACCAGTGAAAACTGCTCAGAATAAAATTCCTCTAGCTCATAGTAAATATGAATCGTCAAAGTACGAACTTCCCAAATGGAAAGAAGCCTTGGGTGAACTAGTAATTCGAGCATTTCATTTAGATATGGATAGAGTGAGGGCAGGGCCCGTTGCAGGATCTTACTATTATAAAATTTGTAAAGAGCAAGGTTTACAATACGAGGACGAGCCATTATCAGAAACTGCTAAATACTTTTACGAGGATTTGAAGCTACCACGTACTTTTTCACAATGGTTTCAAATCACTGTATTGCACGAGTGGATACTTTTTGTACGTATGAGAGCCATGCCTTTCAAATACGGCAGAAACTATCAGCAGAAATTGGTAGATAGAACATTTTCTGACATTGAGCTGAGATTATTCGAGGAAATGAAAGTTAATTCTGGTAGAATCGCAGATCAATATTTGAAAGATTTCAATACGCAATTAAGAGGAGCGATATTTGCATATGATGAAGGATTTGCTACAGATGATGGTACACTTGCGACAGCTGTCTGGAGAAATCTTTTTGGTGGAAGAAAGAACATTGATATGGTTCATTTAGAGTCTGTTGTGAGATACATTTATTCTCAACTATATGTTCTAAGCAGGTTATCAGACAGAGAGTTTGCCACAGGTAAATTCAAGTTTGTTCCTCCTGGGGTGAAGGTCGAAAAACTGACACCAAAGCAAGAGGAAGAGTTGAAGGCCAAGACCATTGCAAAATATGAAGCTCTAGACAAGGATCCTAAAACCTTACCAAGCGAGAGAAGTAGGCTGTCATATACAAACTAAACGAGCTAGTTTGTAACTTCAAAACTTATGAAAACACTTATTTATTCTTCAGATACTATCCGCACAAATTCCTTAAGTTTTTTCCAATTTTTTGGGCTTTCTTCCTTATTTAATCAGTTTATAAAATCATTACGTTGTAAATAGTTTATTTGAATTTCTTCAAAGAAGCGGACCACTTTTCTGGTTTATTTTCATGGAATAATTGATATAATGCGTCAATCAATTCGACATGGAATGAACCACTTCCTTGACAACGGGTGGAAGCCAACTTACCAGCTGATTTGTATAATAGGACAGCACCAACCACAGCATCAAACAGTTTTCCAGTGGAATCTAACCCACCGATAAAGGAAGCAATTGTAGAACCAAGTGAACATCCACTTGCAGTGATGTCACCCATGATAGGAATTGGGCCATCTTCAATTATTACACATGGAAGATCTTCAGCGGTTATTCCTTCTGTTCCTGATGAAAGTTTGTATTCGCCTCCAAAAGTACCATCAGCAACGCAATCAAACTCACCCGTGCAAACAGCAACAGTCCTGTATTGGAATGCCACAATTTGTGTAGCGCGCACAAGTGTGTCGATGTTCGTTTTGCCGCTGCTAGAGTCGACGCCCTTCATTTTATGGTTATTTAACTTGGCTAGAGACAGTATTTCACTGCAATTGCCCTTTATACAAGCAAATTGGCCGTAAGTGAGCAAAGTGTTGTTTAGACAGAGCCTTGTTTCAGTGGCGCTGTACCCGACCGGGTCAAAGGTGATGGGTCTATTTACTTCATTATAAGCATTAATTGCGGCTTTTAGCATTTCAATAGGTGCCACTGATCCGGTATTTAACAGTAAAGAAGCATTTGGGATTCTTGCTAGTTCAGATACTTCACTTTCAATTTCAGACATGATAGGAGATGAGCCTAAAGCTAGAGTGACATTGGCACCAAAATTTTGATGAACCTTATTGGTGATATGTTGCACTAATGGACGATTGTTTGATACTTGAGATATAACGTTTTGAATTGAAGTTGTGGTCGGAAATGTATTATTTAACTCGCACTCAACAAATTGGTATCTGGTAGCATCTAACAAGCCTCTCAACCTCTTGGTTGCTGCACATGCATCTGGAGCGGCCATAATATCGCTGACTAGAGAGATACCATCCAACGATCTCTTTCCATTTGAAGCAACACATTGACAAAGCACACGTTGAATATTGTCAGGATGAAGACCACCAATACCAACGGTTCTACACCATGTAGCTTTAAATTCCTCCAAAGCATCCAAAATGGCAATGGCGCCTTGAGGACCCATGGGTGATTTCTTAGGATTTTTCTTTGTTGATGTAGGGAAAAGAGTACCAACACCAATATAATCTACCATATCTGGCCCCCATTTAGCCAATGTCTCTACCTCCGAAGGTTTACCAACACTCCATCCAAGAATTTTAGAAGGGCCCAAAAGTTTTCTTACCATTGGGATTGGCATATCGTCCTGGCCCACATGAACCCCATCGGCGTCAATTGCCATAGCGACGTCTATACGGTCATTGATAATAAGTGGAACATTGTACTTCTTACATATTTTTTGAACTTCTAAAGCCTCTGCAACGAAATTTTTTGTTTCAATATCCTTTTCACGGATTTGAACTAGCGTTACACCATTTTTCAACCCAGCTTCAACCTGAGAACATAAAGTAGTTCCCGGTGGAAGCATGGTAGAATCTGTAACCAGATATAATGAGTAATCAACTTCTTCCTTAGTAAATACCATTTCCGCTGTTTGATTTAAATAATTTAGCTTCAGAGTGATTTGGTCTTGAGAACCATGGTTAGATCGAAAACTAGGCGCTTCCACAAGTAAATGGATGCGTTGCCGCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:150561-153216

CAGGTCGAAGTGAAACTACAGGACTTGGAAAATATCAGTTTTTATAAGCAATAATGAAGTTCACCCCTAGCATAGTTATTGATGCTCCGCAATATTATGTTGATCATTTTAATGGCAAGTATAACGTGGATAAATGTGTTATTTTAAGAGACCTGCAGCTAGAAACGGATTCAGAATCCATGCCATCCAGCTTAAAGCATTTGACCAAACCTACGCACATCTTGGATTTGACAAACAATGACCTTATCATGATTCCAGATCTATCAAGAAGAGACGATATACATACATTACTGTTGGGCCGAAACAATATCGTTGAAGTAGACGGTCGCCTATTGCCTATGAATGTACAGAACCTTACATTATCGAATAACAGCATAAGAAGGTTTGAAGATCTTCAAAGGTTGCGTAGAGCGCCCAGGACGTTGAAGAATCTAACTTTAATAGGGAATCAAGTATGTCATTTAGCCAATTATAGAGAACATGTACTTCGATTAGTACCGCATTTAGAGACTTTAGACTTTCAAAACGTAACAGCTGAGGAAAGAAAGAGCGCAATGAGCTTTCCAAGGCAGGCGGACGGCGATACGTTGGGCCCAGTAAATACTGCAATAAGAGATAATGGATCCAGAGATAAAACGATGGAGATCATGAATTTGGTGGTGAGTAAGATGACAGTAGAGAGAAGAAATGAATTGAAAAAGCAGTTAGCAGAAGCTACTTCTTTAGAAGAGATTGCCAGGCTGGAAAAACTACTCTCTGGTGGTGTTTAATCTTTTGGTTAGTGCGACTGTTCAATGACTTAAAAAAAAAGAATTATAAATTATTCTGTGCCATTATATAATAATATATAAAACGAAAACAAATAATGGTGCTCTATAAACATTAGAGGACAATGTCAATTTCAATGTCAATGCCTTAGAAATTAAAGTTGGTAAGAAAGAAGGAAAGGGCAACCTAATTAGCTGCCGCTTCCGGTTGTACTTCAGGTTCGTTGCTCTGAGTGGTGCTGGATATTTCAGCCTTTTTACTAGCAGCTTCCTCCTCTTCCATTCTTTTTCTTTGCTTAATCTTCTTATTGCTCTCGGGCGCATCAGTAAGACCTGGGATACCCTTAGCTGTCAAGAATTCGAAGATACTCTTTTGCACAGCAGGTCCCGATTTATCGGCAGTTTCTTCTCCCTGTGCTCCAGTAACCTTGTTGAAACTATCAATATAACTAAAGAACGCATTAAAAACATTTTCGTCCACCTCTTCCTTGTAGATCTTATCGTAGATATGCTTCATTTTGAACTTATCCACTTCGTCTTGATATTTGGAAAAATCGATCGCCTTGTAACCAAACTGTTCTAGTCTTTTATTATAACCTTCAAATACTGGAGCTTCTAACAATAATCCTAATGCAGGTGCCTTCGGAATATTAATCTTCTGCTGTCCGTAAGCCTGACTAATGCGTTCGACGGGGCAACCACAACGGGTAATTAAGGTTGCCATTGATACCATCTTACGAATTTGATGTAGCATGAAAGACTGGCCGTGAATCTTGATGGAAATCCATTCTGTTTGGGCATCGCCAATAACAAATGGATCAGATACTTTTATATCTTTCATAAATCGAATGGCACTTGGTTCTTTGAAGTCCTTGCCTAATGTAAAATTATGGAAGTTATGAGCGCCAAGGTATTGACTTGTAGAAGCACGGAATTTGGCCAGTTTTGCCGCGGATATACGATATCTTCTACGGTGAGCATTTTCTAATTGCTTGTACTTTTTTACCTTCTGGTATAGTTCTTCATTTATATCAAATTCATCTCTTGCGGGCGGAACATATGCTAATATAGCTTCGATTTCTTCTGTTGAAAATTTTTCATTCGCATCTTTTTTAAACTCTTCCCAAAATTCTTTGGATTCCAAATCTTCATCTAATACACCAGGTAATTCTGTTTTACTTTCTTCGATGTCTCTATAAAGTATAGAACCAGGTTTGGGGCCAATGAGTGAATAAGTTGGTAATAAGTATTCGTACCAACGTGAACTGCACATTTTTCTACAATCAAACGCCTTGTTCACACGCTCGATATCCCATACCCTTATCCCTTCCGGTAACTTTTCGTTGATCTTCTGCTTGATATCAGGATCTTCAATAATCATTTTCAATGATATTAAATTACCTCCAGCATGGACACCCTTATCAGTTCTTGCAGCTCTCATGAATCCATTCTTTTTCAAATCGTTGGAGTTGTCCTTGGAAATAGCACCTGCTTCAACAAATGCTTTGAATAGGGCAGACTCGATGGTTGGATTTGGTGGATTATATTGCATACCATGGTAGCCAGTACCACAGTAACCAACCATAACAGCCACCTTTCTCTTTGGGAGACGAGGCTCCTTGGGAAGTGGATTGCCATTTTCATCCAAACGAGGACCGCTTTTTGGTCTTTTATCTATGTGTTTGTCATTATCCTTTTTTTTGTCCTTTTCATCGTCGAAGTCTGCCTTACGAGCTTTGGTCAATTTGCTCTGAGCGCCTCTCTTGTAGACATCCTCATTAACTTGATCGTCATAGGCAGGCCTCAAATTCTCTTCAGACATCCTTGATATCACTTATAATTGTTATTTACTAGCACTTTATTGTCCTTTATTATTTTTTTAGTACTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:153434-156290

GATCGTATTCTAGATTTCCGAGTAGTAGAACCATTGAGGGAAACTATAGTTAGGTGCAATAATGAGACAGCTAACAGAAGAAGAGACCAAGGTTGTTTTCGAAAAACTCGCCGGCTATATTGGTAGAAATATTTCTTTTTTAGTGGATAATAAAGAACTTCCTCATGTCTTCAGATTACAAAAGGATAGAGTATATTACGTACCCGATCATGTTGCAAAATTGGCTACTAGTGTAGCAAGACCTAACTTGATGTCTCTGGGTATTTGTTTAGGTAAATTCACGAAAACTGGAAAATTCAGGTTACATATTACTTCTTTGACAGTATTGGCTAAGCATGCCAAATATAAGATATGGATTAAACCTAATGGGGAGATGCCATTCTTATACGGTAATCATGTGTTAAAGGCACATGTGGGTAAAATGTCTGATGATATACCAGAACACGCCGGTGTTATTGTGTTTGCAATGAATGATGTGCCATTAGGGTTCGGTGTCAGTGCGAAAAGTACTTCTGAGTCAAGAAACATGCAACCCACTGGTATAGTTGCTTTCAGACAAGCAGATATTGGTGAGTATTTGAGAGATGAAGACACCTTGTTTACTTAGTGGGAAGGACTGATGATGAATTCCCGTGTACATTTCACTTACAGCTTGCGTTATCTCTCACAATGTATTTTTTTCTGTATAATAAAGAATCATATAATTAGCGCTTAAAAGGAAAGAGTTGTTCGATAAAATGGGGAGCCTAACCCCTCGATGACCTTTCTTTTGAATTAGTCGAGTTCCATTTCATATACAATATTACATAACTTGACAACATTTGAGGATTACTAATGACAAAAATCTTTATACGCTCTATTTACGGCCCTTCTTCTTGTTCTTAGGCTTTTTATTAACAGTGGGCTTCCCTTTCTTTGATATGTCAAGGGCCTGTTCTGATTTTTTGTTCATAGCACCACCTTGAGTTTGTTTTGCACCTTGTTGTTTTTTCTTTGGCCTATAAGTAGACCTGTCTCTTAATGGCAGCCACCTTTCAGGATCAGGTAATTTGGAGGTGTCGCGACCTTGTAAAAATTTTTCGAGGCGTTTAATCTTTCTTTTCTTCTTTAGCTCTAAAACTTTTCTCTTTTGAACTTTGCTAACTGCGGTGTTTTTACTTCTCTTTGCTGACGATTCTAAGGGTTTCACACCAAGTTGAATTAATTTATCAATATCAATATCTCTCACTAGATCTATACCTTGTGCTATATCCAAAGAATCTGACGAAACAACTCTGTCAACAAGGACATCTGCATCGCCTTTACTAAAGTTTGAAATCTCTCTGAGTAAAGCCTTCGATTCTTTAGCATTACCCATGGACAATAATTCAAACCCGACGTGTTTCCAAAATGGTATGTTTTCTTGGATTTTTCCGCTCAATTGGACTCTCACGGAGCCTAATTTTTTAAGCAGAACACTTTTGGAGTTGTTTCTTCCCTTAATCTTGTATAATTCAAATAAAATGTAACACACGATGGCTTGTGAATCGTTGAATTTTTCAAAGGACGATTTCCAGCTTTCATTTAAAAATAATTCTCCTATTCTGATAGCATTTTCCCATTCCTTCTCTATTATTAGCAATTGGATAGTCAGTAGTAATATTCCAATCGTACTTCCATCTGTTCCACTTAAAATGGTTTTTGTAGTGTGGTGGTAAAGTTTCTTGGCCTGCGTCTTGTAGCTTTCCAAAGTAACATTGTCAACTAACTTAGAGTATTTATCGAACGTTCTTGATAAAAGGGACTCTTGAGAGTGAATTTTGACATTGTTGAACAAACGCAGGAAAAGTACATTGCGTTGAATGTTTGACCATTGTTCATGGGTGAAGGTTTGTAAATTAAAAGTGTTTAGTTTTTCTACGTTTAATTCCCTTAACAGTAAATTGAAGTTTGTATTGTATTTAGAGAAATCAACAAACGCATTTAGGTTATTTTGACAAATTAAAGAGAATGGAGAATCGGCTTTCAGTTCCTGCAATAAGCCCTTTAAGATTTCTTTACTTTGTGCAGTTTTCCCCACCATTTGCAAAACAAATGATAATTGCAATTTAATAGTATTAATATCGTTTTGATAGCCTTCATTCGTGGCTCCTTGAAGCGCTTTTTCTAATAGTTCGATAGCCTTGTCATATTTACCTACGGATGCCATGATGAATGATTCATTGAATAATAAATCGTAGGAAGATTCATCCATAGGAGTAACTAAGGGTGATCTGTTCATTAACTCTGTCGCAACGGATAGCGGAACCCTTTCGTTACAAGAGAGTTCAATTTGACTATCCTGATCCTTCTCATTGTGACTTGCTAAATGTTGATATATTTTAAAAGCTTCTTGGTACAGCCCATTTTTATAACAATATTGAGCTCTCACATGTAGGATACCTCTAAGTGACTCGATATCCTTTTTTAGTACCGTATCGAGATCATCTGTGATAATTGCTGTGTACAATGTGTTGAATTCATCTGGCATATTCAATTTATAGAAAATGTACAATTTTTCTAGCGCAAATTTGCGACCGTACTTGTCATCTATATGTTTGAATTTTTTTAAATAATGTAAAGCCTTTTGATACTTGTCCTGTTGGATAACAGCTACTAAGCAACGTCTAAATACATCCGCTGGATTCTCACATCCAGAATCCAATAGTTTCACGCAAGTCTGTTCGACCTGCGAATGCTCGTCTTGAGACAATTGAATGTTCAATTGAGAGAGCAAATTAGTTAAATTATCTTTAGCCATTTTTTTGCTTTCTTTCATTACTCTTATTATTGATCAGAACCAACTCAACAAAGTAAATCTGCTACTTTAATGCATAGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:156403-157669

AAATATTAGAAATGGATACTTAGTATTATGTGATATGTGCGGGAGTGATTAATAGTGCCCTTCAAACGATTCTGTCATACTTTAATTCTATAACCGCTTATTTTCCCAAAAGGGCTTGTTTCTTAGTATCCAAGGATGCATTTTTACGTCTCCAAGGCGCATTCTATCTTTGGGGTCGTATTTTAGTAGTTTAAGTATTAAATCTTGCGCATCCTGAGAAATGTTACTGGGCATTTTGATATCCAGTGCTGCTATCCTTTTATATGTAGTATCTTTCATTTCTTCTTCGAACGGAGGGGCACCGGTCAGTAGTTCAAACGCCAGGACGCCAAGAGCCCATGCATCTATAGTGTGATCATATTCCCTTGACTCCACCATTTCTGGAGAAAGGTAGTCAATTGTCCCACAGACAGTTTTCCTTCTATTTTCTGGCGGATTTATTATACTCCATCCGAAGTCCGTTAACTTAATGACATTATTGAACCCTATTAGTATATTTTCAGGTTTAATATCTCTATGAATAATATTCTTTTTATGCATATAATCTAGGGCATTGGCAATTTGATAAATATAATCTGATGCTAAAATATCGTTGAAGGGTCCGTGTAACCTCAATAGTTTATACATTTCCCCATTGACTAAGTATTCCATTAGCAGGTACACTCTTTTTTCATCATGAAAATAGCCGTATGATTTAGTTAGATTCGGATGATTTAGCGATGTTTGTATTTCTACCTCCCTTCTGAATTGTTTCTGTAAATTATACTTTATTATTTCTTCCTTCTCCATTACTTTCAGTGCGCAAATATATCCTGTACTCCTGTGCCGAACGCAATAAACTTTACCGAATTTACCCTTTCCTAATTTCTTCCCCAGTTCAAAGTCATCGAGTGATAGGGATTTAAATTTAGGTAGCTTCTTATTTTCGTGTATCATTTTGGAAGAAGTCGCTTTCCTTATAGGTGATGGAATTTTGGAGCTTTCCATATCCAAAAACTTCTTATTGTTTACAGGTAATCTGTTCAATTTTTCTCTTACAGGTGAAGGTATTTTTGAATTCGGGTTTCTTTGCTGCGGCGAATGGGATATTCTCCATGGTTTATTGATCCTGGACGTATTTGGTCTTGTTGTGGTCTTTTTCGATGGCGAATTAGCGTTTAGTTTGATATTTACTAAACTATTGCGTTGCATTCCCTTTTTACTTCTTTCTTTTGTTGTATTTCAAAATCCCAGTTTTTTTTGCGCTAAGAATGATCTTGCTTTGTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:157800-159583

GAAAATGGAGCACAAAGGTTATAGATACAAGAGAAGACTATCATGTCATCAGATGCGTTAAAAGCACTACTTCAGTGGGGTGCGTCATTTGGTGTAATAGTGCCAGAGGAACTCAAGTTTTTATATACCGATCTTAAGGGCATTATTTGCGTATGTGAAAAAGATATAGACAATCCCAGCATCAAGATTCCTCCCGAGATTGTCATTTCAAGGAATCTGCCCATGAAGTTTTTTGGGCTAAGTGAATCCACTAAGAATATCAACGGATGGCTGAAGTTGTTCTTCGCAAAAATAAAATTTGATAGGGATAATGATACTATCGTGGACAATGTTCGTGTGAATGATAAATTTAAACCTTACTTGGATGCATTGCCTTCCCGCCTAAATTCGCCCTTGGTCTGGAACCCAAGCGAGTTGAAGCGTTTATCATCTACAAACATAGGGAATTCGATTCATGAAAAGTTCGAAGGTATATTTAAAGAGTGGTTTGAACTGGTCAGTTCTTCAGATATGTTTGACTTGGAAAGAGTGGCAGATGATGTGCAGACCTTCCATAATCTCGATGAGTTGACATATGAGGCTTTGTATGAGAAGATTTTGAAGATAACAGAACTTCAAAGACCAACTATCTGGTATTCTTTTCCTGCATTTTTATGGTCGCACCTTATATTCATTTCAAGAGCATTCCCTGAATATGTGCTAAACAGAAACTGTCCTGACAACTCTATTGTACTGCTTCCCATCGTCGATCTTCTAAATCATGACTACCGTTCCAAAGTCAAATGGTATCCTGAAAATGGGTGGTTCTGTTATGAAAAAATCGGTACCGCCTCCCAATCACGAGAACTATCAAATAATTATGGCGGTAAGGGAAATGAGGAGTTACTCTCTGGATATGGATTTGTTTTAGAAGACAACATATTTGACTCAGTGGCTTTGAAAGTTAAATTGCCATTAGATGTGGTATCTACAATTCTTGAAACAGAACCTAGTTTGAAGCTGCCCTTACTTTCGGATTACACCACTTATGCTTTTGAAAACAAAGACTGTGTCCAGCAAGAAAAGAAGGCTACTCGTAGTGCTACAGACTACATCAATGGGGTGACTTACTTCATTAACATACAAAATGAACAATGTTTAGAACCATTACTGGATCTTTTTACCTACCTTTCTAAGGCCGAAGAGGAGGATCTACACGATTTGAGAGCCCGTTTGCAGGGTATACAAATGCTACGAAATGCATTGCAGAGCAAACTCAACAGCATTACTGGACCACCTGCAACTGATGACTCTTATGCAATTGATCCTTACAGAGTCTATTGTGCTGACGTTTATACTAAAGGTCAAAAACAAATTTTAAAAGAGGCTTTAACGAGGTTGAAAAAACTAGAAAAAACAATGCTGTCAGAGAACAAGCACCAATTGCTAACCATGAGCAAAATTCTTAAGAATGACCCTGCTTTTGCAGAAACTGAATTACCTTCGCTGTTCAGCAACGAAGATGGTGAAGAGGTCATCTTTGAATCTACTTATGATTTATTGATACTTTGGATTCTACTGAAAACGAAAAAGAATTCTTACCCCACCAAATATGAATGGGTTGGACAGCAGTATACTAATTTCAAGCAAACTGCATATATTTCAGATGATGCCAAGGCTTTCCATACTGCATACTTCGAGAAGCAAGACGATGTGGATTTGGCCGAAGTAGATCATGCGATTCAGTTTGTAGTAGACAATTCCTTTACCAGAACTTCATCTACAACCGAAGAGACTATTTTAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:159796-163645

CTGCATTTTCGTTATTTCTAGAGCAGAGCTTAAGTTACCCATAGTTATTTCTATAGCTTGCCCTATCATCCATTTGATCAACAATAGGGAATAACTGTAACAGTAAGTAAATTATGGATGGTTTTCGTGTAGCTGGTGCGTTAGTAGTTGGTGCGTTAACCGCTGCATATTTATATTTTGGCGGAAGGTTTTCGATAGCGCTGGTCATTATAGTAGGTTATGGTATTTATTGCAATGAAGCCAGCGGTGGTAGTCAAGATAGTCAAGAGAAGCTCGATTTGAACAAACAACAGAAAAAGCCATGTTGCAGTGATAAGAAGATTGCGGATGGAGGAAAAAAAACTGGCGGATGTTGTTCTGATAAGAAGAACGGTGGTGGTAAAGGTGGAGGATGCTGTTCCTCAAAAGGTGGAAAGAAAGGGGGGTGTTGTTCATCTAAAGGTGGAAAGAAAGGAGGATGTTGTTCCTCTAAAAAGAATATTGGTGACAATGAAAATACTGCCACTGAAGTTGAGAAAGCCGTAAATTACCCTGTTACTGTGGATTTTACAGAAGTTTTTAGGAAGCCCACTAAGAAAAGGTCGAGTACCCCCAAGGTTTTTTCGAAAAATAGCTCGTCTAACTCTAGAGTAGGTAAAAAATTAAGTGTTTCAAAGAAGATAGGTCCAGATGGATTGATCAAGAGCGCGTTGACTATTTCGAATGAAACGCTTTTGAGTTCACAGATCTATGTGTTATATAGTTCCCTGCAAGGTGCAGCTTCGAAAGCTGCAAAGAGCGTTTACGACAAACTAAAGGAATTGGATGAATTGACTAATGAGCCAAAACTTTTGAACCTTGACGATCTATCCGATTTCGATGACTATTTTATAAATGTTCCCGTTGAAAATGCATTGTATGTGCTTGTTTTACCGTCTTATGATATCGATTGCCCTCTAGATTATTTCTTACAAACTCTTGAAGAGAATGCGAATGATTTTAGAGTAGATAGTTTCCCATTACGAAAATTGGTTGGCTACACAGTTTTGGGGCTTGGTGATTCAGAATCATGGCCTGAAAAGTTTTGTTATCAAGCCAAAAGGGCCGATCACTGGATTTCTCGTTTAGGTGGCAGGAGAATTTTCCCCTTAGGCAAAGTTTGTATGAAAACAGGAGGTAGTGCCAAAATCGATGAGTGGACATCATTGTTAGCAGAGACTTTGAAAGATGATGAACCAATTATTTATGAGTATGATGAAAACGCAGACTCTGAGGAAGATGAAGAAGAAGGTAATGGTAGTGATGAATTAGGCGATGTAGAAGATATTGGTGGTAAGGGTAGTAATGGAAAGTTTTCAGGCGCAGATGAAATCAAACAAATGGTGGCGAAAGACAGTCCAACGTACAAGAACTTGACAAAGCAAGGTTACAAAGTTATTGGTTCCCATTCAGGCGTTAAGATCTGCCGATGGACTAAGAATGAACTACGTGGTAAAGGGTCTTGTTATAAAAAATCGCTCTTCAATATCGCGTCCAGTAGATGCATGGAATTGACTCCTTCTTTGGCATGTTCATCCAAATGCGTTTTCTGTTGGAGGCATGGTACAAATCCCGTGTCAAAAAACTGGAGATGGGAAGTAGATGAACCAGAATACATTCTAGAAAATGCTCTGAAGGGACACTATTCCATGATCAAACAGATGAGAGGTGTGCCCGGTGTTATTGCAGAAAGATTTGCGAAAGCGTTTGAAGTTCGTCATTGTGCCTTGTCTCTTGTCGGCGAGCCTATTCTTTATCCTCATATCAATAAATTTATCCAATTATTACACCAAAAGGGCATAACTAGTTTCCTTGTGTGCAATGCCCAACATCCAGAGGCCTTGAGAAATATTGTTAAAGTAACACAATTATATGTTTCTATTGACGCACCCACCAAGACAGAGCTGAAAAAAGTGGATAGACCTTTGTACAAAGATTTCTGGGAGAGAATGGTAGAATGCTTAGAGATTTTGAAAACTGTACAAAACCATCAAAGGACAGTTTTCAGGTTAACTTTAGTGAAAGGTTTCAATATGGGTGATGTCAGTGCATATGCAGATCTGGTCCAACGTGGTTTACCAGGTTTCATTGAAGTTAAAGGCGCCACGTTTAGTGGCTCATCTGATGGGAATGGTAATCCTTTGACAATGCAGAATATTCCATTTTACGAGGAATGTGTAAAATTTGTGAAGGCGTTTACCACGGAATTACAAAGACGTGGATTACATTACGACTTGGCTGCCGAACATGCGCATTCCAACTGTTTATTAATTGCAGACACGAAATTCAAAATTAATGGAGAATGGCATACACATATCGATTTTGATAAATTTTTCGTATTGCTAAACTCGGGCAAAGACTTCACGTACATGGACTATTTAGAAAAGACACCCGAATGGGCATTGTTTGGCAATGGTGGGTTTGCACCAGGGAATACAAGAGTGTACAGAAAAGATAAGAAAAAGCAGAATAAGGAAAATCAAGAAACTACAACGAGAGAGACGCCTCTCCCTCCTATTCCTGCTTAAAAGATACTGGTATATATTAAGAGTAATATCACGTATATATATATATATATATATATTTATTCGAAATAAAGAGCAGAACAATTCAAGTGTTCAATTAGTATGAATGGCTATTAACATTATCGTTTCTTTCTTTTTTTATGATTTAGTCCAAAATATCACTATTCAAATCTCGCGGAGAGAAAGGGTTCGAAAATTTTGTTTTATAATATCATGATTTTGATACGAACATAAATATATATAGAAGTAAAAGAGAAAGTGTTCAGAATAATATTCACGTCAATGAATGGATATCAAAGAAAATGAATGGTTCGAAGGAACAAAAAAATCACATAAGCAATAGACCAACCGCACAACTTAATATGGACCCATTTGGAATATAGAAGCGTGCAAAGGATGTTATAAACTTTGATAAAAGCATGGAATCTTAGCCCATCTACAGATGCCAGACTGGGCGCAACAAACTTTTTTTCAGCAGTAGGCTTCTTCGCCACGGTATGACCATCGCATAACTTTCTTGCCTTGATCGGATCATCCGTGATAGCACCATGGATAGGCAATTCGCACAGATATTTGAAATCTATAGGTTTGTTGACAGTCCATAAATAGACCTTGATATCATTCTTCATAAGCACAGGTAGTAATCTCAATCTAAATTGGCTTGTCCACGAGGAGACAAAATGGACGCTGATACCAAAAAGTTTATAGTGAGGATCATTCAGTGTCAAAGAGCGCTTCACAAATTGCGAGGCGATATCTAAAGACAGACTTATCACAATAACTTTGAAATCCTTCAGAACACCAGTTTCAATACCGAAATCGTACCAATCCAGCAACCAAAGCCCCCACGTGATCCTCTCCTGCCAAAATTTAAGATCATTCTTAACCTCTAACATGATAACAAAGGTCTTGATCATGATGATTTTCTCGTTGGTAAATTTGATGTCCAACATCAATTTAGCTCCTGGATGGCACACTGCCCATGTTAGAATTTCCTTCAATGTCATCATTGCTAAGGAACCATCCTCTTTGCAGCGCAATCGCTTAACCTCCTCCCAAGTCGACTCGCCAATCACCAAGTTCTTATCCCACATCCGACCAGTGTCTGAGTCATGGTTTACCACCACCATACCATCGCTGGTCATTTGTAAATCCGTTTCTATTACATCAGCACCTGCTGCATAAGCCTTCTCAAATGCTAGTAGCGTATTTTCAGGATATCTTGCTTTAAAAGCTCTGTGGCCCACAATTTCAACCATCCTCGTGTCCTTGTTGTTATCTTACACTTCTTATTTATCAATAACACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:164083-165836

AAGGTTCGACACTCGAGGAAAGCATTTGGTGGTGAAAACACATCTTAGTAGCATCTTTAAACCTCTGTTGGGTACTTAGAAAAATATTTCCAGACTTCAAGGATAAAAAAAGTCGAAAAGTTACGACATATTCGACCAAAAAAAAAAACCAAAAAGAAAAGATATATTTATAGAAAGGATACATTAAAAAGAGATGGACTTAAGAGTAGGAAGGAAATTTCGTATTGGCAGGAAGATTGGGAGTGGTTCCTTTGGTGACATTTACCACGGCACGAACTTAATTAGTGGTGAAGAAGTAGCCATCAAGCTGGAATCGATCAGGTCCAGACATCCTCAATTGGACTATGAGTCCCGCGTCTACAGATACTTAAGCGGTGGTGTGGGAATCCCGTTCATCAGATGGTTTGGCAGAGAGGGTGAATATAATGCTATGGTCATCGATCTTCTAGGCCCATCTTTGGAAGATTTATTCAACTACTGTCACAGAAGGTTCTCCTTTAAGACGGTTATCATGCTGGCTTTGCAAATGTTTTGCCGTATTCAGTATATACATGGAAGGTCGTTCATTCATAGAGATATCAAACCAGACAACTTTTTAATGGGGGTAGGACGCCGTGGTAGCACCGTTCATGTTATTGATTTCGGTCTATCAAAGAAATACCGAGATTTCAACACACATCGTCATATTCCTTACAGGGAGAACAAGTCCTTGACAGGTACAGCTCGTTATGCAAGTGTCAATACGCATCTTGGAATAGAGCAAAGTAGAAGAGATGACTTAGAATCACTAGGTTATGTCTTGATCTATTTTTGTAAGGGTTCTTTGCCATGGCAGGGTTTGAAAGCAACCACCAAGAAACAAAAGTATGATCGTATCATGGAAAAGAAATTAAACGTTAGCGTGGAAACTCTATGTTCAGGTTTACCATTAGAGTTTCAAGAATATATGGCTTACTGTAAGAATTTGAAATTCGATGAGAAGCCAGATTATTTGTTCTTGGCAAGGCTGTTTAAAGATCTGAGTATTAAACTAGAGTATCACAACGACCACTTGTTCGATTGGACAATGTTGCGTTACACAAAGGCGATGGTGGAGAAGCAAAGGGACCTCCTCATCGAAAAAGGTGATTTGAACGCAAATAGCAATGCAGCAAGTGCAAGTAACAGCACAGACAACAAGTCTGAAACTTTCAACAAGATTAAACTGTTAGCCATGAAGAAATTCCCCACCCATTTCCACTATTACAAGAATGAAGACAAACATAATCCTTCACCAGAAGAGATCAAACAACAAACTATCTTGAATAATAATGCAGCCTCTTCTTTACCAGAGGAATTATTGAACGCACTAGATAAAGGTATGGAAAACTTGAGACAACAGCAGCCGCAGCAGCAGGTCCAAAGTTCGCAGCCACAACCACAGCCCCAACAGCTACAGCAGCAACCAAATGGCCAAAGACCAAATTATTATCCTGAACCGTTACTACAGCAGCAACAAAGAGATTCTCAGGAGCAACAGCAGCAAGTTCCGATGGCTACAACCAGGGCTACTCAGTATCCCCCACAAATAAACAGCAATAATTTTAATACTAATCAAGCATCTGTACCTCCACAAATGAGATCTAATCCACAACAGCCGCCTCAAGATAAACCAGCTGGCCAGTCAATTTGGTTGTAAGCAACATATATTGCTCAAAACGCACAAAAATAAACATATGTATATATAGACATACACACACACATATATATATATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:166017-169418

ATGTAATAAAGGGCTAACGATCGAAGATCAATCACGAATATTGGACGGTTTTAAAGGAGGGCCTCTGAGAAGACAGCATCAATTCGTATTTTCGATAATTAACTTGCCTTATAGTGTCTGATTAGGAAACAATCACGAGACGATAACGACGGAATACCAAGGAAGTTTGTGCAAATATACAGCCGGCACAAACAGCAGCTTCACTCAGGTTAACTCACATACTGTTGAAAATTGTCGGTATGGAATTCGTTGCAGAAAGGGCTCAGCCAGTTGGTCAAACAATCCAGCAGCAAAATGTTAATACTTACGGGCAAGGCGTCCTACAACCGCATCATGATTTACAGCAGCGACAACAACAACAACAGCAGCGTCAGCATCAACAACTGCTGACGTCTCAGTTGCCCCAGAAATCTCTCGTATCCAAAGGCAAATATACACTACATGACTTCCAGATTATGAGAACGCTTGGTACTGGATCTTTTGGTAGGGTTCATTTGGTGCGCTCTGTTCACAATGGTCGGTATTATGCTATAAAAGTTTTAAAGAAACAACAAGTTGTCAAGATGAAACAGGTTGAACATACCAATGACGAACGACGTATGCTAAAGCTTGTGGAGCATCCGTTTCTGATTAGAATGTGGGGTACGTTTCAAGATGCTAGGAATATCTTTATGGTGATGGATTATATCGAAGGTGGTGAACTTTTCTCGTTACTGAGAAAGTCACAAAGATTTCCTAATCCTGTAGCAAAATTTTACGCTGCGGAAGTCATACTGGCATTAGAGTACTTGCATGCTCATAATATCATCTACAGGGATTTAAAGCCAGAAAATATCTTGCTGGATAGAAATGGCCACATTAAAATAACCGATTTTGGGTTCGCCAAAGAGGTACAAACTGTCACATGGACGCTTTGTGGGACTCCTGATTACATTGCTCCTGAAGTTATTACCACAAAGCCATATAATAAGTCGGTGGATTGGTGGTCTCTAGGTGTTCTAATCTACGAAATGTTAGCTGGTTATACACCCTTTTACGATACTACTCCAATGAAGACGTATGAAAAGATTTTACAAGGTAAAGTAGTATATCCACCATATTTTCATCCCGACGTCGTGGATCTACTAAGCAAACTGATCACTGCAGATTTGACAAGAAGAATCGGTAATTTACAAAGCGGTTCCAGGGACATCAAAGCTCACCCATGGTTTAGTGAAGTTGTATGGGAAAGATTGTTAGCAAAGGATATTGAAACTCCATACGAGCCTCCTATCACATCAGGTATCGGTGACACGTCTTTATTCGATCAATATCCCGAGGAGCAGCTAGATTATGGTATTCAAGGCGATGATCCATATGCTGAATACTTTCAAGATTTCTAAGTTCCATGAACCAAAAAACACAAAAACAATTTTCAAGTACTTTCTCTCACTCCTTTTCCTTTCTCTTTTTTCCTCCACCAAAATCTGGCGCACTTTCTTTATATTTTACCTAACGGATGCCTTATTTGTGGTCTGTTTTAAGCTAGTTCATATTGTAAAAAAAGAAAAAGAGATGAGAAGAACAAGCGTTGCCCTAAATATCTTCTATACTACAATTCATTTTAATTCAATATCATATTTAAGTTGAGGGCATTTAGATCTTAGAGATTCATCTAAAAATAGGAGGGGTGATGTATAGAAAATGTTCGAATATCATTCCTCTGCTTTTTTCTATATGATTATTTCCTATATGAGCTTTTACTTACTGATCTCATGATCTCAGTGCAAAAATTAGGGGACCGGCACGCCTGAAAGTTTTTTAGATAATTGAATGTTGCGGTGCATTACCTATGAAAAGATGAAGCGCACGTGAACCATATTATAATCAACAAACTTGAAGAATAAAACTTTTGAGCGCATGAAGCCATGATATATCTTATTTGTATCGACATGCTTTAAGTCCTCCGTAGCTTTAAAAAGTCTAAGGTCCAAAATCCCTCGATGGTGCTGATATCACCATTATTCATGTCCATCAGATCTTGTCACATATTTAAACGTGATACCGTTTTAATGAGTTGAAAACTAAATAATTAATATTTTGATATTAAGGCTGGGTCAATAGAATTTAATTCATTAAAATGCTCATCGTTGAAATGAAGCAACGCTTCGTAGTTGTAGTTTAACATGCCAAAATTTTCGTTTCTCTCTTTGCCTAAGTTCGTAGCAATATCTGTATCAGCAGTTGGTGCGTTGCTTTTGGTATCTTTGGAAACTTTAATGATCTCATCTCCATAAGGAGCGTCTGTTTCCATAAAATTTGGTGAAGATGTTGTTGATTCTGACAGGGCTATATCCATTTTGCTTTGTGACAAGGGCCTCGTTGGTGTTGAAGGAAGTATACAAGAAGAGGACGAAGGACCTGGTGTAGGTTCTGTCAAAAGTTCCATCAGGCCTTGGTTGTAATTTTGGATGAAATTGTCGTTGCAAAACATGTTCGTAAAATCAATTTCGTTTAAGTTCGTTAAAGAATCTTCTTTCTCTATCTTTACACAGGAATTCCGCGTTTTGAAATTGTCTAAAAATCCGGTATCATGTAGATCCGCATCCAACTTCGTTTTCAACCTTGGCCTAGGTTTCGAATTATCCATCTGTCTGGATTTTATTTTAGAAACGGAGTTTTTATTTGTTTTGAGCAAATTTTTTTTAGACGTCAAAGGGGGGTTTGATAGTGGGAGAAAAATGTTATTGAAAGCTTCAATTTCCTTGGTTAACCCACAGTCACAAGAAATAATTGGTGTGACGAGTGGTAAGTTTAGACTTGCTTTATATTCTAATTCATCAAATGTTTTGATGGCTTTTTCGTCGTTCTTCTGACGAAGATTTTCCTTAAACTTTTTATAGTCATCCGTTTTAGTAATCAAATCAAATCTCAGCTCATGTGAATGTATGTTATTCATAACAACCACGTTCCACTTCTGTAACCGCACAGAGTAGGCTGCTCTAATTCTAAATGGACATGCATGGGATCTTGAAGAGGAACCTTTGGATTTAGGGTTCAACCCTACTTTCGATCGTACTGACCTACACTTAAAAGTAACTTTGCTACTATCTGATCTTTCGATGACTATATCTATTCCTTGAGGATAGAATATTTTCTGTAGCCACGGTTTAATCTCGTGCCTGTCCTCAAAAGACGGAACTGGGTCTAAATGAATAAGTTTATTTTGGTCTTTAGACATCATAGATGCTAGATTATCGGGAGATGCTGTTAACTTCATTTTCCCTGTTTTAGACACTGATATTGGCACAGATATTATGCTCTTCATCGACTTTGCTTTCATTTCTTGGGGGTCGCTTTCTCTTGATTAATTTGCGCCAGAGTTTCTGGTCACTACAACAAATTTTTTGAATGAGTCGTGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:169709-171199

AAGTTGAGATATATACAAATTAATGTCACTGTTATTTTTTTTATTTACATTTCCTTAACCTTTATTTAAGAAGAATTGTTTGAATGTTATTGTCATCAGTAAGAATTGTCAGCACTGGGCTATTTACAGAGGGACAGTTACCAACAAAGAGATCTTTGACACTCCTTATACCGTATTTGGCCCTAATGTCTGAGTAGCCCACGAACAGCCACCGTTTGAAAGATATAGAGTACTTGTATACCGATAACGCTGTTCCGTAGAGATGTTGCTCGGTTATAAAAATATACTTCCCATTGTTTGCTATCTGACGTCCTGTTCCTGAAGCATGGACATGAAGTTCTTGTGTCTTGTAAAATATTGGATAAACCTCGCTGTCTGAGACGGGTGGAGAAGAATTTGAATTCTCTATGGGGTCTCTTGTTGGAATGGACAGATATCTCATGTTGGTTTCGAGTAAAATGTGATTCGTTTTAAGAAGATAGTCGATCTTTTGAACGTCTTCGTCTATTTTAAGCATAAAGTTTATTTCCTTGTTTAGCGTGGAAGCATCCGATCCTAATAGATTCTTGCAGTGGAAAATCATATCATTTCCTTTGTATAAAGTAAACTGAGGGAAATTTAAAACGGACTTGACATTTGTGGTCGTGCGTAGATCTACAGGCAAATCAATGTTGGTATGGAAACTTTGAAAACTTCCATTGCTTTGTTGGTGATCTAAAGAAGTTATTAGCAGCCCATCTTTCAAACTAAAAGAAACAACGAAATGTGGCAACAAACCTGCCCAGACATTTAATATAGATAGGTGGCTTTGATGAGAGGAAGTTGAAGGATCCTTCAAAAGCAAGTGATTGTTTACGTTTCCGTTCAAGTCGCAGTTTAGCTTTAACAACTTTCCATTCTGAAATCCAACTAAAATTTGAATGGTGTTTGAATTATAACCAAAATTGCAGTCCATACATATTATTGCGTCCGATAGCAGTAAATTCAACTGCCCGTAAAATTGCTGCTTAATAAAAATCAAATGTTGGCCGTTAAAGTCATACAGCAGTAATTTTTTGTCCTCTGCTTGATTAGAATAAAAAATCCAGTACTTGCTATTGAAATTTCTAAAACTTTTGAAACTTTGTAAATCGTGGGTAGTAAAATAGTTATTAATCCGTACAAATTCCAACCCACGGTTACTTCGAAAAACATCTTCAAGTTCCTTTTCTTCGTCACCATCATCGTCTTCTTCAGAATAGTTTCCAACATCTCCACCATCCTCTCCGACATTGCTAAAGGTAAGCTGGTCGATATGTTCCTTTATCGTATCTGGAAGCTGTGGGTAATCATTATTCACCGTGTAGTTGCCATACTTGCTCGCCCGTTCGTCAAATACGTTCTGATATCTCGTGTGGTAAAATTGCACCCCCTTCCCATCCTGGTATATTTGCATAGGTATACCCATGATTTCGTTATGATTATTTTCTTTCTTGAGGGTGTTTAGCAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:171480-172783

GAAAATGATGGATGGTTCCATAACAAGGAAGGTAACATCAACGTTGTCCAACCAATTGGCGACCTGGAAATGGAAACTGCAGTTATCGTTATTGGAAAGAAAATTAGCGACAATAAACAATGATTATTTTCTCCTGCAATGGGAACTCCTTTTTATAACTAATGAAGTGATGAAATGGAAAGAAATGATTGCCTTTTTGGAAAGCCAGTTATTTTGCACAACGCAAAATTTCGTGGCACAAGAGACACATGACAGGGAAACCTTTCAAAGCCTGGTAGATGATTATAACAAACAGTTGAGCGAAAATAACCTGATTATTTCTGTATTGAAAAGTAGACCACAGCTATCATCATTTCCTATATATTTGAGCGATGAGGTGTGTTCACACCTTAAATTCGTCATCGCGGAACTAAATTCATTGATAATAGTTTTTTTTATTTCTTTAGTATTTTTGTGGGTATCGATAGAAGTTTAAACTTTCAATAAGTGGCTAATGATTTCGCATTTATTACTATAAAAAAAATACAGTCTTAGGATTATTCTCTATTTATCCTCACGCCAAACTTTGTATACAATTACAAAAGATTTTGAATATACTAGTCAAAGTACTATCTTTGTTGTCATTGCCACTGTTATTATAATTCTGAGCTTGACCTTGAGGCTGTCCTCCATTGTTGTTATATTGAGGATGTGGTTGTGCATTGTACTGATTAGTGGGGGCATTCACTGCGGGGCCATCCATCTGCATTTGCACACCTTGCAACTCAAGCACCAAGACTCCTGAATTTCCTTTTTCCAAATGGTTTCTGATACCATGCTTAGCACAGAACTCCTCAATTGACGGTTTGAGTTTCGCTATACCGTTTTGAGAATGCAACCCTTTTCCAACAATAACGTTCAGTTGTGGTTCATTATGATCAATAGCGAATTTGATTCTTTTTTGGAGAATAAATAGGGCCTCTTTTACGTATAATCCATGTAAGTCAATTTCATTACTGGAAGAATCAGCATTGTTCTCTACAAACACATATTCTGCCGCTTGCATGTTAAAATCTTCAGCGGTTTTCAGTTGTGCCTTACTTTTCTCGCTTAGTTCATGAGCTAGCTTCTTGTCACCTTGTTGATAAGCGGTTTGCGATTCATGGCTGAGTTGGTCTCTTTTCTTATACGCTTCATCTGCTAATCTTCTCAATCTTTGATACTCTTCATCAGTGCTATGATTGTAGTCCCTTACAGGATTCTGAGTTCCGACTACTACTCCACCTGTTCCTTTCATAGTTTTAAGTGCGGCGCTTTAGCTTCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:173087-174815

AGGCTTAAATCTTCCTCGTTTGTAGAGTAAGTAGACCCATATTACAAATCTCCATCAACGTCATAATGTCCACTGAGTATGTCAAAAACTACAAATACGACCTTATTTGGTAACTAGTTTGTTGTCGGTTACATCTGAATTTGAAGTACCCAAATTGATAATACTTCAGGAAAAGTTAACGCACATTCAAAACGTGTTTTTTTACAATAACCTATGGTGATCGAACCTAATTATAAAAAGAAGCACTTGAAGTAGTTTATCTTCTTCAAGTACCTTTCGTAGGGGATTTTCATTTTTAATGAACAAAGGCATTGTTTGTTAGTATCTATTACTTGTAATACACCGATAATTTCATTGATAGATATTTCCAGCATGTCTCTGCATCTCCCTTCCATCGAATGAAAAGTGGTGTTTTCAATTCGATGTAACTGAATCTTTGTTCTTAATATGACTTCTTTGCTAACATTTTTTTCATTTTTGAATAGAAAAATCTTGACTCCTGAATCTCAATTGAAGAAGACTAAAGCTCAACAAAAGACTGCAGAACAAATTGCTGCAGAGAGAGCTGCCCGTAAAGCCGTATGTTCATTTACCATGTTTGAAAGATATTATATCATTCCTTTTACAGTGAGTTCACAAAAATATAATACTTTGTTAAAGAGATCTTTTCTCGGTTTTACATTTCCTTGGCATTTGTTAGTCGCGAACAATTTTCACTTTTTGCAACGTTTTTTTTCTTTCTTAATGATGAAAACTATTCCTTATTCTCGACTAGTCTTTGACAATGCTGTCGTTTAATCACCATCTTTCGGCTGACTAGTAAAGAAAATGCAAGAGTGAGAATATGCCAAGAATCTGCAAGATTGAGTTAAGTTTTCTTAGAAAGTTTTATCGTGCATATTTTTCACTAAATTGGAATGACGTTAAAACCAAAAGTACTGATCTTACTAACATTAATCAAAAATTCTTGATGAATATTATTTTAGGCTAACAAGGAAAAAAGAGCTATTATTTTGGAAAGAAACGCCGCTTACCAAAAGGAATACGAAACTGCTGAAAGAAACATCATTCAAGCTAAGCGTGATGCCAAGGCTGCTGGTTCCTACTACGTCGAAGCTCAACACAAGTTGGTCTTCGTTGTCAGAATCAAGGGTATTAACAAGATTCCACCTAAGCCAAGAAAGGTTCTACAATTGCTAAGATTGACAAGAATCAACTCTGGTACATTCGTCAAAGTTACCAAGGCTACTTTGGAACTATTGAAGTTGATTGAACCATACGTTGCTTACGGTTACCCATCCTACTCTACTATTAGACAATTGGTCTACAAGAGAGGTTTCGGTAAGATCAACAAGCAAAGAGTTCCATTGTCCGACAATGCTATCATCGAAGCCAACTTGGGTAAGTATGGTATCTTGTCCATTGACGATTTGATTCACGAAATCATCACTGTTGGTCCACACTTCAAGCAAGCTAACAACTTTTTGTGGCCATTCAAGTTGTCCAACCCATCTGGTGGTTGGGGTGTCCCAAGAAAGTTCAAGCATTTCATCCAAGGTGGTTCTTTCGGTAACCGTGAAGAATTCATCAATAAATTGGTTAAGGCTATGAACTAACATTATTCCGTGTGGCAATAATCTCAATGTATAATAAATAATATTTCTCTTCATATATATGACCGGACTCGTAATAGAATAATTGACTGGAACAATAGCGCATATTGCTTTGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:174969-176022

GTGCTTTTTTGCCTCCTAAATTATTCAATTTGACAACTGATTTCCAGCCATTCATTATTCAGTGAGGAGCGACAATGTTTGGAGTCAAGGATGCTATATTCAAGATTAAACGTTCCATTGCAGGCACAGATTCTTCTGATTCCACTGCTTACACAACGGCAAGTGAATCTTCACCTCAATTAAAAGATTCCCATAACCCCTTTCGAAATAAAACGACATCCGAGAGAACTATAGTTGAGGAGGGCTCTCTACCACCGGTGAGATTGAATGGCTACTTGCCCTCAACTAAAAATAAACTTCTTACTCCTGAAATGTGCGATGAAATAAGAACATTAATGCCCACGAGGATACAGTTGTACACCGAATGGAACCTTCTATATAGCCTTGAGCAACATGGGTCTTCATTACACTCCCTGTATAGTAACGTTGCTCCAGATAGCAAGGAATTTAGAAGAGTGGGGTATGTATTAGTAATAAAGGATCGTAAAAACGGAATCTTTGGAGCTTACAGCAACGAAGCTTTTCATCCTAACGAACATAGGCAATACACAGGAAACGGGGAATGTTTTCTATGGAAGCTGGATAAAGTACCTGATGTTAATATATCCGAAAAAGAAGAATCTGAGCAAGAAGGTAAAGAAGGTAAGGAGGAAGGGGATAAAGAGGAGAGATGGAGGTTTTCAGGTTATCCTTACACTGGAGTTAACGAATTTGCTATATACTGTACATCTGAATTTCTTTCAATGGGTGCAGGTGATGGTCATTATGGTCTTTTATGCGATGACGGCCTACTCCATGGTGTTTCAAACCCTTGTCAAACATATGGCAATGAAGTTTTGAGTAAGGAGGGCAAAAAATTTTCTATAGTAGCTTTGGAAGTATGGCGTGTAGGATAGTGTCATCTATTTAAATATCATACTATGTATTTATGAATGAGAACCTCATGATTGTAAACGAGAAACACTCCTTTAAATAGCCTAAACCGTATCCTCAGTAAGAAAAACTAGAAAATACGGTCCTAATACTTGCATGTGTTTTATGAGTGACGAAATAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:176180-179075

GGGAAAGGCAGTTGCCACAACCAGAAGAGCATAACATATTGTCATGACCTCTTTATATGCACCTGGGGCGGAGGATATTCGGCAAAGGTTACGTCCTTTTGGGTTTTTCTTTGAGAAATCACTAAAGGATTTGATTAAGGGTATTAGGTCTCACAACGAAACACCAGAAAAACTGGATCAATTCTTTAAACAAGTATTAAGTGAATGCCGGGAAGAAGTGAACTCTCCAGATCTAAATTCTAAGACCAATGCCGTTCTTAAATTGACCTATTTAGAGATGTACGGTTTTGACATGGCTTGGTGCAACTTTCATATCTTAGAGGTTATGAGCAGTAATAAACTTCAACAAAAACGTGTGGGGTATTTGGCTGCATCACAATCTTTTTACAAAGATTCTGACATTTTGATGCTTGCAACTAACTTGTTGAAAAAAGACTTAAAGTATGACGGAAACAATGATGTTGTTAAAGTTGGCATTGCTTTAAGTGGTCTTTCCACTATAATTACACCCTCATTAGCAAGAGATATAGCTGATGATTTGTTCACTATGCTAAACAGCACAAGACCGTACATAAGAAAGAAGGCCATTACCGCACTATTTAAAGTTTTTCTGCAATATCCAGAGGCTTTGAGAGATAATTTTGATAAGTTTGTTTCAAAGCTAGACGATGATGATATATCTGTGGTTTCTGCCGCTGTCAGTGTTATTTGCGAGCTATCAAAAAAAAACCCCCAACCATTCATCCAGCTTTCACCTTTATTATACGAGATATTAGTTACCATTGACAATAACTGGATAATCATTAGATTATTGAAGTTATTCACCAACTTATCACAAGTGGAACCGAAATTGAGAGCCAAGTTATTGCCGAAAATTTTAGAACTGATGGAGAGTACTGTTGCAACTTCTGTGATCTATGAATCTGTCAACTGTATTGTCAAGGGGAATATGCTAGAAGAAGATGATTTTGAAACAGCAATGGCATGCCTGGAAAGATTGCACACATTTTGTGATTCTCAGGATCCAAATTTGAGATATATTAGCTGCATATTGTTTTACAAGATCGGCAAAATCAATACTGATTTTATTTCTCGGTTCGACCAACTGATTATACGCTTACTCTCCGATGTCGACGTTTCTATAAGATCAAAAGCAATTGAATTGGTTGAAGGTATTGTTGATGAGGATAACTTAAAGGCAATTGTCCAAACATTGATGAAGCAATTTGTAGATGAAGATGTGGTTATCCTACAAACTGGAAGCATCGTATACGAAAAATCAAAGAGAATTCCCATAATAATTCCAGAAAATTACAAGATAAAAATGGTGAACGTCATTATATCGATTTGTTCAGCTGACAACTATTCCAGTGTTAACGACTTTGAATGGTACAATGCAGTAATAATGGACTTGGCGATGCTCTGTCAAGACATATCTGATAAAAGCCTTGGATCAAAAATTGGTGAACAGTTTAGGAATTTGATGATAAAAGTTCCTTCAATGAGAGAAGTAACCATTGCTAATATTATAAAGCTTATTTCAAATGACAATATTAACAAACAGTTGCCTACCGTATTGAGAGAATGCATTTGGTGTCTCGGAGAATTTTCTACCCTAGTTGAAAATGGTAACGACTTAATAAAAATCATGACTGAGAATATCAGTTATTATTCTCATAGTGTACAAGAAGTTTTAATTTTAGCACTTGTTAAAGTATTTAGTAATTGGTGTAATAACTTTCAGGAGGATAAACGCTTTGAAATTAAAATGGTGTTAAAAGAGCTAATTGAATTTTTTGAAAATTTATCTTATTCGAGTACATTCGAAGTCCAGGAAAGAAGCGTAGAAGTTTTAGAATTTTTAAGACTAAGTTTGGAGGCTTTAGAGGAGGATACGGAAGGTCTACCAATGCTACTGAGCGAAGTCCTGCCTAGTTTTTTTAACGCCTATGAACTCGCACCAATTGCGCGTGGGACTCAATTGAAGTTAGCAGTAGATGAGAATCTTGATCTAGAAACTCCATTTTTGACAAAGGAGGCAGCTGATGAACTCTTAGATGAACAAAAAAGTGACGCCATCAGTGATTTAATGTCTGATATCTCAATGGACGAGCAAGTTGAACTAAAATTCGTTGATGATTCTGATACTTCGTATGAAGAAAAGGAAAAATTGGATGATTTTGAAAATCCATTTGAGATTGAGAGAGAAAAGGAACGGATGTCAAATCCTTATTATCTAGGTGAAGAAGACGAAGAAAGAACTAAGAACTCTAAAGATTTGTTGGACTTGAATGAGGAGGAAAGTAGTGATAAAAAGCCAGAAACTATTAGATTAAATAGAACCGATAATTCGTTGAATTCTCTAAGTTTATCTACAACTGAAATCAGCAGAAAGAAGAAGAAGGGAAAGAAGAAAAATAGGGTTCAAGTCTTATCCGATGAACCTGTTATCGAAGCCGCTCCCAAAAGGAAAGATGCATTCCAGAAACCCCATGATAATCATTCAACTCAAAATCCTTTGAAAAAGGACAAGATTAATCTGAGAATGCACTCTCAACTTGAAAATTTTGATTTTTCCAATTTTGGGCAATCGAGTAACGCAGGAAGAGGATCGCAGGAAGAGGGCAACCTTAGAAAGGAAGACGAGTTAGAATTAAGTCGTTTAGAGGCCAATCTTATTGTAAAAGATGAAAAGGATAATTTAAGTGATACTGAAGAAGTTATAGTTATAAAAAAGAAGAAGAAAGGGAAAAAGTCAAAGTCAAAAAACAAACTAAAAACGAAAGCAAAAAATTCTCCAGAACCAAATGAATTTCTTCGAGACCAAAGCACTGACATTTAACGATAAAAAAATCGAAGTCGTGAATTCTCAATGACAGCGATTACGTACGTAAAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:179179-188694

CCGCCAAAGGTAATCATAGACCAGAGATGATTTGCAAAATTATTTGACATACTATTGCTAGTGTAACAATAACACAGCATAACTTTGCTTAGACATATATGTCATTTAAGGCAACTATCACCGAGTCGGGGAAGCAGAATATCTGGTTTCGTGCGATATATGTGTTATCTACAATTCAGGATGATATCAAGATTACAGTGACAACAAATGAGTTAATTGCTTGGTCAATGAACGAGACAGATACTACTCTTTGTCAGGTTAGGTTTCAGAAAAGCTTTTTTGAGGAGTATGAGTTTAAACCACATGAGATTGTATTTGGAGAAAATGGGGTTCAAGTTATAGAAGATACGTACGGCAATAGTCATAAGTTATACTCCTTCCGTGTTAATGGAAGACACCTAACAACTATATCAAGAAAGCCGGATGGTGATGGCATCAAATCATTCACAATTGCGGTAAACAACACTTCTACCTGTCCTGAATCACTTGCAAATAGATTGATTGTGGTGATTGAAATGGATTCGTTAATAGTCAAAGAATACTGTCCCCAATTCCAGCCAATAAAATACGATCCCATAATAATCAACCTTAAGTACAAAAGGAGGTTTTTGGATGTTTTTGGAACTGCTGCCTCCGATCGGAATCCACAGGAGCCCTTGGACCCTAAGCTATTGGACGTTTTTACAAATACAGAGCGTGAGCTAACATCAGCCTTATTTAACGAAGAAGTGGAATCAGACATACGTAAAAGGAATCAGTTAACGGCTGCTGATGAGATTAATTACATTTGTTGTAATTCAACTTTATTGAAGAATTTTTTAGACAACTGCAATGTTAATGTAACCGATGAAGTAAAATTGGAAATTAACGTACATAGGCTAAGCATAACTGCATTCACCAAGGCCGTCTACGGCAAAAATAACGACCTTTTAAGAAATGCGTTAAGCATGAGTAACACTATCAGTACGCTCGATCTTGAGCATTATTGCTTATTTACAACAATCGAAGATGAAAAACAAGATAAGCGATCACATAGTAAGCGTAGAGAGCATATGAAAAGTATAATATTCAAATTGAAGGACTTCAAAAACTTCATAACGATAGGTCCATCCTGGAAGACTACCCAGGACGGAAATGATAATATAAGTTTATGGTTTTGCCACCCAGGGGACCCTATTCTTATGCAAATGCAAAAACCGGGCGTAAAATTAGAATTGGTTGAAGTTACTGACAGTAACATTAACGATGATATTTTAGAAGGAAAATTCATAAAAACAGCAATCTCTGGCTCCAAAGAAGAGGCCGGACTGAAAGACAACAAAGAAAGCTGCGAAAGTCCATTAAAAAGCAAAACTGCTTTAAAGAGAGAAAACCTGCCACACTCTGTGGCTGGAACTCGAAACAGTCCTTTGAAAGTGTCGTATCTGACCCCTGATAATGGAAGCACAGTTGCTAAGACCTATAGAAATAACACGGCAAGAAAATTATTCGTGGAAGAACAAAGCCAAAGTACGAATTACGAACAAGATAAGCGGTTCCGGCAGGCTAGTTCAGTTCATATGAACATGAATCGGGAACAAAGTTTTGACATTGGTACGACTCATGAAGTGGCCTGTCCACGTAATGAGAGCAATTCTTTAAAAAGATCCATAGCAGATATTTGTAATGAAACTGAAGACCCCACCCAACAATCTACATTTGCAAAAAGGGCAGACACCACTGTGACATGGGGAAAAGCGTTACCAGCTGCAGATGATGAGGTTTCATGCAGCAATATCGATAGAAAAGGAATGCTCAAGAAAGAAAAATTGAAGCATATGCAAGGTCTGTTGAATTCCCAGAATGACACAAGTAATCACAAGAAACAGGACAATAAAGAGATGGAAGATGGGCTGGGTCTAACACAAGTAGAAAAGCCAAGGGGTATATTTGACTAAAACCATAATGCAAAATCAGTATAAAGGCGTGTAAATATTAGATGAAGTAGCAATTATCATGATAATATCGATCGCTGTTTTTTTTTTTTTTTCTGTCTCAATTTGGTGAGCGTGCGGCTGATGGTCCATCACGGTCGGGGAACAAACTAAAATTTTCAATAGCATAATATCTCTATATTGCATAGCTTTTTACTTAATAGGAACTTAAAAATTTCATTGATGCTATTATATTTAACTCATAAGTCAATCTCTTTTTCCATTTTGATTAGCTTATTGCGACATGGACTATGAATTATAATAACTTTGAAAATTCGAAGGGTGATGGACATTCTAGGCTTCCCAAACCTACATACTCCGGAACGCTATCAGATGGCTATGATGAATCGAAAATTAAAAGGCAAAAAACAGACTCTGCTTTTAATGCAGCTTACTCACCTCATATGTATCCGAACTCTCCGTATTATGAAGGTTCATGGAATACCGGTTATACTCCTCAACTTCATCATGTAGCCCCTCATAATCAATATTTCCATCCAATACAACCGTCCACTCAGTACAATTATACGAGTCCTCCCAATTATACAGAAAATTACATACCGCCAGTTCATCAGAATATATCTTATGCACCAGCGCTTAATTTACAGAAGTGGCCATCATCATATTGTGAAAACACTCAAGCCTTAAAGAATGATAAAGATTACCAAACATCAATTAGTTATGAAGATGTTGCAATACCGACCGTAAAGGAAATACAATTGATTGAGAAAAACAGAGGGAAAGATACGTTTATGAATGAAATAAGTCCAGTACCATCAAGCAAGGATCAAGCATCTGCGGAGCCTACAGAAATCCCAAGAAAGGATCCCGAGCTGGCAAATTCTAATGCCGAAGATGATCATAATAACTTAGGGCTAGAAGATGATGATCGTGATGAGCAGTTAGAATCAGAGGGGTTGGGTAAGGTGGTTTTGGTTCCTGGAACCTCCATAGCATTGATTACTGATGAAGATGTTAAAAAGTGGAGAGAAGAAAGAAAAAAAATGTGGCTACTGAAAATATCCAATAACAAACAGAAACATATGCAAGAAATGGGCATAAAGGAAGATGAACTGAAGAGCCAACCTAGCATTTTCAAAGAGTCAAGGAAAGAAAAGCAATTTATACAGAGTATTCAAAATCAAGTGCAGAGAGGAAATCCGAAGATTGACTTGAACTTGAAATTGATACAGCGAGAATTCGCAAACGAAAACTCCCAACTTTTGGACTTTATAAGAGAATTGGGAGATGTAGGATTACTTGAATATGAGCTATCTCAACAAGAAAAAGATGTACTTTTTGGGAGCTCTGAAGATAATAATAAAAATCATTACAAACCAAATTACAAAAACAGGAAACCTAATCTGAGTAGAGCCAACTTTACTAGAAATAAGTAATAGAATAGCAAATATTGATATACATGGAAGAGTACATGCAAAGGTGCGTAAAAAAAAATAAGTCAGATAAAACTAATTACTGTTTAGAAATCATGAGTATATGAAACTAATTTTGAAGAGCTTTAACTGCTAGGTTACTTAAAACAGTAGTTACAGCAGCACCAAGGAACGAACCGAAAATGGCACCTTGGTAAAATGAACCCTTATTCTCTCTCTGTACTTTACTTTCAGAAGCGTCTTTTTTCTTACTTTTCGTTCGTGATTTTGTGGAAGATGTTGTCGTTTTGTGCTTCCTGACTCTACCAGGCGACACAGCCTTCTTAATGTGTTGTTCATTATTAACTAATGACTTTTTATTAAGCGGTCCACCGTTTTTGGCTTTATTTATAACGAACCCATCAGCAGAGTTTGAACTTGCATCTGTCAGTTTATGCACTCTAAGTTTTTCTTGGTCGTTGTTTTTCTTCAGTGTAATCAATGCAGCGTTGTCTTCTTTCATTGCTGTCATTTTTTGGAGAAGTATTTATATATTTATTAGTTATTTAATGTGTTTATAAATTTATCTTGAGGCTGGTGAAATCTATTCCAAGTATTTTAAATATGTTTGCAAATGCGAGTCTACTACTTTGGTTCCATATGATGTCAGTTTTACAACAATTTATACTAGAGATAGCCAATATACTTGTTTCAGTTCTGTTTTGCCGTAATGGAATTATAGCTCCGACAAATGTAATCTTATGCACTGAAATTCAATCCATTGTGACAAGAATTATGTATTTTAGTTCTTATTTGATTTATTTCGACGCCTCGCGCGCGCTCTTAGAATCCGGCCCGACAAAGGATCTGAAACAAGTATAAATCAAATGGCCAATATAATGTCAAGCCTGTTTTATGTGGCAATGTTTAGACAGAAAATCACGCCTGTAGGGGTCCACATATCTCCAGAATAATTAGAGAGTCGGTGTCCTTATGAGATCTTCCTTAAAGCGAACAGATTGATTAATCATGTTTTACGCGAGGATATACGATAAAAACAAGTGAACAGCTCTTACATAACAACGCACTCACTTTTCTCTTTTTCAGAAGCTTTTGCATTGAGAAGGCTGCTTCTTCGCTTAAACTTGTCTTTTTTGACTGGTGCGTGTATTTCTGAGTTTTTTTTGTGAGAATGGATTTTCCTTTTTGCTTCAAATTTCGTAACACGTTCTTGTTCTTGTTCCTGTAACTGTTTGGCTAGTTCTTTATCGTTTTCAATTTGCTGAATTTCTTCAAGTAGCAAATTTCCAGTTCCAAAATCACGTTCAATGTCAGTTGACAATTGCTGTCCATTTACCTCTGCTGCACTAAAGTTACCGGCAAAAAAAGCATCGCAGGAGCCGTCCACCGAATCTAGGGATTGCCATACAATATCTTTACAATTTTTATAACCAAAGTCCGTAACCAATGTGTATAATCGATCTTCGTATTTGAACAATGTAGAAAAATGGTCATTTCTGAATAAAATGGAGAATTTGTTGTGTAGCAGCTTTTCTCTCAATCGTAGGAGTCCAAAGGCGGTCAACTGAGTCGGTGATTCGTTCAAAAACAGACCCAAATGCATGGCATCACGTAAAACTTCGTCCGAGTTTTCATCTTGGGAAATTCCACAATTTATATCAGCTGCTTGTGTTAAGATTCTCTGCGCAGATTCATAAGAATAATGAGATAGTTTCTCATCAATGTTTTCATTTATGAAACTGTTGATAACCCAGCCATGGACAACATCAACGTTAAACAATCGAAATATTGACATCTCTTTAGTATTTTCAAAAGACCCATTAAACTCAGGGTTAATATTTAAACCTTCATGTAATCTAGGTAACAAACTTAGTAACTCACTTATATCAGTACTAGGTTTATCTGTAACTTGTAAAGCGATATCTGCTAAGACTTCAATAAGTTCTTTTAAAGATATTTGACTTCCCTTATTTACCAACCTTATTAACTCATTGGAAAAACGTGTATGATCTGGTGAAAGTATTAGAATATTTGCAAGTGCTAACAAGGCACAAGGTCCGTTTTCGTTTTGCAGTAATATTCGATGGTTTTGACCATTAATTTTGACACTTTTAGTCGTGAAACTTAAATCCATGAAAAGATATTGCAATAAACAAGAATTGCAGTGATGTGAATCTACTTTGAGCTGTTCTTTAAAGCGCCTTGTAGAATGGGCATTTTGTCCAACGTTTTCAAGACCCTTTTTTCGTACTGCTCGCTGTTAATACTGCGAAACTAAAATAAACGACAGGCAGATGACTAAAACAAATCAAACAAGAACCTCTAGGGAAAGGTGTCCTAAGCGCGGAACTTCTTTTCGTTATGGGGTAAATAGAGCGGTACTTAATAATCTGTTTACAAAGCAATTTTACAAAGTTTTGATATAAGAACATTTAACTAAAGAGAAGAAAAAGAAATGAAAAGCCATTCTCTTGGCAGAGGAAACAAATGAAGAGGTGCGTGTAAGTGAAATAAATAGACCAAATAGCATTTGATAAGGAAGAAATAAAAGAAATTTATAACAGGGTAAAGAGTTTTTCGTTCTGAAAGAGATGCAGCAATAGTAAGAATTAAGTCCTAGTCCAATTTGGGAAGGGAAAACGATTAAAGCATAAACCGCTATGTCGAATTTATGCAAACCATATCAATCTACTTTCCTTAAAAATTTTTCGTCCAATTAAAAGAATTCAAGTATAATGTACAAGAAATGGAAAAGATTGAAAAAAGGGAGTCTATTTTTGTAGTTTTGCTAAACTATCTAATAGACTTTGAACATTATTGCCAGCAGGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGAGGTGGCGGAGGTTGGTGTGACATTGGTGGGGCAGAGGGTTTTGCAGATATATTTTGACCATTGTAATTGGTACTCATAGGAGGGGGAGAGGATGAGTTCATAGAGGAATATCCACCCAACTGTTGTTGCTGTTGTTGAGGAGCCTGGCCTTGCATTGATTGTATTAAACCAACCAATTGCTGCTGAGCATGAGGTTGTTGTTGCTGTTGTTGGGCCATTGAAAGCAAATTCGATACAACGTTAGGTGGAAGGTTTTGAATGGCAGATAATAGTTGTTGCTGGTCCATTGGAGTTTGAGAAGGTGGTTGAGGAGGCGGACCAGCCTGATAACGACCATACCCTTGAGGAATTTGTTGTTGTGGAGGTGGTGGTGGAATAGAAGTCTGGTAGCGACCGTAGCTCTGATTCATTGGAATTGGAGGTTGAGAACCATATCCTTGGTCATGGGATGGTGGTGGCATCCCATAATTACCATATGGCTGTTGCTGTTGTTGTTGTGGAGGAGGCATACTGTAACCCTGGTAATAGTTTGTTTGAGGAGGAGGTCCGACAGCTGGGCCGTTTGGAACAGGAAGAGGAGGAGCGCCATATATGTTTTGCTGATGGCTCATAGCACGGTAATCAGTAGGACGAGAATTATTTCTGTTGTTTTTGATGTTATTAAAAATGGCAACTGCGTCATCAGCGGATATGCTAATATATTCATCAAATTTCGTTTCACCTTGTGAGCCTTTGTAGAAAGTTTGAACATCTACATTGTGTGTTTTATTAACTAAAACAACGCCCCACACCCCATTATATGCGGCATCATTGATAAGCTTTCCCAGTTCCATTCTTGGTTTCAAGAAAATCATATCAGTTTCCAAACCAGTCCCGTCCCTAAACCTGTTGAAAACCTCAATGGCATACGTACGATCTGCGGTTCTTTTAACGAAAATGTTGCAAGAAACGGTGTGTCTTCTGGATTTCTTGTAGCCAGCACCATTGTCGTCATTGTACATGTCACCAGATTCAGTTTGAAATGGTCGTTTTGCGGAAGAAATAAAAGTAGAACTACTGTTTGTACCGTGATCACCATGATCAAATTGAGGACGAGCATTCGAGCTAGAAACTTCCAGGATCAACTTTTTGCCAAAGTTCATTTCTTGAGACTCGCATTCAATTGCATCTCTAACGCTTTGAGGGTTGTCAAACTGAATGAATCCAAAGGCATTTTTGATATTGATTTGCATGATATGACCGTATGGAGAGAAAATCCTAAATAAATCCTCCTTAGAAACGTTCTTTAGCGGCAAATTACCAATGAATAATCTTGACTTCGGAGGAATATTGTGCATCTCGGTGATTTTATTTTCACCGTGCAAATAGGCTGCATAACGGTCGTGTTCTTCTTCGGTAATCGGCTTAGATAAATCCGCCCTAGGAAATCTCATACGTCTTTGGGCATCTGACAATGGAGGTTTTCTTTGATCATTGCTTCTTGCGCCGCTTGTGGCTGAGGCGCTAGCTGTTGTTGAGATAGTACTATCATGAGGAGGTACGGAAAGAGCTGTGTCAGAATTTGAATTTAACATTGCTAAAATCGCAGACATCTTTTCTTCTTGAGGTAAATGTTGAAACTGAGGCAAATTTAGCATGTTACTGTCCATAATGTACTTGACTTGCTTTTGTAAAAGATCGTAATTAACATTTTCCATATTAGTTGGAAAGTGAGTATTATCATTTTCTTCACGAGTTATTTTTTTTATAGCTTCATCTACGTCCTTTTGTTCTTTTTCCAATGTTTCACGGCGAAGTTCGACCTCTTTATCTTTGGTTTTATCCTTTTTGTCTTCCTCATCCTCACCGTCTTCAGCGGCACTATCTGAGCCTACCGAACTGTTGTCGTTGCCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCATCATCATCGTCGTCATCATCATCATCGTCATCATCCTCTTCTTCCTCTTCTTCCTCTTCATTATCATCATCGTCATCATCATTTCCGCCTTTTTGTTGATGTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTGTGTTTATTACTTCCCCGTTTTCCTCTCCTTTTTCCTCCTTATCTTCCTCCTCTTCATCGTTCACATCTTCCAGTTCGTGTTGTTCTTCATTTTCCTCCTCCCTTTCGGCTTCTCTTTCTTCCTCTGGGGCGTCAAATTCGATTCCATCGTCTGCGCTTGAGTTATTCATCAATTCATTCTCGTTAGAGTTACTATCGACGGATAGTTCAGGTGAAGGAATATCTTGAACATCACTGTTATGGTTTTCATCTGACATGGCTTGCAGATGGTTATTATATTATGAAAGGACAGTCCGGGAAAAACGTAAGTCAATTATTATATTTTGACCAAAGAAAATCGCTTGTTGCTGTGCAGAATCTAATAAAGATGCTCAAGATAGCTTTTATTAGACCTTCATTTAGAAGTGGCAAAATCAAATGAATTGTTTTTTGTCCTTTGCTTCTTCCGCTTCATTTTCTCTTCAACAATTCAGGGTTACACTCAATCACGTGGGATACCATAATTTATCGTTCTACAAAAAAATGCAAGCACGAACTAGGGCGGTAGTTAGGAAGCGAATAAGAATAGCGCTTTTTCGTTTCAATTTGGAATATTAAAGAGTGATATTATTAATGGTTTTCTTTTTTGGAATGTGATCTATATACATATTTAAATAGTCTCTTTTGTATTTGTGGTGTCATAATGAAACTGCATCACACCAGATGCTTACCCATACAGAAAGTCGATTGATTATGAAACTTGAAGTAGCGAAGATTACGGCACTCGAAAATAAATAAAAAGAGGAAATAAAAGAGATAGAATACAACTTATCAAAAGTTCCAGATAGCCCGTACCTGTTTAAATCTTTTTACTTAAAGCATCCTTCCTCTTTAACTCCTGCTCATGAGCAAGCTGAAGCTTGTGTTGCTGTACAGCTGGTGAATCAGAATCCACTGAATGTGCTGGACATGGCAGCACAGAACCGATGGCCACTGATGCGAATGCAATGAGAAATGTAGAAAAGTATAGGTTATTGACTATTTTGTTTCTAGTGACTGCTCTCATGATATGTGTCTGAATTAAACTAATTGGCCTTCCGTGCCTGTAAATTCAATAAATAAATAGGATGTTAAATTTTCCTAATGTGTCTCGAGGTGCTTATGTTATCGTGCAAGCGCTGAGTTCGAAACGCTGTTTTGATGAATATCCTATATATATCAAAAGTACAAACACGGGGAAAGAGAGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:188980-195690

GTTTATGGAAGGTACCAATGGTGAATATGGAAAAAATGAAGTCAAATAGAAGAAGAAAGAGAAGCTAGCTTTGAGGTAGGTACTGTTTTGAGGGTTTTTGGGTGCTTCAAATTTGTCTTCTCAACTACCTTATTATAGGGCTCAAAAATAATTGACGTCATCGCTACAAGTCAGATGTCGATGTTAAGAATCTGGAGTTGCATCGTACATTTCTTTTCCGTGCAGGCACTTGATTCACGAATAAAGCCAGACATTGAATTCAAAAGGCGACAAAGGATATTTATCAATTCATCTAAAGAAGAGAATGGTTCATCTTCTAGTGCCGTTACTGTTACCCGTAACCCTGTGCTCAGCTCTAATAGCCCATCTCCTCCGCTATGGAATACATGGGAATTTAGACTATATTATTTGGCGTTCACCGTAGTAGTTCCTTTCATGATAAAGGCGGCATTGGCTACGAGCTCCGAGTCTAATCCAAACTACTATAAATTCAGCGGACTGCTAGCCCATGGTTGGATTCTGGGCCGCAAAGTGGATAACAGCGATCCTCAGTATAGGTTTTTTAGATCCAATTTTTTTTTGTTGGCCATCTTAATATTACTACAAATTATATTAAAAAAGGTTTTTGTTAAATTTAGTAAAATTCCGAAAACAAAATTCGATTTTGCGTGTGGATTAGTTTTTGTCTGTTTCATGTACGGGATCAATTCTGTTAAGCTCTTTACGCATGCTTTTATTTTCTTCACTTTGGCACATTCGCTAAAGAGAAAGCGTTTGATAGCCGCTTTTGCGATTTGGTCCTATGGTATCTTTACACTATTCATCAATCAAAAAATGAAAAATCTCCCCTTTAATAATATTGCTATCATCCTAAGTCCCATGGATCAATGGTATAAGGGTATCGTTCCTCGATGGGATTTTTTTTTCAATTTTACATTATTGCGTTTGTTAAGTTACTCCATGGATTTTTTGGAAAGATGGCATGAACAATTGAGCCGCCAACCTTCGATAGATTACGATGATAGACGACCTGAATTCAGAAAAAGTTTATCTGGTTCTACTCTACAAACCATTTATGAGTCAGGTAAGAATGTTCTGGAGGAAAAGGAACGACTGGTAGCAGAACATCACATCCAGGATTACAACTTTATCAATTTTATCGCTTATATTACTTACGCGCCATTGTTTTTAGTGGGCCCAATTATCACTTTTAATGACTACCTTTATCAATCAGAAAATAAGCTTCCTTCGCTAACGAAAAAAAACATAGGCTTCTATGCCCTCAAAGTATTTTCGAGTTTGCTTTTGATGGAAATTATCCTACATTATATCTATGTGGGTGCAATAGCAAGGACCAAGGCATGGAACAATGATACACCCTTGCAACAGGCTATGATCGCGCTGTTCAACTTGAACATTATGTATTTAAAACTTTTGATCCCATGGAGGCTCTTTCGGCTGTGGGCCATGGTCGATGGTATTGATGCACCTGAAAATATGCTACGATGTGTGGATAATAATTATAGTACAGTGGGATTCTGGAGAGCCTGGCATACAAGTTTTAACAAGTGGGTAATCCGTTACATCTATGTTCCATTTGGCGGGTCCAATAACAAAATATTAACGAGCTTTGCCGTATTCTCATTTGTAGCAATATGGCATGACATCCAATTACGAGTGTTGTTTTGGGGGTGGTTAACAGTCCTTTTATTATTAGGCGAAACCTACATTACTAACTGTTTTAGTAGATATAGATTCAGAAGCTGGTACAGGTTTGTTTGCGGTATCGGTGCTGCAATAAATATTTGCATGATGATGATTATTAATGTCTATGGATTTTGCTTGGGTGCAGAGGGAACGAAGCTTCTATTGAAGGGCATATTTAACAATTCACATAGTCCGGAGTTTTTGACTGCGGTAATGGTAAGCCTATTTATTGCTGTTCAGGTAATGTTTGAGATTAGAGAAGAAGAAAAAAGACATGGCATCAACTTGAAATGTTGATCTAGTTATTAGATAAGCTATGAAAGTCAATCCTTTTAATCGAGAATGTAAATATGTGGAATACACAATTTTAACCAAAGTACTATATATGCGTTACAAGTAATTTAAATTTAAGTTCACCGAAGTAAAACTAACTGCAAGATTGTTACAAAGAACAATGCACTATTTAAATCACACAATGGCTATTGAAAACTGTAACTGTCAGAAATGCTGCATGTATCTATATGCATCACTAAGTTGCGACTTTTAAGAAACTTCCACAGTTCTCAACTCTTCTTTGTGCTTTTCACACATTTTCACAATTTTCCGAAATCTCCAAATTGAAAAAAAAATAAAAATAAAAAAAGGCAGGAGAAGACTAAGTATTCATTATTCGCTGTTTCATAAATAAAAGGATAAAAAGGTTAAGGATACTGATTAAAATGTTTGTCAGGGTTAAATTGAATAAACCAGTAAAATGGTATAGGTTCTATAGTACGTTGGATTCACATTCCCTAAAGTTACAGAGCGGCTCGAAGTTTGTAAAAATAAAGCCAGTAAATAACTTGAGGAGTAGTTCATCAGCAGATTTCGTGTCCCCACCAAATTCCAAATTACAATCTTTAATCTGGCAGAACCCTTTACAAAATGTTTATATAACTAAAAAACCATGGACTCCATCCACAAGAGAAGCGATGGTTGAATTCATAACTCATTTACATGAGTCATACCCCGAGGTGAACGTCATTGTTCAACCCGATGTGGCAGAAGAAATTTCCCAGGATTTCAAATCTCCTTTGGAGAATGATCCCAACCGACCTCATATACTTTATACTGGTCCTGAACAAGATATCGTAAACAGAACAGACTTATTGGTGACATTGGGAGGTGATGGGACTATTTTACACGGCGTATCAATGTTCGGAAATACGCAAGTTCCTCCGGTTTTAGCATTTGCTCTGGGCACTCTGGGCTTTCTATCACCGTTTGATTTTAAGGAGCATAAAAAGGTCTTTCAGGAAGTAATCAGCTCTAGAGCCAAATGTTTGCATAGAACACGGCTAGAATGTCATTTGAAAAAAAAGGATAGCAACTCATCTATTGTGACCCATGCTATGAATGACATATTCTTACATAGGGGTAATTCCCCTCATCTCACTAACCTGGACATTTTCATTGATGGGGAATTTTTGACAAGAACGACAGCAGATGGTGTTGCATTGGCCACTCCAACGGGTTCCACAGCATATTCATTATCAGCAGGTGGATCTATTGTTTCCCCATTAGTCCCTGCTATTTTAATGACACCAATTTGTCCTCGCTCTTTGTCATTCCGACCACTGATTTTGCCTCATTCATCCCACATTAGGATAAAGATAGGTTCCAAATTGAACCAAAAACCAGTCAACAGTGTGGTAAAACTTTCTGTTGATGGTATTCCTCAACAGGATTTAGATGTTGGTGATGAAATTTATGTTATAAATGAGGTCGGCACTATATACATAGATGGTACTCAGCTTCCGACGACAAGAAAAACTGAAAATGACTTTAATAATTCAAAAAAGCCTAAAAGGTCAGGGATTTATTGTGTCGCCAAGACCGAGAATGACTGGATTAGAGGAATCAATGAACTTTTAGGATTCAATTCTAGCTTTAGGCTGACCAAGAGACAGACTGATAATGATTAAACGCTCTGAATGCAAAGATTCAATGAGATTCTCTAAGAATTCTATTGATAAGATTTAAAGGTATTTGACAAGTAGAGATCTTTATTTTTTCTTGCATTTTGTCTAGAGAAATCTCAACTGACATACTCGACATGAAATTTTTGGTATTGTGTCTTTTATTCTATTGCTTTAAGAAAACTGTGACATATAGGGAAGACATGCTTAACAAGAAGATATAATTATATAATATATATATTATTAATAATAACATCCTTACTGCAGTCCTGTTGTGGGAGAAAATGGAGAGAGACTATGTTTCGTATCAATTCCTAAAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTTAAACAAGCACTCGCTGTTCATTTGTTTTACAAGTATTCATACTCTAATAGGTCATTGAGCTTCTTTTCTTGAGGAGAGATCCAATTTGAAGTCGGAATAAGATTTGCTTTCATTAGCGTAGGCAATAATTATGAGATAAATGGTGCAGCACTATTAAGTAGTGTGGATTTCAATAATTTCCGAATTAGGAATAAATGCGCTAAATAGACATCCCGTTCTCTTTGGTAATCTGCATAATTCTGATGCAATATCCAACAACTATTTGTGCAATTATTTAACAAAATCCAATTAACTTTCCTAATTAGTCCTTCAATAGAACATCTGTATTCCTTTTTTTTATGAACACCTTCCTAATTAGGCCATCAACGACAGTAAATTTTGCCGAATTTAATAGCTTCTACTGAAAAACAGTGGACCATGTGAAAAGATGCATCTCATTTATCAAACACATAATATTCAAGTGAGCCTTACTTCAATTGTATTGAAGTGCAAGAAAACCAAAAAGCAACAACAGGTTTTGGATAAGTACATATATAAGAGGGCCTTTTGTTCCCATCAAAAATGTTACTGTTCTTACGATTCATTTACGATTCAAGAATAGTTCAAACAAGAAGATTACAAACTATCAATTTCATACACAATATAAACGATTAAAAGAATGAGATTTCCTTCAATTTTTACTGCAGTTTTATTCGCAGCATCCTCCGCATTAGCTGCTCCAGTCAACACTACAACAGAAGATGAAACGGCACAAATTCCGGCTGAAGCTGTCATCGGTTACTTAGATTTAGAAGGGGATTTCGATGTTGCTGTTTTGCCATTTTCCAACAGCACAAATAACGGGTTATTGTTTATAAATACTACTATTGCCAGCATTGCTGCTAAAGAAGAAGGGGTATCTTTGGATAAAAGAGAGGCTGAAGCTTGGCATTGGTTGCAACTAAAACCTGGCCAACCAATGTACAAGAGAGAAGCCGAAGCTGAAGCTTGGCATTGGCTGCAACTAAAGCCTGGCCAACCAATGTACAAAAGAGAAGCCGACGCTGAAGCTTGGCATTGGCTGCAACTAAAGCCTGGCCAACCAATGTACAAAAGAGAAGCCGACGCTGAAGCTTGGCATTGGTTGCAGTTAAAACCCGGCCAACCAATGTACTAAGCCCGACTGATAACAACAGTGTAGATGTAACAAAGTCGACTTTGTTCCCACTGTACTTTTAGCTCGTACAAAATACAATATACTTTTCATTTCTCCGTAAACAACATGTTTTCCCATGTAATATCCTTTTCTATTTTTCGTTCCGTTACCAACTTTACACATACTTTATATAGCTATTCACTTCTATACACTAAAAAACTAAGACAATTTTAATTTTGCTGCCTGCCATATTTCAATTTGTTATAAATTCCTATAATTTATCCTATTAGTAGCTAAAAAAAGATGAATGTGAATCGAATCCTAAGAGAATTCAACAGCGTAAAATACAAAGAGGATAACGACAACGAAAAAAAATACACTCCCTGATTATGATGCCTCTGAGCTTGACATTTTCGTTGTCAACCAAGAAAACCATGAGCCAAAAAAGCGTCCTAACGCTCCCAGTAGCTTTTTCAAAACACTTTCATAATCTTCAGTATTGGCATCGCCTTCTTTTACAATTGACTTAGCGTTTTGATCGGCGGGTTTATCTATTTTCTGTATTTCTTCTTGTTCGGACATATCCGTATTTTCAGTATCAGAACCGTTGATCTCATGTTCTGATTCTTGCGTGTCGGTGACGTCTGTATCTTCATTAACTCTTGTGTTATCATTATCATTACCTTCAGATAGATTGTCTAAACCTTTGTCCTGTTTATTCTCTGTCTGTTCCTGAGAAAAGTTTGGAGAGAGCTCCTTATTCTCTTCTTTTGGATCTCTTTCTACTGGAACTTCGTTCAATGGAGCATGTTCATACTTTCTTTCTTTCCTGGTAGTCTCTTTTGCAAAAGCAGAACCATCTTGCGAAATAGCTGTTTTAGGGGAAGGAAACGTTACATTACCTTTTAAAGAAGGAGTTGGCGTCTCAGGGCCCTCATAGTACAACTCTGACCCATTTTCATTTGTATTGTGTGCAGTTTTGTCGCCCTCGTCCTTTTCTTCACCAGCGCTTCCGCCGTCCTCTTCGTTATTTAAAGTAGCAACATTGTTTTCATTGCTGTGCTCGTCCACCTCCTTTGGATACTCATCATCGGCAAACCAGTTACCGTTCTGATCTATAAATTTGAAATGTACCTTATCTTTATCATTATGTTTGGTTACCGAAGATTCATCAAATTTGTATTCCCATTTCCCGCTACTGGTATTTATTTTCATGGGTACACCTTCCCAATTGGTAAACTCCCCAGCGATCTTCAACTCTGGAAAGTCTTCCGCCGGATGATCAAATACAATGGTGACCATTATTTAGTTGCTTTGCCTATCTTAATGTTACAACCAAGTATGTATGTATGTACGTACGTATGCAAAGAAGTGGATATAGAGAAGGAAAGTAGGGGAGAGAGGGAAAGAACAAAAAAATTGAAGTTATTTGAGATAGTCTTGTATTATTTATCTGTATGTACACCGTATTGGTGGAACATCACTGCCAAATTTTTTATCCCATTTTCACATAGTTCCCCTTAAAAGAAACTTTGTTAGTATCTTTAACCCTTTACACTGTGGGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:195786-198475

GCAAACGGTGAGAAACTTGCAGATCGCAGTGGCTAATTCTTAATCTTTATATTTTAACAAGACTTCTAAACGTAAACCGCAGATTGCTGCATACATACAAGGATACACACACACAGACGGACACTAAACATCTACGTACATACATATACATATATACATAATGTTTAACGTGATTGGTGGGGGACGTTACCACATCTATCCTTGCCAAAGTTTATTTTGAGATCTTTGAAATAGGGGTTAGACTTAATCTTGTCTAAGGCTAAAATAGCATTACTGATGTTAGTATAATTGATGAAACAACAGTTCTTCTCAGGCAAGAAATTGATTTGTTCCACTTCCCCATATTGCTGAAAGATATGTCTTAAGTTGCTTTCGGTGAAGACACGTTCATCTCTTAGGGAATCGCCGACAAAATCAATATTACCCACATAAACATTTCTTGAGGCACCATTACTGACTGCCAAGGCGAGCGCATTTGGTAATGGGCCGGAGTGTTTACCCCAGCCGACTTTGCAACGTTTTTTCTGGACTGTGAATCCATACAAAGAACTCATTGCATAAAACTGCGCAGCAGCAGTAGGATCAATGAATGTTACAAAACAGACGTATCGATCGTTCAATAGTTTTATACTTTGTAATAAACCTCCACGAACTGCATTACATATTTCTTCAATTTTAACATCCTTAGGCAAGCTGCCCAGGTAAACAGTCCTGTTACCCAAGTTATTGGGGCCGCCCGCAGATGTAGCAATTGCAGCAGCAGCAGCAGACTGTTGTAACAAAGCGTTAGATATAAATTCACGATCAGAAAACTCTATCATATGTTCCATACCAGGTTGTACACCTAGAAATTGAGCCGCATTATGTTGTTGAGTTTTGGTAATAAATGCACATCTGTCCTTTCCATAAAATATTCTCTTATTTTGATAGTATGGATTTCTAATTGGCAGATTCGTAACCACTTTTATAGCATTTAAAATAGACGCAAAATGAATAAAGGCGATTCCCTTTTCCTTGATAATTTTTATACAGTCAATTTCACCATATTCTTCTAAATCAACCCTCAATTGCTCCTCAGATAAATGTGATTCTTCGCCTTCAATCGTCATACGGCCAATGTATACATTTCTTGTGGCACCGTCCGTAGAGATTCTAGCCGCTACAATAGGATCAATTCGAGTTGGTTTCCCCCACCCGATTTTGATATCCCTGTCACCGATGTTCAAGCGCTTTAAAATTGCGTCTGAATGGAACAATAGTGCAGCACTTTCATCTATAAACGAAACGAATGCACACATCTTTTCAGGTATGATTTTGACGTCTTCAACGACACCACTTCTGACATGATCCAATAACTCTTTAACGCTTAGGTTTGGTGGCACATTACCCAAATAAACAGTTCTACTTGGGGCCGATGTAAAATTCAAAGGATTATTGGCTTGTGCATTAACTGGTAAAGGCGCATTTGCGTTGGTTACTGCAGTTGCAGTTGCCATAATAGTGGGTGACATGCCATCAGATAACACATTTGGATTCTCATCATCAAAAGGAGAGACTTCATTTGATGACCTTTCATATTCATAATAACGATTGTTATTGTGGACAACTTCGTTATCAATTTCGAAATTTTGTTCCTGTGAAAACCGTTGCTGTTGTGAATCATTTCGCTGCTTTGTCTGGAATTGAGTTGGTTGCTGTTGAATACGCTGATAATCAAAAATTCCGTCATTCTCGTAAAAGAACGAATCATTAGGCTCTCGTGTAAAGTCGGATGGTAAAAGAGTAAAATTACCATTCATAGGATACACAGCATCGCCAAAGTTTTGAGGGCCACTCGCATAAGTTTCTTGGTAAGGGCCGGAAGAACTGGACTGTTGATACATTGCAAAGTCATCGGAAGAAGGAAAAGGAGGGAACATGTTATTATTGTTATTATTATTACTGATATTATTATTGTTATTGTTATTGTTATTGTTATTATTATTGTTATAAGAAACCACCATGTTTTAATGCAATTGAAGTAGTATGTGATGGTGAAGAAAAAAAAAAATACAACGATAGTTCTTTGTTTTTCTTTAGGAAATATCTGAATAGAAAAGGCTTCAACGACCAGAATTGAAAAAATAAAATAGTATTAGCAAAGAAAAATATGATATTTTTTTTCAAAAAAAAAAAGAGTGTCCTTGAGAATTGAAGTTGGAAACGGATATTAATTAGACAAAAAAAATGATGAAGAAAGATAAAGTGAAAAATATGAGGCTGGAATGGACAGTTGAACCAATTAAGGAGCCTAATTGGTAAAGCAGAACAGGTGAGTCAGAAGACTTAAAAAGGGGCAAATATCAAATAACGGAAGAACGAAGAAAATAGAAGAATACAATGTTCAAAAGAAATGAAGCGTATGTGTATCTAAAGGAAAGGTACAGAGACTATCAGTTCTAGAAATTGTAAATTGGTAAAATAAACAGAGAAAGGAAGCTTAAGGAGAGAATTCAGTGGGGAATGTGACTCTGTGAAAATAATGTATAAGAGTGGGCAACGGTGTTCTCGTAGATATAGCGCTGTGCTGAACCAAGTTTAGTTTTTTTTACTTTCCACCAAAGGCAAAGAAACTGATTAATTTATTGCTGTGACGAAGGGATGGAGTATGATTGCGGTTGTGACTGAATCTCTTTGTAGACTTTCGGACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:198945-202944

AAATTCTGTCTTCGCACTTATTCCAAATAGAAAGGGAATGAATCGTGGAACTATTGGCATTGGGATATAGCCTCGATCTACTCGCATATAACGGCTACGGTTCATAGTACAAATCTCAGAATTTTTCAGCAAGCGAAAGGATTTCAAAGAATGTTTTTACAGACTCTCCGCCTAACTATGCCAAGGATGTTTTTGCACATGAAACCGTCCCCCATAACGATAACAAGGGCCTGCACAGTGCCCAGCCTCCTATCTGTTGCAGCTCCGCAACCAGCTCTTGTTGCAGCTAACAGACCTTTGGTTTTTAACAGAGGTTTCAAGGTCAGAACATCTGTCAAAAAGTTCTGCAGTGATTGCTACTTGGTAAGAAGAAAGGGAAGAGTATACATTTATTGCAAGTCGAATAAAAAACACAAACAGCGTCAAGGCTGAAAGATGTAAATCTCTTCGCTGTTCTCCGTTCGGGTGTTTACAAAATATTCTCATTTTCTAAAATCTGTAAATAATACATATCTATAATATTCTTTTATGTATATGTTAATTTTTTGTATCATTTTTTCCAAATTGATAAACCAACACCTCCGATCAGTAACGTTTTCTCAGAATCAGCATCTTCATCATTGGAAATGATTTCTAATGATCCTGTATCCGCCACAGTGGTACGCTTTTTATCTACCAGTGAAAGCTTGCCTGCGGTAATTTCCCAAGCGCGTATTACTTGATCAACCGATGTGGTAATGACTTCTTTGCCACCATTAATCAACATACCGGACGTTATTGTCGAAGAAGCTGCTGCAGCGATAAAGTCACTTGTTTTTAACGTTACTTTATTCGAGTCATCTAATTTCAGGTTGCTTAACCCTAAACCATTATCATCACCCCCTGTCAAAATTGTGGCGGAAGTTCTTGTAGCATTAGCAACATAGTCTAGGGACTTGACACCAGATTGATGTACCGGCAACTGCGCTACAGGTGCGGGAAGATTTGAGATAGTAGCGTCCAGTTTGTGGTCAACCAAATCGCCAGAAATCGGATCAACGGAAAATGGTACGTACTCGGTTATATTATAAACCACTAAATGTCCATCAGTTGGTGAAATGACAACAAGGAGCTCTTCTTTCAGTGCAATAAATACGACGTTGAATAAACAGCACGTCTTATAACGACCTTGCATGATCAGGTCAAACTTATTCTGATTTTCCCTATAGTGCCAAATCTTTATTGTTGAATCTGAATAAACAGTAACTAATAAGAAGTCACCTGACTGTGATATAAATTTGACATCAAAATCCATGATCCTTAGATCAGAATTATTTGTGGATACAGGTAAAGCTTGTCGTATGGTCATATATGGTCGTTTATTATACTTATCGTTCAATTCCCATAAGAATAACTCCTCTCTAGCTGAAGATGATATCATTAGTTTGTGATTTATAAACTGACAACGTTGTAATCCAGACACATGCTTTCTTTGTGTCCAAAAATTCTGCACCTTCCCTGTTCTATTGTTAAAATATCCCAGCTTAATTGTAGTATCTTCAGATGCAGTACAGAATATATGCCCATCCTTAAAATTGTCATTCGTGTTGGTATTTGAAACAGGACAGATTGAAATATCTCTGATTTCCCTTCCGTGTACACCATTTTCTAAAGTTTCAGGCACAATGGAGTTGTAAATTTTCCTTAAATGAAATCGGGATGCCTTAATATACATTAATACGTGGCCATCAGTAATTTTTGCGAGATTCCACAGACGATGGGAACCACCACAAACTTCACTAGCTAGTTCATAACAGTTGGTTTCATTGTAGAGATAAAACAAGCTGGACTTGAACCCATAAGTAATGTATTCACCTTTTGAATTAAAGAAAGCGCCCTCCAAGAAACCTTTCATCATCTTATTAGAATGCAAGACCTTATAACTTAGTCGGTAGGGACCCTCTTCCAAACTGTTTTTCGTCAACTCAATAAATACATAATAGCCATCCCTATTTGTTACTGAGAAGACCGCAGAGTTGTCTTTATCTTCTACAAATTCGATTGAGGTTGTAGTGTCTCCGGGACTTAATCTCCTAATTATGAAGGGCTCCTCGCTCTCATCAAGTAAGTTGTAGATTACTAATGTACTAAAACGTGAGCCGACTAAAATATGATTTCGGAAGGAGGTCAAACATGAGGAAGAAAAATTTTCCGGCTTATTGAAACAGTGCTTGCTTTTAATTTTTAAGTTCTGAAGGCTTATTTCCAAACATACAAACTTCTCTCGAGGATTTGGGGATTGTAAAGTCAATAGGAAGGAGTCATCATCGTATTCTGTAACGAGACAGTTATTTGTCTTAGAAAGCTCATCTAAATGGAATTCTTCGGTCTCAATTATGTCAGCGCTATCTTTGCTAAATTTGATAAGAAGGATGTCACTTTTATTATTGGAAAAGACAGCGATATTTTGCGTTTGAATCCCATTTGTAATTGGATACGAGTTGAATTTTTCATTTGTTAGTAACAACTTCCATTGTTTCGTGACATCACTGTATTTAAGTATTTTACCCAATGAAGTGATAGCAATTACACCGAATGAAAACCATTGAAATCCCTTGATACTTTCATTCTTTTCGAAAATATCGCCACATTGCTTTGCGATATCATCTAGACTGAACGATGTTTCTTCATCGCCGTGTCTCTTCAGTTGAAGAAGATCAATCAGCTTTAACCTACCATCATTCCCGGAGGTTACAGCTATCATTTCGTCGTCTTTCACATCAACGCCCCATATACTCTTGATTAAATGTACTTCGTAAACGTTAGATATGGATAATTCGGCAACGTTTTCTCGTGATTCGATAATGTTCCATACACGGCATGTGCAATCTTCAGAAACACTTATTAGTTTTGAATCATTATCAAAAAACATTAAATTCCATATTCTTGCCGTATGGCTCCAGCCAACAGACAGCTGCTTGCCAGTTTCTAAATCCCACAGTCTAATTGATCTGTCGTCAGAGCAACTGGCAACATATCTTCCGTTGTTGCTTAAATTAACATAAAAGATAGAACCTTCATGACCCAGTAAGTTATGAATTTTTGTCTCCGAGAACAGGTCCCAAATGATAACACCGCCCATTACAGTACCAGCGTTAACATATACTTTATCCGGACCGAAAACTTTAATTATACCGGAATATAGAATAGATCTTTCTCCCCCAAGAGACTTCCTAAAAAGAACTTCACAATTTAAATCACAAATTAGCACTTTATTATAACATGTTAACAAATATATTTGCAAGTTGTCAAAGCTGAATGTAGCACCGGTAATCCAATCTGAGTTAATCCTTTCGAAATCCACCAATGACTCTTTCTTTAAAACGTCTTCAAGTTCCACTATTGTTACTGATCTTGCACCATAGGCCAAAATTTTCCCTTCACTAGAAAGGCTAAGTCCATGAACTTTATTGTAGTGAAATAGCCTACATTTGTTAATCAACGTAGCCGAATGATAGTCATAGACATGGATGAAAGGCCCATAACCAGCTAGAACATAATCATTGTAAAATTTAACACATAGCGCAGGACCATAATGAGACAAGTCCTTCATTTTAATCACTTATTCTTCTTCAATGAGCAACTTCAATTGGCGGGAATGAGAAGCTAAATAACGATGAGGTCCGCTAGCAGAAGTTTTTTCATGCTCATATTTTTCCACTTTTTTTTTCTTACATTTTTTTTTTCAGCAGCGTCGTTTTTTGTGAGACGCCGATGTGTATGCTAGGCTTAAATCTATCATTCAGACCCCAGTGTAAAACATAAGCGGTGAAAAGTACGTAGGGTAGTATACAACTCACCAAAGCACGACTACGTGAAAATGACCCTGAGAGTATCATCAATGTTATCGGCTGTATAAATAATACACCAGAACAAATTCCTCTTAAAGATGTAGGCAAGACCAGACTCAGTTTCTCTGAGCAGTACCTTCAATTTTCAATTTTTGATAGATGTTCGTCAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:203291-211951

TATGTAACTGGGTATTTACAGGGGTACAAAGTTCACAACAGAGACCATCAATAGTTTGTTTCCTTCGAAGTTTACTTTGCGTAACCTTACTAAAAGATAGCATAAACATATAGGAGTATAGAGAAGAGTAATGGAATCGACAGCAATAGTGCCTAAAGGCCCTGTTGTGGGTAGTGAAGATATGGAGAAAGCGGAAGTCATTGCTAGTGGGTCCACAGACATTATATCAACAACATCAACAGCGACAACAACGGCGGCGATTGGAAGTGTACAGGAAGAAAGTGTAAAACAAGAAGATGTTCCTATGGAAGGTGGAGAGGGGGAAGTCGAGGAAGAGGAAGGCGAAACTCGCTGTATCTGTGGAGAGCTCGATACTCCAGATGACTCCGGATTTTTCATTCAATGTGAGCAGTGCAGTTCCTGGCAGCACGGTTATTGTGTGAGTATTACTCAAGACAACGCACCTGATAAATATTGGTGCGAGCAATGCAGACCGGAGTTACATCAGCTCTTTACCACAGATACTGGCGAAGCAAGGTCAATCTATAAACCTGTGCAAGAGAAAAGGAGGCAATCAAGAAGGAAGGCACGAAGTGCAGCTGCAAGTAAATCTCATGCCGCCAATGAAGCAGAGAAAAGTCCCAGAAATACCAGCAATACCGATGATAACGTCGACGATATCGGCGACGAAGAAGATGAAGTAGAAGATGAAGCTTCGGCTGTAGCATTAGCCAAGGACGGCAACACGAGGTCAAGTAGAAGGAGGAGGAGGAATTCAATGGATGATGCTTCTACCGATCAGTATTCACTGGATCCTGGAGATAGTGATAAGAAGCTACTGGATAGAAAAAGGGCAACTTTCATGGCAAGAGAAGAAAAGCAATATCAAAGAATGCTTGAAAAAGCCTTGAAAGAAAGCAGGAGGACATCACATCAAGAAGATCCTGAAAGTTATGAAAATGATGCTGATATATACCAAGGTGATACCGACAATCACAACGGCACCACTCGATTACAAACGGATGTTATGCTAACGGAAGGCAAACCGGACTCGGTAACAAATGATGATATGAAAGAAAGCCTACGACCATCGAAAGAGCAATCAATGGAAAAAACAAATGATGTGGAAAAAGAAGCTAGTCAAGAAAAGGAATCTTCTACGGGTTCGGCGCAAGACACTGAGAAAACTGATGAACCCATCCTACCCCTAACCTCAATATCTTCTTCTGAGGATGATTCAAGGAAAGCTAGTTCGAGGGGTTCTAAAAGAGTTTCCAAACCAGCAAGAAAGGGCAACAGAACTCGTCGAAGCAATACAAGTTCAGACACCAACCAAAATAGAAGGAGTGCTGATATAGGTACCGACAAACCAGTAAAGCCCAGATTACCCCCTCAAAGGACCTCATTAAACGAAATGAGAAGAAGGGTATCCGCTATTTTGGAGTTCATTTCTAGAACTCAATGGGAATTGAGTGAAGATCAGTCTGATCGAGAGGAATTTGTACGATTCGTGGAAAACCAGCATTTCGTAGAAAAAGTTGATACGATTTACAACGGTTATAATGAAAGTCTATCAATGATGGACGACCTGACTAGAGAGTTACTACTATGGGAGAAAAAATATTCAAATAACACTAATGCCATTCAATAAACGCAAAACACTGCAATATTATTCTCAACCAAAGTATAACTGTAATGAGGCGAACAAACACATCTATACATATATATACATCTATATGGATATAAAAACGACTAATTCAACGTTGTTTTTATCAACCGAGCTTACTCTTGTACGGGTAACCGCAAGGATAGCTAGTTGCGGATGGTATAGCGATTTGGCTGGCACGATGATTAAGGAATCCAAACATCTAATGGACTAGCACATTCTATCGATTTACGGGTCAGGTAAACATAGATATTGGGATATATCATATATCCTTACTGAGTAACTATAATTATGGTTCATCGAGGAAGGACTTTGAAGTCAGACACTGATGTAACATCTCTTAATGCGTCAACAGTATCACACCAGTCAAAGCCATTTAGACAGTTTTCGACTAGGTCGAGAGCAAAGAGTAACGCAAGCTTCAAAGGTTTGCGTAGAGTTTTAACACATGATGGCACCCTGGATAATGATTATTTTAATAAGCACAACGTTTCTCAGAAATGCAAGAGTTCTGATGCACTTTTCAGAAAGCGAACGATTAGTGGGTTGAATATGACAGCTTTAACAAGAGTAAAGTCCAATCAAGGAAAAAGATCAGCATCCTTTCATAGTCCGGTGCATAATACGCTGCTCAGTCCAAAGAACAGCAGTCATTCTAATACTGGAACTGCTGGTTTCGGCCTGAAACCACGAAGAAGTAAAAGTACCCAATCTGTTCTGAGTCTTCGAGATGCGCAAGAATCTAAAAAGAGTGAATCTACTACTGACGAGGAGGTGGAATGTTTTTCGGAAGACAACATTGAAGATGGAAAGGTGAATAATGATAAAGTAATAGCCGAGCATGTTATGCCTGAAGAAAAAAAGAATGTGCAGCAATTAAATCAGAATGAATTACAATCCCCGGATTCAATAGATGAACAAGAAGAAGATAAATCAGGTACTGATGGAAAGGAAAATCATAGAGCTGTATCCTTACCATTACCTCATTTATCTTCCAATAACTATTTCGGAGAATCAAGCCATTCTATAGAACATCAGAAAGATGGAGAAACATCTCCAAGCTCAATTGAAACAAAACTGAATGCAACAAGTGTAATCAATGAAGAGGGGCAATCAAAGGTGACGAAGGAAGCTGATATTGATGACTTGTCCAGCCATTCTCAAAATTTGAGGGCCTCATTGGTTAAAGCGGGCGATAATATATCAGAAGCACCATATGATAAAGAAAAAAAAATTCTTGATGTTGGTAATACCTTAGCTGCACATAAAAGTAATCAAAAACCAAGTCATTCAGATGAACAGTTTGATCAGGAAGATCACATTGATGCCCCTAGGAGTAATTCATCAAGAAAAAGCGACTCGAGCTTTATGTCTCTTAGGAGACAAAGTTCTAAACAACACAAATTATTAAACGAAGAAGAAGATCTAATCAAGCCTGATGATATTTCTTCCGCTGGTACCAAGGATATTGAAGGGCATAGCTTACTGGAAAATTATGCGCCTAATATGATTCTCTCCCAGTCGACTGGAGTTGAACGTAGATTTGAAAATTCATCATCCATCCAAAATTCGCTTGGGAATGAAATTCATGACTCGGGTGAGCATATGGCTTCAGGTGATACTTTTAATGAACTGGATGATGGCAAATTGCGCAAGAGCAAGAAAAATGGTGGAAGATCTCAACTTGGCCAAAATATACCGAACTCTCAGTCTACTTTCCCCACCATTGCTAACATCGGTAGTAAAGATAATAATGTACCACAGCACAACTTTTCGACCTCCATATCGAGTTTAACCAATAATTTGAGGAGAGCTGCTCCTGAAAGCTTCCATGGTTCAAGAATGAATAATATTTTTCACAAGAAAGGTAATCAGAATCTACTTCTGAGATCCAACGATCTCAACAAAAATTCTGCAGCCCCGGCCTCTCCATTGTCCAACGAACATATTACATCTAGTACGAACTCCGGTAGCGATGCAAACAGACAATCCAACTCAGGTGCCAAATTTAATAGCTTCGCCCAGTTCCTTAAATCAGATGGGATTGATGCAGAATCAAGAACACAAAGAAAATTATGGTTGCAGAGGGAGAATTCTATTATGGACTTAAGTTCACAAAATGACGGTAGTGACTCTATCTTTATGGCAGGAAACATTGATGCGAAAAGGGAGTTTGAGAGAATATCCCATGAATACTCTAATGTAAAAAGATTTTACAACCCATTAGATGAAGCATTGTTGAGAGTACAACCTATAATAACGGGAAATGCAAATAATATCAGGAAAAAAAGCCATAACGATGCTCAGTCAATCGCACATTCTAGCAGTGATACAGATCATAAGGATGAGGACGATTTGCTCTTTACTAACTATGACAAAAAATTTGATGATCTTTATCCACATCTTGCAAGTGCAAAGATTCAGGCAGTGTTGTCCGGTATATGGAAAAGCGAAAGTTACTTATTTAACAAGGATGTTAATCCAATCAACAAGAATAGGACAACGAGTACAAACCACAGCGTTGGCCACACTGCTTCACAGAATGCACGTAACTTGCTGAGGGGCCCGATGGGTTCCAGCACGACTTTGCACCACCAACGCGTCATTAACTCTCTGCAGCCGACTACGAGGGCAGTGAATCGCAGGATGGAAAATGTGGGCTACATGCATACACAGCCACAACAAAGGTGAAAACAACCAACACGAAGCACACAGTTTAAAAGAGTAGCTAATGCTTTCGAGGTAAAACGCGAAGTTCGTAGAGAGCGAATATGTTTGGACACTTAAGGAACATACTATGTTTATGCACTATAAAAGGACATGTACTTCTATACGAGCTAACGAGGCGTATTTGTATAACCCGGTTAACGTAATAAATGATAAATTATCGAACAAAAAGAAAGAAAAACGTTGAATGCAACCACCGCAAATTTAGCGATTTCGCTGGATTCCGTATCTCTTAAAAAATGGCATTAGTAAATATACCTTAAACGTGTCTATTCTTTTAGCAATTTTTTGGTAAGTATTCCTCACGGACTATAAATACTATCGGTCAGAATCACTACATTCAAATTAATCTTGTTTTACCGAGTCTCTGACGTTTCATTTACAAGCTTGTCCTTACAAAAAACCTATTTTATTACTTTAGTCCATTTTCCTTTCAAGTTAGATATTGTTTTCCCTTCACTTATATTCTATTTATGAGAAGAAGCCCGTCCAGATCAAATAATAACTTTGCAGTACCGAATTGCTCAACTAATTCAAACTCTAGTCAGCAACAATTAACTACACCTTCAGATGATCTCAACAGTAACGAACCTAATGACCCAGATGATAGTAGGTCTCTACCTACTATCAAGAAATTCAATAATAAACATTCTATAAACAATTACAACACTTTAGCATCGGCCGGGAAAAACAACAACAATAAACGAGCTAGCAATGATAATTTGCTCATTCCTGGTGAGAATGCCCATAAACAGAAAATATACACTAAGGATGAAAACTTGAAGAGCTTGTACCTAGATATCGATGTTTCTGTCGCTAAAGCCCTATCCTCATCAGCAACTGCTCCGAAGCTGATCAATACCGCAAGAACTTCCTCTACTACCACTGCCACTACCTCAAATAATATCCTGACATCACCCTCTTATCGTGAATCAAATTATTCTTCTCCATCCTCATATTCTTTTTCCTCCTACTACTCATCCGCTACGTCTGCTTCCTCATCAACCTCATCATTTTTAAAATCTTCAGGGTTATCGTCCAGAGTTAAGTCTCCTTCATCTTCGGTTAAGGCAGGTTCTTTTGGTGCGCCTTCGTCCCCAACATCTGGGATACCTAATCCTAAAAGTAGCAAGAAGCCTATATTTTTGAGACGGTATTCTCATGATACCTCTTCAAATGAAGGTCTTGATATCGATGTTGCGATCGAAAAATTACTACAAGTGGGTGAGTCAAGAGAAATTACAAAAACGTCCAAAAAAAAGAACTTTCCATTCCATTCTTGGGAAATTCAACTCATTTGCTATCATGCAAGAGAAATTTTTTTGAATCAACCTACTCTTTTGAGATTACAAGCGCCTATCAAAGTTGTCGGTGATGTTCATGGACAATTTAATGATTTATTGAGAATTTTGAAGTTGTCTGGTGTGCCATCTGATACTAATTATCTGTTCTTGGGTGATTATGTGGACCGTGGTAAGAACTCATTGGAAACAATACTATTGTTATTATGTTACAAAATAAAGTACAAAGACAACTTTTTTATGTTAAGGGGTAATCACGAATCTGCTAATGTCACAAAGATGTACGGTTTCTATGATGAATGCAAAAGGCGATTGAGCTCGAAAGTATGGAAAATGTTCGTTGACGTATTTAATACTTTGCCATTAGCAGCAATTATTCAAGATAAGATCTTTTGCGTTCATGGAGGTATATCGCCCGATTTACATGACATGAAGCAAATCGAAAAAGTCGCAAGACCAACGGATATTCCTGAAAGCGGGCTGGTTACAGACTTACTGTGGAGTGACCCAGACCCTCAAGTAACTGATTGGTCAGAAAATGATCGTGGTGTTTCATACACATTTTCTAAGAGGAACGTTCTTGATTTTTGTGCTAAGTTTAAATTCGATTTAATACTTAGGGGACATATGGTCGTAGAAGATGGTTATGAATTCTTTGCCAGGAAAAAGTTTGTCACAATCTTTTCAGCACCAAATTATTGTGGAGAATTTCATAATTGGGGGGCAGTAATGAGCGTTACAACGGGTATGATGTGTAGCTTTGAACTGTTAAAGCCGCGTGCATTGAAAAATAAAAAGAAGTTATACAAAACCAAAGTGTAGCTGTTGCTAAGATTGGTTTTGCCTGGAAAGCACATTGGTTTTTAGGCCTCTTATCCTTCATTTGGAAACTTTTTGTCCTATGATTTGTTTTTTTCATTTTATTTTTCATTTTATTTTTCATTTTATTTTCATTTAGTTAACATTATTATGCAGTTATTTTTTTTTTTCCCACCTTCATGGCCTCGTTTATGTCTTTTATCAATATATTTTTTACGTTTATAAGTCATTTACTCGACTTTTTTTACCTTTGATATGCAATCATATTATTCTTCCCTCCATTATGGCTAAATAAATGATAATTATAATCTATAGTTTTCAAGCGTTCATATTTTGACAGATAAGATTATGCAACAACTTGGAAGGGCGGAAGGAAGCAAAAAGAAAACTCCGATACGGGGAGTCGAACCCCGGTCTCCACGGTGAAAGCGTGATGTGATAGCCGTTACACTATATCGGACAATAATTGGACAGAAAATTTTGTTAAAGTGTCAGCCTAATCGGCGTAATACGTATATATGTATATTATCTGCATATTATTACGATAATATACAACAAAACGGATTAAAACAATCGGTATATTTCAATTTGATATTTGGGATAAGGTAAAATAAAAACCGAAGATCAGTAAGCTCTTGTTACTTTTTTGTTGGAATAGAGGATCAAGAAGCATTTATTGCTAGTATCCAAATTATTAGTATATCATCATGTTTTCAAAAAAAAATGATGTAAAAATTGAGAAACAGTCACCAGTCATCATGAAAAGTGCACTGCAAGGATTAATAACGTAATAAAACAAGAACGACAGTACATAAACGAAAGAAGAGATAACTATATTATTGTATAGAATTATCGATTCTCTTTTAGAATTCTTTTATTCTCCAGGAAAACTACTTGTACATTCTGTTTAGCTAATATTGTAGCCTTTAACCACAATAAAATGCACTCCAAGTATAACCCAAAATTCATTGTTTTCAAATTTATATTAATGAGATATTGGTAACCTAAACATCAAAAATATTTTTACTCAAATTCTCTTTTCTGAAAACGCTGAAGGAAATGTGCAGGAAAAATGTTTGGCCATCAACTTTTATTCCTAGTACCACAACTAACGTCACATTCTATCGAGGCAAATGCTAATTGGCAACTAACACTATCTTAACGGTTTGATAATGTCAACACAAAATTCACCTATTATTACAAACGAATCTACCGGAAGTTGAAATGCCTGACAATAATCATACAATTGCATGAATAATTGCGAACAGATGGCAGCAAAGGATGAACTAATCATAATTATACATTGCCGCTGTAGGTTTCCTCCCATAAAAATCCAAATTTCCAAGAAAAAGTTCTTGTGTCTTCATACACTTAATATTGTTATCCTTCTTCAAGACCGGACTATATAAAGAAAAAATTTTGTAATGCTATTATATTTCAACTTCAAATTATTTTCTACTAGTAGACATAATGGAACTTCGCTCTCAGATAATCTATGGCGATAGATGGACAATTGACAATCTTCTGAAAGAATTTATATAATAAGATGTGACCATGACCTAAACCTGCTCACGCTCATGAAAGGATACAGGTAATTTGGCGAAACATTCCCAAGCTTCGCTGATAGACCTATCCCAGAAAGTGTCTGTTTAAAACTACAAGTATTTGCAGTTTTCGTTATCCAGTTTCGTTCAAGAGCATTAATGCACAAGCCACTTATATTATATAAATTTAAACTTTGGGAAAATATCATACACCTATTGTACCAGTAAATGTTGGAATAAAAATCAACTATCATCTACTAACTAGTATTTACGTTACTAGTATATTATCATATACGGTGTTAGAAGATGACACAAATGATGAGAAATAGTCATCTAAATTAGTGGAAGCTGAAACGCAAGGATTGATAATGTAATAGGATCAATGAATATTAACATATAAAATGATGATAATAATATTTATAGAATTGTGTAGAATTGCAGATTCCCTTTCATGGATTCCTAAATCCTTGAGGAGAACTTCTAGTATATCTATATACCTAATATTATAGCCTTAATCACAATGGAATCCCAACAATTACATCAAAATCCACATTGTCTACAGTAAAAGTATACCACTAATAGATTTGTAATTGGTGTATGAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:212082-214117

CAGCTTTTAAAGTCCCGAAAGGACTAATATCGAATAAAAGTTGCATCCATTAATATACCAATAAATAAAGGGAAAGATGTCCCTGGAAGAATTTGACGAAGTTAAATATGATCATTCAACTAAACGCCTAGATACACCATCAAGGTACCTGCTGCGCAAGGCTAGAAGAAACCCTAACGGGCTACAAGAACTGCGTGAGTCGATGAAGTCATCCACAATTTATGTAGGAAATCTTTCCTTTTATACATCAGAAGAACAAATTTACGAATTATTCAGTAAATGTGGCACAATAAAAAGAATAATTATGGGTTTGGACCGTTTTAAGTTCACGCCATGTGGCTTCTGTTTTATTATATATAGTTGTCCAGATGAAGCATTGAATGCCTTAAAATATTTGTCCGATACAAAGTTAGACGAAAAGACAATTACCATTGATCTAGATCCTGGTTTTGAAGATGGAAGACAGTTTGGTCGTGGTAAGAGCGGTGGTCAAGTCAGCGATGAATTGAGGTTCGATTTTGATGCATCCAGAGGTGGCTTCGCCATTCCATTTGCAGAGCGTGTCGGCGTACCACATTCCAGATTTGATAACAGTAGCTCACAATCTAATACGAATAATTATATCCCTCCTCCTGATGCAATGGGTACTTTCAGACCAGGTTTCGATGAAGAAAGAGAAGATGATAACTACGTACCTCAGTAGAATCAATCAATTTATATCTGAGAAAGATTCTACACACAGATATATATATATATATATATATTATTGTATATATACATACCTACATTATTTTTAAAGGCTTGCATGATGCTGTTATGTAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAGTGTAACATAATAGACGTAACACGTTCAATGACATGATAATACTATATATAGTAACGATAAAATGTAAATGGTAATAGATATAATTATATGAATATTTAAGTAATGCATTGATAAGTGATCAATTCATATCAGGGTTGGATAGCTTTTTCAATTCTTCCAGCCTATCAATTAGTTTTTTACGGCGTGTAACGGGGGCATGAGCAAATCTCTTGGATAATTCATAATCCGTGGAGCAGGTTGACGTAGCATCGTACATAGTATTATTTGTGGCAGATAATGTGTTATGATATGCTGAGACGTTTTGAACTCGTTCCACTGGGGTATTATTCGCGTTGTCATTAGGAATTGAGTTTACCAGGGTATAGTAATCACTAAATATTTTGCGTCTTCTCACATTTATGAACCAATTAGAAAGTTGAATCTTGGTTAGCCCAGTTTTGATTAACAACTCCCTCTTTTCTTGTTGAGTTGGGTAGGGGTTATTCAGGTGGTTCAGCAACCAAGTATTCAGTATCTGCACTGTTTCCTTTGGCAGGTTAGACCTCCTGCCCGAATTTTGCTTCCTCCTTGATTTAGATTCTACAAAATCCGAAAATGGCCTGTTGTATTGTGCCCCCGCATCCTTTTCCTTATTGATTATTTCATATATTGGGGCGGATTTGTAGCAGGGCTTTGCATCATCGGACGCCGATTTTGACTTCTTTGAACTGCCATATTGAGATTGTGTATCCATAGCACTGCTACTCGTCTTGGACGTTTCAACTGTAGAAGCAGTAGGAGTAGCAGTAGTACTAGTACCGCCAGAATTAATTGCGGGATACGCAATCGAATGATGCTGTGGAAGTAACACAGGCGCAGGATAGTTTTGTTCCTCGGTACTAGACCGAAGGTTCCCATGCGAGTATTCTATGTTCGAAAATGCCAACTCGGGCATACTCCGTTTTTCTATGGAGTTAAATAGAACTTGGATAGGGGGTAGACTGACTTGATTGTCAACATTCTTACTGTTCCTGTTTTGTATTTCGCAGTTATAATTCATCTTCGAATGTAACTATTCTCGAAGGTTGTTAGCATAAAAGTAGGGGCTCGGCAAGTAGCGATCAGTAGCACTGGATAGGCGTGGTATCGCTTGAAAACAAGGGTGGGAAGATCAACTAAAAAATTGTATTAGTATATATCTTGACCAATTTAACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:215318-215666

CATATCTCTGCAGATGAAAAGGCCTGTTCTATAAAAAAAAAATCACTGTTAAAGTTCAGACAGAAGCTTATTTCAAGGAAAGCACTGTGATTGATTTATTCACTATCGAGTTTCTACAGGTGTTGAAGTTCATATATTTGCACGTGCTCGTAGCTCTTTTCTTCCTTTTTGAGACATAAAAATATGGAATATCTTGGCACCCGTTACAAGCCGTCTCTAAAAATATACATGGCGTACATAATAATCTCCAGCTGATTCAAATATCCCGCGCTTTTCCCGTGGTAAATACTGTGTGTCCTATTAGGCTTTCTCTTGGCATTTCACTTCTTAACCTCTAAGGTATTCAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:215866-218416

ACTTTAAATGCATGGGCTCCTAATCTTAGAATTAAACGTATTTAGTCTTCCTAGGCAAGAAATCTACAAGTCATAGGAGTATATGTTGTGTATACTATAGTTGATTGCCTGCATAAATCGATGTGTAATTTTCTTTCAACCGATAACTAAAATTCGTTCGTGTTTATTCCATGAAGGTTTTTATTCTCAAGAAAATAGCGTGCTGTATTTTGTAAAATTGTGCCGAGTGTGTTAGCTTGAACCTGCACAGAGCTCCAGTCCTTGATTGCAATAGTGTCCCTGATTTCAGGGAACGTCCATGAACGAAGTGGGTCACCTTTGTCGACCCAGAGTTTTGGCCCGAAGATAACGTTCTTGTAAAAGGTTCTATCCATTAACCCTTCCTCCAAACATTGGGTAACGCCTATTAGGGAAAGTAGGTAGTTCCATGACCAACGATTAATGGCAATGATAGTGGGTTCTATATATGTACCGGCTCCATACATAAGCTCTGTCCATTCGCTTTTCCATTTTTCGAACTGCAGTTTAGTGTTTTCCCACAATGTTGTGCCCAAAAAGACTTCGTCAAAGTTTACCGTATCAGGACATTCTTTTTGGAGGTCTTTTAACGTAGTTGAAAGGAAATCTACGTAGTTCGATATGCTGAATGGGATGAATGGATCGTCAATGAGCTCGAGTGATTTTTCGACAAGATATAGCATTATCTCAGAAAGTACCTCTCCCTTCTTTTTGTCTCTTAGTTTATCTTTGATGAAATCGAATTTGTCTTCTACTGTGTAGATCGGATGTTCTCTATTCATGACTCCTGGAGATGAAATGATCGCAACTGGAATCCCTTGCGCTAGATACGGCGTCCAGTCGCCGAACTGGTGAACATTATCCACTTTAACGTTAAATTTACGGCTTGTCATGTTTTTTTGAAAAAGATCTACTAGTAGCGGATGACATTGTATCTCTAAATTGTTACTATCATCCCATATACCGATTTGGCCGACGTCGATAATGGTGTATATTTCACTCTTCAATGCCTCTGTTCTCTTTTCCATCAGCTCCGTGGCTCCCGCTTCATTAAATTCAGAGCCCCCAAAGGAAATGAAATATATATTTCTTAGAGGCTTCCAGTCAAATTTGTAAACCATTTCTTGATATAATTGGATCAGAGACAGCAAAACGACGGTTCCAAAAGAAGGATACATAGTGCCATAACTAGCAGAGTTCCTCGGTGCAGCAATAACAATTGCCCTGCCCGCTTGTTCCGATCCTTCAATTTTACCAACTATATCGTGAACCGGGTGGCGTTCCCTAATTGCTGTTTGCACTAGTAGGTCAAGTCGACAATCGTTAAGCGACCCACTGAATAAATTATTAGAAAACTTTACGCCAGTGTCTGATAATATAGCTAGTATTTTATCTCCTTGATTGGCAGATATCGGTATGGATGGAATTTTGGGTAGGCACTTGGCTTCCGTAGCATCGATAGGATCTCTTATTGATCCTTCCCATTCAGGCGTAAGTGCATCACCAGTACCATACTGCGGCAACGCAACTGACTTCATTTGTATCACGTCTTTGTTGTCTTGATAAGGCTCAGAAATAAAGATAATTGCTTTCGCACCATATTCTTGAGCAGTCAACATTTGTTGGAAAACATAATCTCCGTAATGCACTAGTAAAATAAAGTCACCGTTTAAAAGCCCTTGATCTTGCATAGAAGCCATATCGTCCAACGATGCTTTATTAGCATAAATCACCGGTATGTTGTTCAATTGACCATTATGGCTCATTGGGTTAAAGTTCTCCTCATTTAAGGGAATATCAAACCCTTCTGTATCATCCTTTGAATATACACGAAGTGAGACATTTCCTGGGTAATTCGAATACGCCATGAACTCCTCTTCCCCAGCTAGCCTTATACCATTTTTGTCGAACGACTCTTTAATATAATGTCTAATAGCGGCATCACCACTTGTTCCTGACATGTGGGGCATACTACTAATATACTCTAAATCTCTTTCTATCTTTGAAAGGTCTATCGATTTCCGAGCATACTGTAAAAGGAGATCATGGTCCGAGAATGATCCATTTGAACCTCGAGCTTTTCCATTCGGTAACCTATCACTCGCAATAATCAACGCTGCAATGATAGACATCATCATGATGTAAAATATTCTCCTCATTACCATAACATTACCTATTTTACTTAAGAACAAATCGAATTTCTCAGAGGCCAGGGAAATCATTTGTGCTAGCGGATCCACTACATTTTTCTTTACTGGAATCACCACGTTATTTTCAAAACACATACGAAATCGCTGGACTTTCTCACTAAAGGCTTCCGGAGCCTGCGGTTCTTCCATCCCCATCTCTTCCACATATACCGGGGGTTCTGATGGCATTCCTATAGCTTGCTCAAAGTCCTGCGAGTTTAGCTCATCTTGTGAGTTATTTGCTGGTTCTTCAACATTCGGAAGAGTAGTGTAGCCCCTAGTATTCACCATATCCTTTGTATACTCATATGCGAACTTGTCTAATACAATGTATACCAAAAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:218544-222944

CCAGTAATAGCCTCAAAAAACTTATGCAAAAATACGAGATACTATAAACTACAGCTTAGCTAACTCTAACATTATTATATAAAACAATGGGCTTCAATATAGCGTATGTCTAGCTCACAGCATGTGTTCCAAATACATTAAAGAAGATCTCTTTTGTTGTTGATACTAACCAGTAAAGTTGAGAGTTATAACAATGAAAATAGGATGCTGTGCGACTTTTTTTATCCACAGTTAGGTGGAGTCGAATTCCATATATATCATTTATCGCAGAAACTAATCGATTTGGGCCATTCTGTCGTCATTATAACTCACGCTTACAAAGATCGAGTCGGCGTACGACATCTTACCAACGGTCTAAAGGTCTATCACGTACCATTTTTTGTGATTTTCAGAGAAACCACTTTCCCCACTGTTTTTTCAACATTTCCAATAATAAGGAATATTCTTCTCAGAGAGCAGATCCAAATTGTTCATTCTCATGGTAGCGCTTCCACGTTCGCTCACGAGGGAATTCTTCATGCTAATACTATGGGATTGAGAACTGTGTTCACGGACCATTCACTCTACGGTTTTAATAACTTAACGTCGATTTGGGTGAATAAGTTGCTAACATTTACCTTGACAAACATAGATCGGGTTATATGTGTTTCTAATACATGCAAAGAAAATATGATTGTTAGAACAGAATTAAGTCCTGATATAATCTCAGTAATTCCCAACGCAGTGGTGAGCGAAGATTTCAAACCAAGGGATCCTACTGGTGGCACCAAGAGAAAACAAAGTAGGGATAAGATAGTGATCGTGGTCATCGGAAGGCTCTTTCCAAACAAAGGGTCCGATTTACTTACTCGCATAATTCCGAAAGTTTGTTCCTCACATGAAGATGTCGAATTTATAGTAGCGGGCGATGGTCCAAAGTTCATAGATTTTCAACAAATGATTGAAAGTCATAGACTACAAAAACGTGTGCAACTCTTAGGCTCTGTTCCACATGAGAAAGTCAGGGATGTATTATGTCAAGGTGACATATATTTACACGCTAGTTTAACAGAAGCATTTGGTACAATTCTAGTTGAGGCCGCATCTTGTAATTTGCTAATTGTAACGACACAAGTCGGAGGAATTCCCGAAGTGTTACCAAATGAGATGACTGTTTATGCAGAACAGACATCCGTTTCTGACCTTGTTCAAGCAACAAATAAAGCTATCAATATCATAAGAAGTAAAGCTTTGGACACTTCCTCTTTTCATGATAGCGTGTCTAAAATGTACGACTGGATGGACGTAGCCAAAAGGACAGTAGAGATATATACTAATATATCTTCTACTTCTTCCGCTGATGATAAAGATTGGATGAAAATGGTAGCAAATCTTTACAAAAGAGATGGAATCTGGGCTAAACATCTTTATCTGTTATGTGGAATTGTAGAGTACATGCTTTTTTTCCTCTTAGAGTGGCTATACCCCAGGGATGAAATCGATCTAGCTCCAAAATGGCCCAAGAAAACAGTGTCTAACGAGACGAAGGAAGCAAGAGAAACTTAAACTTTACACAAAACAAAGGAATGTTGTATCCATTTATTTACTGTATTTGAATGTTATAGACCTGCTAGAATCACTCAGTCATTTGTAATATGTAACAACATTTTGAGATTTGAGTCGTATATTTTTCCTCTTGCGCTTTAAATACGAAATGTAAGAATGATCTCTTTCATGCCAGAGTTCATCTTCTGCCAAAGGTTGATCAAGCTTTAAATCTAAAATCCGTGAGGTACTCACGAAGTTGAACATTTCTATCCCCAAGGTGTCCAAACTGTGGTTGATATGTTCTTTGAATGGTTGCTTATTTTCCACAGCTGGAAGCTCGTCTAACCAGCTGAAATCGATGCTCACTCGTTTCTGCTCTTTTATTTGTCGTCTTATGGTTTCTCTCAATTCCATGATTTCCGAAACTAAATTTACTCTATCTACTTTCTCTCTGTCTAAATAAATTTTGTTCAACGTATTATTATCCTTTATTTGATATAGTTTGAGCTCCATATTCTTCAAACGGTTTACTAGGTTGAAATTTTCTTCTTTCAGCTTGTTAAGAATTTCTGTTTTGCCACAATTTTCCTCATTTTTGTTATTTAACTCTACTTTGAGTGTTTTGATATTCTCTTCAAGGGTTTTCCTCTCTAAATCCCTCCCAATAATAATTTTAATTTTTGTTTCCAATTCAGTTAGCATATTTTCCTTTTGGACCAGTACTTCTTTGAGTCGAATGTTCTCTTCATTCAAGCGATCGCTTAATAACGAGTTTGAAAAATTGCCCTCCTTAATATTACATTGACTTTCTGAATCACTTGTTTGTTGACTGGGTTGCTCAGGAAATATAGTTATGTTTTCTAAGAGACTTTCTATTCCTTGAAAAAATACCTCTAGTTTTTTCAAAGAAGAAATACGTTTGTAATCTTGTCGCAAAAACAGTGCATCTGAAAAAAGTATCGTTAAGATAGAGGACAGGGTTATATCACAGGAAGGATATAAAAATAACCTATTGTCTTGTTTCGAAATTTCTTCCTTTCCGATAAGTTTATCTATTCTGGCAATAAGTGAAAGTGATCTCTCGTAAAGGGAACCAATAAGACATAGGGTATCATTGTCATTGAAATTGCTGTTCGTTCTAAGAAAAGCCAACAGCTTCGGAACAGTTGTTTCCAATATCGGATGAAGTATTTTTAGTATCAAGGTCACATCCTTATCTAGAAACTTATTATCTTCTAAAAACTGACAAATGGAAAAGGCGGTTTCCTGTTTAGAAGAAAACTTCCTTTGCAAAAACTCGCTTAGCCACATCGAAATCGGAGCAATATTTACTTTGAAACATTGTAATGTCGTTTCCAGGTGATCGGGAGTATTCTTTATGGTGTAAATATGAAGCGCATAACTGATAGAGCTCAACACTTTTAGAATTATATGGATTTCAATATTCTCCAACTTTCCAAAATTTTCACTTTCGATTACTTCGGCTAAATATTGCAATTGAGAGGAAAGAGCCGCCAAATGTGGTTGTGCAAATGGCTCATATATTTGGTAAAATTTCTTTAGCAATTTATTTTGATATAATTCCTCCTGTAAAGTGTTCACTTTTAGTTCAAGACTTTGAAATTTGTGAGATGTTTTGGCTTCAATAGATTCCAATGTTGCTTTTAATCTTGAATTTTCTTCGATATATGTGCCTGCTATCTCCTTTTCATTTTCCAATGCAGATTGCAAATTACTTAATTGCAGTCTCAGTTCTTGCTCGAGTTGCTCATAGGTAATTCTTAAATTTTCATCCAATTTTTCTTTTGCCTGTAGTTCCTCCAACTCATTGTTTAAAGCCTTTATATTACTTGTGAGTAGGATATTATCATTAGTCAATTTATCAACAATATTAGATGATTTACTTTGAGCTTCAATCTGCAAGGCAAGGTCGCCGATTGTATTATTAGTCTGTTGCAATTGCAGACCTAAATCCGATATTTTTTTAGATAATACTGCATTTTCTTCTAATAACTGAGTATTCTCCTCGAGCAGGTCCTCTTGCACCTTCATAGCTTTATCATATGACAACTTTGTTTGGTCGAGTAGTCCCTGAAGAAGATGGCTCCTTTCTAACAGTGTGCCTTTGTCGAGATCCGGTGCCATTACACTATCTGAAGCATCTAATAGGTGATTGAAATTATCCAAATGAGTTTTCATATTACCATTTTCCACTTTCAGTTCTTTGACTAGTTTATCCAATCTTGAGATTTTAGACAATAGAACAGTTTCATTAGTACTCAGCTTTTCAACGGAAGTTTTCAGCTCATGATTTTCTATTTTAATTTTATTTAATTTGGACGCCAATGATTCACATTTTACTTGTAGATTCTTAATTGTTTCTTGCGCTGCATTACCATTTAGCAAACTATGCTCATCGTCATCTGGTTTATAAAACTGCAACGTATCTTTCTTGCAGAAAAGACCATAATAACCACCATTTGAATTAGCTTTCTTCAGGTCGATATCAAAGTAACGAATACCGTTAGCGCTTCCATCATTCTTTCCTAACGGTTTATCTAGTTCAATGCCGTACCATATGCCTTTTGCAAATTGAGTTTCCCCAATGAATTTCACCCGCCCCTTCATCTCGTTGACTAGAACTGTGTCCTGTAAGCTTATCTTCTGCATATTTGTGTCAACTTGAACACCTGCATTGCGCATTTGTCCAAGGCTGTACTGCGAGGTTGATGGAGATCGAATCTAGAATAGTATTATGTACTTTGCAAAAGTAAAGTACAACATAAAGTCTAGCAGCATATGAGTAACTCTCTACAGTTACGCCAACAATCTCAGTGTGGAGGTTAGAGTAAAAAGAAAGCACCTTACAACTGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:223057-225901

CTGCTCTTTAACAGCTACTTAAGGATTACCTGATAAGAGTAATCCACCGTAAAGAACATTATCAGCAACAAAATTTGTAATCCATCATGTCTGGAAGCTATCAACATTTATCAAACGTTGGATCGCGTGTTATGAAAAGATTGGGGAATCGACCCAAAAACTTTCTTCCTCATAGTGAAAAGTTCATTAAAAAATCTACGCCTGAGTTCATGAAGTCAGATTTAAAGGAAGTAGATGAGAAAACTAGTTTCAAGAGTGAAAAAGAATGGAAGTTTATACCTGGCGACAGAGTAGTAGTAATGAGCGGGGCTTCCAAAGGAAATATAGCTGTAATTAAATCTTTCGATAAAAGAACAAATTCATTCATATTAGATGAGAATGGGCCCACAAAGACTGTTCCAGTTCCTAAACAATTCTGGCTTGAAGGCCAAACATCTCACATGATAACAATTCCAGTTTCAATTTTGGGAAAGGATTTAAGGCTAGTTGCTGATATTGACGATGAAAAGACCCCAGGAAAGACAAGAACGGTGGCAGTAAGGGATGTTTCCTTCAATGGTTCCTACTATGATGCAGACTACAAAAAGGTAATGCCATATAGATGCGTAAAGGGTCAACCAGACTTGATCATTCCATGGCCTAAACCAGACCCAATTGATGTGCAAACGAACTTGGCTACCGATCCTGTAATTGCTAGAGAACAAACATTTTGGGTCGATTCCGTAGTGAGAAACCCTATTCCAAAAAAGGCAATACCAAGTATTCGCAATCCTCATTCTAAGTACAAAAGGGGTACCTTGACAGCGAAAGATATAGCTAAGCTAGTAGCACCTGAGATGCCCCTAACAGAGGTAAGAAAAAGCCATTTGGCAGAAAAAAAGGAGTTGGCTGAGAGAGAAGTACCAAAACTAACTGAAGAGGACATGGAAGCTATTGGGGCGAGGGTTTTTGAATTTTTGGAAAAACAAAAAAGAGAATAAATGTACCAAGTGTATGCACTCTATTTTTATATTTGATTCTCTAGTGTGATTTTTTTAATCAGTATATCCCCTTCACTATTCACGTAGTAAATAAGTTATATTCGACCTGTATATATGAAAGCATAAAGTAAAGTTCAAAGAATATTCAGATATTGATGTGGGCAAACGTGATGACTTCAAATTACAAAATCTTTTCTTTAAAAATAAATTATGTGCGTATGTACATTATTTTTAACCAATAAAAGGGTTTAAATATTTATTTACAAGATTAATGACTGCCCTTTAAGCGTTGTCTCTTTATCTCATTGTACTAATGCTAAAATCGTTCCTGTGGTCGCTTTGCTTCACCAGGATATATCCAATCCCAGCGGCCTTTTTTATGTATAATGGCTAGGATTAGAATTGCCGGTAGGTGCAATACACTAGCCATAAAAGTTTTCCTTGCATAAATGTTGGCTACACTTAGACCTTTATTAAACTTGACGTTATCTTTTAATGTTTTTGCAGAATAGTTGATTCTTTGTTGCCAATAGAATTTGAAAGCCCAGAACGTTAGCCAGGCATTTATAAGTCCGGAATCTATTTGGTAGTACCAATCTGTGATATTAAAATAAGACAATCCGAAACATAAAGGGAACATTAGGATAGAGTATCTCAACGACACACGGGCGTTTAGGAGCGGATTTTTCCATGCAGTCATAACGTATCCGGCATTTTTGTATTCATTTCTAATGTTATGACTCAACGTATTAAAGTGTGGGAATTGCCAAGCAAACAATAGACCAGCAAGGCACCAAGATCCCGGATGTGAAAGCGGACTTGCGGCTGCCCATCCCATTAGAGGAGGTACCATTCCTACTAGGGCACCTAACCATGTGTTAATGATATGCTTTCTTTTCATAGACGTATAGGCCCAGCCATATAACGCGATATTTGAAGCACCAAGAATAGCAACGGTAGGATTAACACCAAAGTACAAGATAGATACTCCTAATGTTCCGATAAGTGCGGCAAACTCGAATGCCTGGGTAGGTGTAACATCACCTCTAACAACGGGCCTCGCCTGAGTTCTCACCATTTGTCTATCAAATTCTGGCTCTCTGCCCATATTTATAGCGTTTGCAGAACCGGAACACAAAGTAGTGCCTACTGTTAAACATAACAATTCATTGACGGAGGCTGGATATGGAGATAAAGCATACGAACAAATGGCACTTAACATCACTAGAATGGTGAGTCGGGGCTTGGTCAACTGAAGATATGGCATAATTACCTTCTTCTTTAAAGTTTTCATATTCAGCCCTTCGCTGATTGCGTGAGATGGTCTCTTAGATTTTCTTACCATCGGGTCTACAAGTTTGACATTAAATGGAAGTTGTGTGCTTGCATCGGTAGTAGCTTCGCTTCCACTTGAAGTTGATATATCATCTGTGCATCTTAGCGTTTTCATGGCAGTCGATTCAACCTTTTTATTGCAATTAGAGGTTCTATCACCATATCCAAAATTGGGAGTAAATTCTATCGGCGCAGTGTTTATATGTTGCTGTTTCCCGCCATGATTCCGACTAATATAACGAACTCCATTAAATCGAATTTTTATTTGAGTATCGTGCAGCTGTGTACCAATTTGTAAGTATATATTCCCTTTATTATGAGCAAGAACATTTCTCATCAAGTGAGCATATGTTCGAGGAAAGTAACTCATCTAAAGAGGAAAAAAGGAGAAATCGAAAAAAAGAGATACTATAGGCCTAAAATAAAAAGACCCCGCTATGAGGAATATTAATCACGCCCGAATCACGTCTATTGCAGATATCAAGAATTTTCTTCTTTGATTAATCTCACTTGCGGTGGATTTACGTCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:226050-227536

TATTTCCTTAAGTTATAATTATTGATGTATCAAATATAAATATCTATATGTGAGTTTTGTAATTAAAAATATGGCAGGAATATGAAAAATACATAACATCAATGTCTTTATTCATGATTTCAGTTCTTGTTCCAACCTAAATCTACTGCCTCTTCATATGTTGGGTAGTCGGTATAACCTTCCGCGGACATGGTGTAGAAGGTACTTCTGTCATACTTGTTCAATGGCAGGCCCTCTTCTAAACGGTAGACTAAATCTGGGTTAGAGATGAAGAATCTACCATAGCCTATCAAGGTTCTGGGATCCTTTACTTGTTCTCTAACCACTTCTGGATGAAGAGCGTAATTACCAGCTCTGATGATTGGACCCTTCCATATAGAGTAGGCAAAATCGTTAGTACCCTCGGAATATTCTCCTTCGCCCTCCACCAACGATGGGTCCGTGACACGTGGTTCAACGAGGTGCACAAAGGCCAAACGCTTACCAGCCTTTGCCCTCTTCTCTAATTCACCCAAAACATACGAATATTGAGCGATAATACCTGGTTCAGCACCCCCAGACATACTGTTAAAAGTGCCGTACGGCGACAACCTCAAACCCACCCGTTCAGGACCGATAGTTTCGATAAGAGCATCGACAACCTCCAGTGTAAAGCGGGCCCTGTTTTCGATCGTTCCGCCGTATTCGTCGGTCCTCTTATTAGAATGTGGATCCAAGAACTGATTCAACAAGTACCCATTGGCGCTATGAATTTCTACACCATCGGCGCCAGCCGCGATAGAATTCTTAGCCGCATGGATGTAATCCTTGATATACTGTTTAATGTCGTCTTTAGTCAAACTATGTTCGAGATTATTCGCATCTTTGGCCTTTTCTTGTAACGTAGCATTCATATACACTCTGTCAGATGCACAGTCATAGCGTAACCCGTCTCTTGCCAATACGTCTGGGAAGGATGCCCAGCCTAAAGACCAAAGTTGTACCCACGCGAACGACTGACAATCATGGATGGCTAAAAAGATATTCTTCCACTCAGCGACCTGCTCATCAGACCAAATCCCAGGGGCGTTGTCATAGCCGCCGGCTTGAGGGGAAATAAACGTACCTTCCGTGATGATCATGGTACCAGGTCTTTGAGCACGCTGACCATAATACACAGCAGCCCACTCCTTATTTGGAATATTTCCGGGGTGAGTGGCCCTCATTCTGGTCAATGGGGGCATAACCGCACGATGTGCAAGCTGAGTGTTACCAATCTTAATTGGTTCAAAAAGGTTTGTGTCTCTTAGGGAGATCGGCTCAAAACCTTTTACAAATGGCATCTTCTAAATTTAAACTTCGCTATACTGAACTACAGTTGTTGTATATATCAAGTACGTACTTTTTTGCATATGATGGGCAAGAATCAAGCACAGTTCACAACCCTTATATAGGTTCGAGTTGTCCTACTTACAACACTGTGCTTAGTAATGGTTATTGCGACTTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:228257-230872

AACCAGTCTAAATCTCATCAGCCACACACACGTACATCGGAATATTATAGAGAACAAATGTCCTTCATTAAAAACTTGTTATTTGGAGGTGTTAAAACAAGTGAGGATCCAACCGGGCTCACAGGTAACGGGGCCTCAAACACAAACGATTCTAATAAAGGTAGTGAACCGGTAGTAGCGGGTAATTTCTTTCCTAGGACGCTTTCCAAATTTAACGGCCACGACGATGAAAAAATATTTATTGCTATTAGGGGCAAAGTATACGACTGCACAAGAGGGAGGCAGTTTTACGGTCCAAGCGGGCCATACACTAACTTTGCAGGCCATGATGCGTCGCGTGGTCTTGCATTGAACTCCTTCGATCTGGACGTTATTAAAGATTGGGATCAGCCTATCGATCCCTTAGATGATCTGACAAAAGAACAGATTGACGCACTGGATGAGTGGCAAGAGCATTTTGAGAATAAGTACCCATGCATTGGTACTCTGATTCCGGAGCCTGGCGTGAACGTATGACGATTGAGCTCCGCACATTATTTATTAATAGCAAACACCAAGGAAAGGGAAAAAGGAAGGGGCGTGGTGGACGATGATATATGTATACATATACATATCTATATTTTGAAAAAATCTTCTATATAACGGTTGTATAGAAATAATTACTTATTTATGAATTAGTACAAAATATACAAAGCATGCTGCTGTTCGGAACGTGACGAAAACAGTAGCTTAAACTGTATATTTTTTGTGATACTGTGCGGCTGAAACAGGGAACAATATCATTAGAACTGCACAAATGCTTCTCTAGGGATGCCATTCATGCTACTCTGAAAACCCTTTATGGCAACTTCATAGTTCCAGTTACTTTGCTCGGCCAACATAAACGTGTATTCTGCATTCAATTTCGTTTCCAAATGTAGTTTATTCAGCAGCTCGAGTTGTACGGGATTTAGCCGCGACTGGACATCTGGAGGTAGTTGCAAAGTGGGAGCCATGACCATGGCTCCTTGGGGTGCGCCGGGAATGCTCATCCCTCCTGGTACCACTGAAGGTTGTGGCTGCGGTGGTGTCGTTATATTTGGGTTCATGCTTGCGACCTGTGGTAGGACCGAGGCCTGTTGCTGTGGAGGCTGTGCTATTGCAATAGATGCAGTTTTCCAAGCGCCTGTGGAATACGCTCTTACAGTTAACAGATCAGATGCGATTATGACACTATTATTCATTGGAACAATTACCCAGGTTCTATCAAAGGATTTTTTGGATAACTTATTATTTGATGTGGAGTTGTAACCATGATTGTATCTTCTATTCTTTTGATAGTTATTTTTCCCCGTTTTTTTATTGGATTCCAGTTCAGGCTTGCCAGTCTCTTCAAAAAATCCGTGCAACGTAATAACGAACCCATTTATTTGAGGATAACTAATTGTTTCCATTGAGTATTCATTGGGTTGTTCTTGTAAATGGTGCTTTGTTTTCGGCAAAGTCTTGAATATACTATTAATGGACTCTTGCCCGATTGACAATCTCTGCTGGATAGATTTTTCACTGGACACTTTGGATATATTACGTGAGGACGACATGTAATAACCAAATGCTGGAGTTTGGTCCGAATCTGTTACCGTAGATGGAGGAATAGTAGAATCCACGGAAACAGAAAACTGGGATTGGGGCGAATACAAATTTAACAGTTGTTCTCTATTATTATCCCATAGATTCAAAAAGTTAGTTGCAAAGTCTGTAGATGATTGCCCTAATGCATCGTTTTCGAAAAAAAACTGTTGAATCTTCATCGGTAATGAGTAAACGGTTTGCAATTTTTGTTCGTCTCTCACAATCACGTTATCTAGTACAACCAATTTCGGAAATAATCTTAACATTTCAGTGCGATACAACTTATCGGTGGTTATCGGGTTATTTGTCATCAAAAGCTCTCTTAGATCTTTGAATTTGTTCTTCCAAACTTCTAGCGATCTAAATCTAAAAATCTGATTGTTGGCCAGACAGAGGTTTTTCAAATTAGGAAATGTTTGAGCCAATGTGGAAATTGCTGAGATGTCCTTAAGTTGGTTGTCAGCAAGATTGACACTTTCCACTATCAAACTTTTTTCTGTAGAAGCCAGTTTCATCATTGCTGGAAACATCTTAGACTGGGTGGAGATGGAACTAAAGACGCCCTTTTGAATTAGCTCGGGATCTGAATGTAAAGCGCCCAAATTTAGTAATTTTGTTTGTGGGTCATACCTCTTAAGGAGCACCCCCCTCAAGAACGAAATGGTGTCTGAAGTTCCCGCAGAGGCCCCATTGTTATCTAAAAGTTCGAACTTTAAATTACTGCCTGCAAACCGGACACCGTTCCATTTCATTAACGATTCTGCTTCTGCCTTTGAGTTGACATATCCAATAACTAAAGGTCCTTCCACATGAGCGTCATAAACAGCTACTCGAGCGTTGCGGCTTATAAAATTAATCAAATCGTTCATGGTTGCATTCTGCCAGTTCCTCACGCTAATCTTTATTCTATTTTGTTGCATCTGCTGTTGAGCCATCATATTGATATTTCCAACATTGTGAAATCCGCTCATTTTTTTTGCTGCTATTAGCGATGCAGAATTTTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:231103-237208

GTTTCTTCAGAATTAATATTCGTAGAAATTTTCTGTTCTTTGCTTCTTTTCTGAGCTTTGGTGGAATAAACTTGGTTCCATTCAACTTAAAGGAAGGAGGAAGTACTGTTCAAAATGACAGTTTTATACACATCTGCATCGCTGAAAAAAATGAAGTGCTTGGCATTCAACATGGGCATGAATTGCGTACGAACAGTATCTCATGCAAGAAGTGGAGGTGCAAAATTTGGAGGACGGAATGTATTTAATATATTTGACTCAAAAACTCCTGATTCAGTGCGTATAAAGGCCTTCAAAAACACAATATACCAGTCTGCCATGGGCAAAGGTAAGACCAAGTTTTCTGCAATGGAAATTAATCTCATAACAAGTCTAGTGCGCGGATATAAAGGAGAAGGTAAGAAGAACGCGATAAATCCTCTCCAAACTAACGTGCAAATTCTTAACAAATTATTACTAACACATCGATTAACAGACAAAGACATATTAGAAGGAATGAACCTGGCAGCCGGTCCTGTCAATGTTGCTATTCCTCGAGACATAACACCGCAGGAAGAAAAGAAGAAAGTTGAACTAAGAAATCGAAAAGCAGAGAATATGGATCTTCACCCGAGCAGGAAGATGCATATTAAGGAACTTCTACACTCTTTGAACTTAGATATGTGTAATGATGAGGAGGTTTATCAGAAAATATCACTTTACTTACAGAAAAATGAGGAAAGCAGGACTTCAGTGGGTGCCTCGCAACAAAACCACGTAGATATCGATATAAACTCCCTAAAACGCTATCTACAAAATATTGAAAAGAAGGCACGTCAAAAAAGTGCCATCGATAAACAAAAAAAGAATCAAGCTCGTATATATCAATGGAATACTCAATCCTTCTCCGAAATAGTACCCTTATCAGCTGGAAATATCTTATTCAAAAGGGAACCCAATCGCTTATGGAAACGTTTACAAAATGGAATAAGTGTATTTTTAGGTTCAAACGGAGGAGGAAAAAAGAGTAAAACTACTAAAAAAGTACTTCAAGGGAATAACATATTGTTACACTCATTAGAAAACAATAAGGATATGACCCTGTCAAACAACTTTGATCACAGTGTCTTTAACATCAATTTTACGGACTTATTTGGCGTTATTAATGCATCTGGGTCCCCACCAGATAGAGTTTTGAACGAAATTAATGAGATCGAATTAAAAGGTTGGAAATGTGTGGGGAACTTATACGATAATAATAAAATTGTAGTTTTTCAAAGTAGCAATCCACTCTTAGAGGATACGAAGATTCCTCAAAAGTCTTTCACTAATTCAAAGAGATTCCTTATTTCACTCTCAGCATTGCTGGCCTCCTTTTTTGCATATTATAGATACCGTCTATCTCAACGTCAAGAATCAAAGAAATGATTTTTTTCTTTCTTGTATATAACAACGTTATACATAGAAACAAATAACTACTCATCATTTTGCGAGACATATCTGTGTCTAGATTACCAATCATTTAGAGATATTAATGCTTCTTCCCTTTGAACAGATTGATTATCTCTCAAGTATCTTTCTGCTTTGACACGAGAGTAAAATACTGGACAGTCATATGAATTGCATTTACTAGCTATATGGTCATTTTCGATGCCTGCATCGGAAGTGTAACGATAACTGCACGTCCTGCACACGGTCTTTAGTGTTTGGTATTCTTTTTGTCTCTTTAATTTCTTTATGAGAAATGATAAGGTTGTGGTGCTTCTTTTCTCTAAACAGTCATCACATAACTGAAGTGAACATATTTTAGTCAATTCTTCACCACAATTACAACATGTTGCAGAAGTTCCTACTCTTGTTATGTTTTCCACTTTTGTAGTAGTTGTGCTCGCCCTTTTGGATTTTACTATTTCCTGAGCCCAGTTGCCAACATTTATACCAATCAAATTGAACAATCTATCAAGAGGAGGTATCAGAATTTTGTTTATATAATACTCCGAATCTAACTCTAAATTCTCACCTTCTAAGAACTCTTCTGGTGATACGCATCTTTCCCGAAGCAGTTGTCCTTGCTTTCCTTTAACAACAAGGTAAGGTATACGCTCCTTGTATTGGGGTTCTGCTCTATGGTCTTCATTTATTCTTCTTTTTACAACCACGGCACCTGCAGGGGCTGTCTTTTCGCTTTTATACGCTCCTAATTTAACTTCTTTTGCAAAACAAAAATCTTGGGCAGATACCTTTCCTATTTGAATCTTAAAAAATTCATTTTGAAGATACTTTTTTATTTTTGACAGGTCTTTGGTTTGAAAAAGTAATCGAATACATTTTTCAATAATCTTCTGCTGGGCTGGGATACCATCCCTTCTAACAGTTTCAATACCCTTAGCATCAAAAATAGGAAGGGTCTGCGAAGGACTTTCATAGGAAAATCCTACGTACCTTTTTTTGCTAATTAATATGGAGGGATGGTATACTTTTTCAAACTTCAAAAAGATTGGTTTTGGATTGTTTTGAGTAACTCTTTCTGCCATAGCATGTCCTATAGAAAAAGCCTCAATAGCAGTTTTTCCAGGTAGATATACAAATAAACTATCTGTGTCTCCATAGACAACTTTGGCGTTCCAAGTTTCATCTTTCTCAATAATATCTATTGCTTTCTCCAATGTTTCTCTGCCTGTTTGTACAATGCTATCAGCTAAATCAGAGCATGGCATTCGTCCAGAAAATGAAGCTGATGTATAACCGTAGGTGACATTCGCCAATAATTTTAGTGCTAACTGTTTGTTATTCAAAAGCCTTTTTAGGGTAGTGTTGTCATCACCTATTTCGTTCATTGTTTTCTTTATCATCACTCTGACATCAAGGATATCTGTTAACATTTTGGATAACGTTGATTTTCTAACAGAGGTCTTGGCATAAACAACACCATTTGGAGCGATAGTTACATCATTTTTTAATAAAGCTAAAATGTTTCTTGGTAATGAAAACTTAGATACTCCAAGGTTATTTTCCGTTAAGTTTATTTCTCGCACTCTTCCTATCATAGTCGAATAGCAATAGTTGTATCCAATCATAATGGATGGATACAATGATTGGAAATCCAGCACAATTAAAGGACTTTTGTAGAAAGCAGATTCTGGCTCCATAACCAAAGGCACACATTCAAGTGCTTTTTGCTTACGAACATCCTTTTTGCCTGGAGAAAGAAGGATAAAACTTTCGGACTTGCATATTCGGATTAAAAAAGACTCAACTTTAAATTGTGATCCTCTGTAATATACAGAATGGAAATCTATTCCTATCAATCTTGCCTGTTCGATATTTCGAGCAATGTAATCCTGCTTTCTTAATAGTTGTATATTTATCTGAGCTCTTGATAACCAATAATTTAACACAGTCTTTAATTCGGTTGTGCTCTTTTTAGCGTTCCACATATTAGTTAATGACTCAAATGAAAAGTGAGGTAATCGTTTATGGAGGATATTGAACGCAGCACTTTCAATAGTATATTGCGTTAAATTTACGTCGGACCTCAACGCTCTCCATATATTAATCATATGTCTTCCGGTAATCATAATTCCTGAGGAATGGGCATATCCCCAAGTATCTGACAACTTCGTCTTAATTTGGCATTTGACTCTGGCAAGTTCCCTGACAATGTCAAATTGATGTATTTTTTGACACCTTTCAATTATATAACCCCACGAAAAATTATGTATTTCGAAACCGGAAAGAATATCAGGATCAAGAAGTAATACCAAATCAGTTAGAGCCTCAAACATTTCAAATTCACTTTCATAGAACATCACGGGAATTTCGTTAATACAATGTTGAATTTTAGTAGGAAATGTACTATCCTCAGAAGCTTTGTGGACTATCATAATCCCTTCGTAAGCGATATCCAAATCTAAAGGGAAAGTTTCTTCTTCAAGACACCATATAATCATGGAAACTTCATCTATTGCAGGGTCTGGAATTTTATCACTTCTCGTGTTTGCATGAATCTCAAGTGTCAGATGAGTAAGAGAATCGTGAACGCTACTTTTTTTTCTTTTTTGTTTTCCAGAAACGTCACTAGCAAATTTGTATAAAAACTTACTATGAGGGGTGTGCATGCTTATCTGAGACTCAGTTTTTTTGTTTCCCATCGAGGGTACTTTATTGTACCATTTTTGAACAGCATCATACGTAGGTGGTTTTAACGCATATTTCCAGGAGGAAAACATGTCGAAAGTTGGCTTGTTATAAACTGATACGGTCTCTCCCCCAAATTGGACGGGTATTCTCGTTGATACATGTGTCGAGCTTATTTCAAACCTCTTACCTGCGTACGCGTAAGGTTTATTTTCTAGATCAACTGGATTCGAAAAGAAAGGGTCCTTATAGTCTATTTTTGGGAATCCCTCGTCTTCCAATTTATTCAGAATATCTTGATAACCGAAAGGAGGCTCACCATAAACAAAGGCTCTTTTTCCATAGCGTAATCCCGCAGCCATAACCTTCTTTCTTTTCCGAGACAGCAACGATGTTTTATTAGCAGAAACAGATGATCTAAGTTTTCGTTTACTTGCCATATTTTGCGTCATAGCACAATCCATTGAAAAATTTATCGTATTGTGATATTTTGTTTGATGATCTAATAGTATAGTAGAATCTTTCGGAGACGCAATGCTTTCCGGTAACCATGAATAAGACCGAGACTTTATATTGCTTCCTTTTACACCTTCGTTCTCATTATCAACACCACATATCTCGTATTCGGTGAACGATGCATTAACTTGGTCGTCGTTCTTTTTATCTTGCATACTATTATTGTTTATTTCAATCTGTGGAAGCCTTGGCCACAATTGCGGTAATGCTTCATAGGGCGTATTTATGGCTGAGAATTTTTGATTCTTATCTATAAAGTTCTCAAAATTTGGTATTTGACCATCAAAAGTACTTGTTTTATGTTGTGCTTTCTTATAAAACGCTTCGAACTCTCCAGAAGATTGCCATTGATGACCACTCACATGGCGCTTTGTTTCTGGTGGTTCTTTATATTCCTTCAAGGACAACTCCTCTCGTTGCATGGTAAGTTCATTTATCATGTCCCTAGCAGAGGATACATATGGTTTGACAGGTATGTCAGAAATATCTCCCAGTTTTTCCAAAAAGTCGTGATGTATATCTCTATGCTGTAACTTTTCTCTATTTTTGATGAATTGCGGTAGTATATCTATCTCAATCAATCCATTTCCAACCCGTGGAAAATCCCTTCTACTGAGTACGTTACACTTGAAGTCACAAAATCGATCTAGTAACAACTGAAGATCATCATTAATTGTCAGCTTATCTATGTCCAGTATACTATTTAAAACAGGAGAGCGAAAATAACACCTATCCACGTTTATCCATGAACATCCAAATAAGTTAAAATCTGCGGTCCATTGTAGCAAGTAAGGAATATGTGATTCATAAATTTCGAATTTCTTTCCGAAAATCTTGCCATCTCTAATCAATTCCGAAATCCTACTTAGACAAGAAGGATTAAGCAAAGAAATTTTGTAAAACAGATTCCAGCCAACGTGGTAACCATAAAATGGTATACCCTTTACAACAGAGACATCAGCGACAAAATTGAGATTTCCAAGTTTGTCGCCGGCTAAATCGTGTTTATCATCTTTTTTCCTTTTAAAGGATGCCCTAATTTTTACTTCCAGCGTTTTATGAACTTGGGCACATCTTTGGTGTCTCAATGTACTCGTGTCAGTTATTTGTCCATCATACTTGATGAACATGTAAGGTAGAATGCCATGGACGTGGCACAATACTTGATGCCCTGTGGGTAAAGCACCAAACACCCTGATGTTTGGGACCTGTGAAAACTGGTTTAAGGGCAGGCTTTCACCGTGCGATGGGTCCAAAAAGGTGGGTTTTGACATATAGTAGTCTTGATTATTTAGCTGGATTCTAAAATAGTCTGATTTAGAGGATGATCTAACCGTATCGCTCTGTATTGTGTCGTTCGACTCCCTCGACATTTCCAAACATTTTATTTCGCCACAACTTGTAGTTTTGTATTGACTCAAATACTTTCTCTTGTTTTGTGCTTCTATTACAGAGATGGCTTTTTTCTTCAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:237263-241573

AAGGGGTGTTAGTGAATACTTATCAAGAAGAGACATACATAATTGTACTGCTGTGCATTTTCCTACTTGACTTTCATGATTATGAATAGTACAAACACAGTTGTATATATCAAAGTTAAGGGTAGGAGACCACAGGGATTCTTGGATCCTCCCAAATTTGAGTGGAATGGAACAAAGGAGCGACAGCTTTGGACAATGGTATCAAATTTGAATTATTCACAAGATCAAATAGATTGGCAGAATTTATCAAAAATATTTGAAACGCCTGAATTTTTTCTTAAAAAGAGAACATATAAATTATTTGCTGAACACTTAGAGCTTTTACAACTACAATTGGAGAAAAAAAGAGATCTTGAGAAGTATTCAAATGATCAAGTGAATGAAGGGATGTCTGATTTAATACATAAATATACCCCTACTTTACAAAATGATAATCTATTAAATGTATCCGCAAGCCCACTGACCACGGAAAGACAGGATTCTGAAGAAGTTGAGACAGAAGTAACAAATGAGGCGTTACAACATTTGCAAACTTCCAAAATTTTGAACATTCACAAGAAAACATCGGATAGTGAGAATAAGCCTAATGACAAATTGGATAAGGATGGTATTAATAAAGAAATGGAGTGCGGTAGTTCAGATGACGATTTATCTTCGAGCTTAAGTGTTAGTAAATCTGCGTTGGAAGAAGCGCTAATGGACAGATTGCAATTCTGATTTACATCTTTCACAAGCACAATCAAAAAACCAACTGTCGGCCAAAAAGGCCCGGCGTTTTACTGTTGGTAAGTCCAGTACCCCGGAATAATCGATACAGATCTGCTCATCCTTTTTTATATCTCTATTCATAGTGAATAGCATTGAATTACCTTTACGATATTTCGTTATATTGGGGTTACAAGAGTGGTTGAAATAGGAGGCTTCTGGAAATACCCAGTATCCAAAATATTCTCTGCTGTCTGAGGCTTCGCCCTCTTGCCATAAACCAAAAGCATTCCCATATTCAGTACCTAATATATGTCTCAATAGCGGTATGGAGAGCATTCTATGCAAATGTGAAGGTAATAGAATATAGAGTGTTTGAAATACTAATTTTTGAAAGTGCAGTAAGACAGGAAATTTAGATATTTTGCTAAGCTCATTCGATTGTAACATATTGAAAGCTCGGTATGTTATGCACTGAGGATCCATATATTTAAGATTAAACAAACTCTCGCACACAAACCTAATGCAGCAATATTCATCTTCGCAAGTGGGTGGTAATTGATTTATTCTCTTCGCAGATTTCATGTTGTTGATGCGCGGTATCCATTTACTTTCAATCTCATCCCATGAAGACTGTATGACATTTTCCGAAATTAAGATAGAGTTTAATTTTTCCTCCTGTTCAGAGGTATAATTATATCTTTTCAGCATGCTTGGAAAATGATGCAGTAATATCTCATAACATTCAATTAATTCAATGATATTTGGTATTTGAAGATAAGAAGTTCTGCAATGTTCTGAACAGAACCACAGTCCAGCGCCCAGAAACTTCTTAGGGTTAATTTGGTAGTGTGCATTACAAACCAAATCTCTCAGGTAATCGTAGTTTAGTTTGTACTTCATAGTTTTCGCATTAGCGTATGCGAAACAATTGTGACAAACTTCCTTCCTGAACTCATAGGAAATAGATGTTCCTGTAAAATTACTGACTTGCAAGACTGTTGTCCCTTTAGGAATATTACCATTACTGAAACAAGCCCTACCGCCCCATTTAGTTTGCCTAACCTGGAAAAATGGGGAAATTTCATGTACGTCTCCATCAATAGTCATTTTTAAATTTTAGGTTATTTTGTGTTTGCATATATAAATGGTATATATATATATATATATATTCATATAAATCTAGGGCTACATTTATAATATCAGAGATACATAAAACGGTAATGCAACAGTGGAGCAGTATTGTATCGCACGTTTCTTTTTTGTTTTTGTTTTTTAAATTTTTCCAGGTTTTGACAACGTGATGAGGTAATCTTCTGTTTTGCATATCCGCGCAATTTAAAATGCAGGCGACAAACCTTGTTCCAGGATTAAGGTTCTCTTTACTTCAATTCTGCAATGGGTACCATAGAAGGTCTCCCGTGGGCGCATTCGAATGGGTTATGGCATCGCGAGAGCTTGCTAATTAAAATTATGCACTCTTGCCGGGTTAATTCATCTCCAAACATAACAGCAGATCTGCATGCCTTGCTGTTAAGAATTTCATGAAAGACCGTTGGAACGCAGCTTGAGTACTTCCACCAATATAATTTATCAACCGAAGTGTAGTTTTCGAAATGGGATAAATCCATTGGAAGTTTTTTGAAATCCTTCAGGTCATGAGCATGTTGCAGCAAGACCATTTTTAAGTAGTCTTTATCCCCGTTATATTTGGAAGTTAACATCTCAGGCAGTGTTTTAATTTCCAAAAGTGAGGTTTCCATTGTTCCCTCAATTGTTTCATAGCCAATTCCCCACTTTTTAAATTCACTTTGATAATGCTTAAATAAGTCAGCCTCAGTACGATCAACTTCAATGCAACAATCCTTGAGGTCTCGTGCAACAAAAGTTCCGGTTACAACTTCTGTCAACAGGCTATAAAATAGCTCTTCTAGTCTTATCCTCTCATCGCAAGCATGTTGATCAACTAGAACTAATAGTGGGCAATTATGAATAGATTGGTCTAAACAACGTATGAGAATAAATTTTTTATCTACTTGATTAATCACTTCATATTTTGCCAGGACAGATCTTGATATTGAAAAATCTGTTATGGTTTTTCCTATACTGTCATAATCTTCTGTAAAACCACTATCGTAGGGCCTGGAAGAGAGTTTATTCCGTAACCTTGATTTCTGACCGTCGATTCTTATATTCTTGATTTTTTCGTAGTTTATTGTACTATTGTTTATTCTACATCCATTGACAGCGGGTTTTCCTATGTATGAATTAATGCGTGCAATCTTCATTTTTGAATTTAATACTTGATTACGTTTACTGATTTGGATTCGACTATCAGGCAATGTTGCCGTCTTCTGTGAACAATTGACTATTTCGAAAGATGAATCTGATTTATCAGGCGTTAAGTATCCTTGAAATGTCAGAAAGGAGCGAATGGTCTTAACGATCAATGGTTCAATGGTACGTATATGGGAAGGCTTAACAATTTTCTTTGCTGGATCTTGTAACAGGTCATCGATAGTTTGGGGGCACCGAACATCAAGGATGAAGACGGGATGTGATCGATACGGTTTTCCCACGCTTTTAGTTTTGAGTAAACTCATGCCTTTCTCCCCGAAATCTTGTGCTTGGAATAAAGAATCGACGTATCCTTGAAAGGCGCTGTCCGCATAACGTCTGCCATTGATATATATAAATTGAAGATCCTTCAATCCAACGGGCATCTTCGATATGATCCCTTCAATCTGATATTCATTAAACTTCAAGGAAACTTTCTTAAGCATATCCGGTGGTATTATTGCCCCAAACACATTTCTCAGTACTTGAGACATTTGCTGGTGCTTTGTTAACCCCTCAGTTATGTTCTTTGAGCGGAAAAGAACTTCTGTATTGATTCTGAGTTTGTCTGTATATTGTACGTTGAGTGAAATCATCGGGTGCATTACCAGTATCTGTAGCATATCTGCCTTTATTGTGTTAAAAGTCTTGAAAGGGGGTTCTTCCTTTAGTATTCTGCGCCGGACAGGTAAATTATACAGCATATCTTCAACAATAACAACAGTACCAGACTTTGTTCGGCTCCAAGGACAAATTTTCCAAAAAGGATCTATTGGGAGTATGGTATTCTCACTCAACATGACGCTTTTGGATGGAAATTTTCTCATCCATGCAGAGTTGTAATCCTTTTTCTTGGAACAAACAAACAGATTAGAGACATTAGAAATGCTATATAGGGCGTCTCCTCTGTAACCGTAGGTTTTCATCGTTACTAAATCATTCATCTTTCGTATTTTGGAAGTATAATTTTGTGTGGCCAATATATTTAGGTCACTTCGAGTCAAACCAATACCATCATCGTAAACTGCAAAGCTCAAATTAGGGAGGTCGATCATGACGTCGATAGTGGTAGCGTGTGCATCTACAGAATTTTGAACTATTTCTCTAACCGCTGATGCTAGCGATACCGTGCATGCCTGAGATTTAAGTCTTTCAGAAACATCAGAATCTAATTTCCTAATATGCTGGCTCATTTTCTTTTTGAGTTGACGAGTTCACGTTCATTCTTCCTTGAAAGCCTCGCTGGTTTATGTATCGGTGGTTGAAATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:241739-242841

ACTTATATATGTATCAATGGGGTTGAATTTGCGCTTTATGTATTTTTTAAGGAATGATATGAAAGTTGTCTCTAGTCTATTTATTGAATCGTAAATCAAAAAATACTAGTGATCCCATATAGGATAACTAGTAAAGGTTTCGTTAAAAGTAGCTTTTTTTCTCGATTCAACGTCACGCATTAAATGTGGGTACCGTTGTTAGCAGAACCTGTAACATTACTAGCATCGGCAGTTATAGTAACGTATTTAACAACAGGCTCCGCCGTAGTAGTAACCACTTCGGTAACTGCAGCAGCTGTAACTGTAACATACTTGGTAGACGCACTACAGTACTGTTCATCGGCGGATGTGGTTTGAATCATCTGAGATTGATGTTCAGCAGAGACTAACTTTTCTAAGGCATCAACATTGGAGGCGGCGTCCCCAGCTGTGGATGTCGCTATTGTATTACTAGCTTGGGAATTATATACAGTAACCAATAAGGTTGAGGTCAAAGTAGAGGTGTATGTACTGCCCGATTCGGTTACTGTAGAAGCAATTTCTGTGACGCTCGTGGAAATCTGTTCAGCCTTCTCGTTGGCGGATTCCGTAGATAGAGTTATTATGTAAGTAGAGGTCAGAGTAGACGTGTAGGTGGTGTCTGTGTCAGAATAGGTGGTGGTGTATTCATTTGTGGACGTAGTTAGGCTAGGCGTGCTTGCAGTAGGTGTACTTGCAGTAGGTGTACTAATAATAGCAGCTGATTGGGAGGTAGTGAACCAGTAGGTAGAGTAAAAAGTAGATGTTATGTAGAAGGTGGTTGTTTCATCGCTGTACGTTAATGTTGTCTCTTGAGGTGAAACAGAGTATGTTGGAGTTAATGTCTTCGTGTATGGTGTATAGCTCGTAGTTTCATTGACATATAAGGCAGAAGCGAAGTTGGAGGTTACCAGTAGTAAACTACACAATATTTTGAAAATCATTGCGATATATATTCTAATTTGTTGGTTGTGTTAGACAACTAGTGTACAAGAAAGAGACTAGATGGCCATAACGGATCTTGATAATTCATTTTCTTACGTCTTTTAAATACACTCCCTCTCCATCACATACAGATTGATTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:243061-244141

GCTTTCCCAAACAATAACCCACAGATTATGTGTTGAAGAGTCTAGGCTTGTGGAAATTGAAATCAAAATGTTTGTTCCCTTTAAAAAAAATCAATTAAGCAAGGAAAGGAAATAAACAGTGCATGCTTTCCTTATCCTTGGAATACTATATTATGCTACCATAGCTGGAAATGTTGTTATCCTTGTTAGGCACTTCATTTGAGACTTCCGATAAATCAGGAATTTCGTCATTTAGGAATGTGTTCGTTTCAAAATTCTCTGCATTGGTTATCGTTAGGCTCTCAGAATGTAACCTGATGACATTGTCGACACAAAAGTACTGGAAGCAATTCAGTAAGATAGGAAAGACAAACATGACCAGAAAAACTTGAAAGTTTGGCCATGAATCTGACCAGCCAAGGATAAGATCGGCGAACCAGTATGCCAAGTCTTCTAAGTAGTTTAGTATTAGAAACACGCAGAACTTCATCACGCCCAGCCCAACAATGAATATAAGCAGCTGTTTCACGAAGGCAGAGAATAAGGGTTTTCTGGGGTGGCTCCCAACGGTTTTAGATGGAAAATAATTACCACTTTCAATGTTTTGGAAGTGTAAGGATTTTAGCACTTTTTCAATTATGTATAAGCACAACCAAAGAATGGGAATCCCAACAGTAGTATCCAGGAGTAAGTTAAGAAAATACCAATCGCATTGATCCTCATCATCATTGCCTTTTGCAGTGATTGCGAAGAGTGACCTTCGTCTTTTCTTCAGTATGCTGATGCCTAGATTCAAAAAATGGATTCCAAGAGAGCCGATGATTTGTTTTCCAATGTCATAACTCCACACAATCATTTTTCTCCTTGGATGCTCATAGTTTCTTTTCACCAATAACACAATCACGGCTGTCATACCCATCAATGTCTGGACAAAAAGAGACACGGGCCCCAACAACTGGCAAGTGTCTTTCCCATTAGAAACATACATATTCTTTTCGATTAATTGGCAGTTCTGCTGAACTTGTGTGACTGTTGGGCCTCCTGCTAATATGTATTAGAACTTTTTCTGCTTAGTACATTCAAGTACTTTTGTGCAGATGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:244260-246329

ATATATATATACATGCAGAGGGAACGTTTTCTCCCCTCGTAGGTAAGGCGATTACGTGTCTAAAAGAACGATTTTGCAAGCGCTTCTAAATTTTGTTCCTCTGGCGTTAAGCATTTCGTATTTTTCACAATGTTTAGTATTATGCCCGCTATAAATTTCCCATTGTTGAAACAACTCTCGCTACCCTTATCTTTATTTTCTTTAAATGAAAGTATGGTCTCTAATATCAGGGTTAACTTTTGAATGTAATCCTTGAATAGTATATTTTCAATCGGATTCACGTCAGCTGTTACACTTGAATCTTTTAAATAAATTCCAACCGTTTTTGTGATATGAAATAAATCTGAGATGCTTAGTTGTTCTGCTTGACCTAAATTTTGGAATTTGAAGATCGAATCCCATAGGGATGTAATAGCTTCTTTAGGAAGGGCTTTCTTGGACACAAGCAGCTTATCCATCGCAATACAGGACGTTAACGTTCCATGCTCTGCTATAAAAGAGATAATTGTTGGATCACTGCTTATTGAATTGTGTATTTTTGAACTTGGAAGCACCGTTAAAGTTTTGTTTAATAAATTTGTTAATAACGATCTCAGGTTGTTATAATATTTAGTTTGCTCGTGACATCTTCTCATAATCTGAAATAGGGTGAAGAGGTCCTTGATATCTAGCCACATGGTATTTTCCAGATTTAACAGCTTCCTCAGTAAATCTAGGAATCCTTGATATTGTAGTGGGTCTTGTAGCAAGCTACCAACTTGAATCAATTCACTAAGAGATATGAGCTTCAGTAGCGCGACAGCGTCACTTTTGGATGCAACTGAGTTACATAATATCATCAAAGCTGCGGCTAGGGCATAACTACTTGCGGAACTCTTAATAGTTTCGATACATAATGATTGCTCTCGTTTGTTAGAGTTTGTTAGGTTGGCGGAGATGTTGCCTGCGCACGATATGAGTCTTCTCATTACAATTAGCTTATTATTGAAGGTTTTTGATTCTAAGCAAACTAAGGACAATATTAAATTTTTTTGCATGCTTAGCACAAGCTGCTCCTCATTGGTAAAGTTTATAGTTTCATCCTTGGCTACAATAGTTTCAAGACATGTTGACAGATTTAATAGCAATTCACAATTAACGTCCTCCTCATCATCTTCTTCCTCTTTTTCGATGTACTCTTGATTTCCTTGGCCAGCGAACTTCTGAGTTTCAGTATTTGAATATGCTTCGACTGCTCCATCTTCCATTGCCTGCAATTCTTTATTTTGCACATTTGAAGAGATTTTTTTGATGTACTGGCTTAAGAAAAAGAGATCGCTTATTTGAACATTTGAGTAATTGACTTTTAAAATATCGTTCAATAAATCTGAACCTAAAACAACTTTTTCGGGAGATGACAAATAGCTATATTGTGTGGTTTTCAACAAAACAAATAATGGACCTCTAATGAAGGGAGCCAAATTTTCTGTATACTTGAGATTTCCAATGCAAAAATTCCTTAGTAGCACAACTGACCGCATCTGTAATTTATCCACTAAGCTATCCTCACTCTTGTCAGAAGAAATTTCGTCCAGCTGAAGAACCCCGCCTATATAATAATTAAGAAGCTTTTTACCTCCAGAATCCAAGAGAATTTCCCGATTATCATCATTATCAATTATTGCGTTAGCGATACATCTAATCACTTCAGAACTGATCTCATAAAACGCTATTTTATCATTAATTGAAATGCTCGTATCATGAAAGCAGATATCAAGCGCTTGTTCTAATACTCTTACTAGGTTCAGTAGCAGCCCAGTTTTACCAACAATATCTCTATTACTTGGTTCTCTCAACGAAACAGCCAATTGGTCCATTACCGCTAGGTAGCTTCCTAAGTAGACATCGTTCATCGGAACATCCTTTATTGAAGACGCATTGAGGATCGGTTGCAGACCAAATAAAATTTCTTCGTAATCCATTTAGTAGGACAGTTATTTTCACTTGAAACCACAATCTTTTGGGGCTGAAATATAGATGAGGTGATTTGTTATTCGCGGTTAGTTTTAGTTCGCGAGTGACCTGCTTACG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:246790-251837

GTTCTTTTACATTGAAAAACTAAATCAGTCACCCACGCAAATAATGAAAAAAAAAAAAAAATCAAAAGCGAAAAGAAACCTAACGCATATTCTATTCAAACGTTGAATGATTGTATTATTATAAATCATAATCACGTAAAGCCACCGAAATTTTTTTCCAGAGTGAAGAATATAAAAAAAATATCTTTAACCAGTCTATAATGTCTTCTGGTTTGGTCTTAGAAAACACGGCACGTAGAGATGCGTTAATCGCCATCGAAAAGAAGTACCAAAAAATATGGGCTGAAGAGCACCAATTTGAAATCGATGCGCCATCAATCGAAGATGAGCCCATTACAATGGACTCTGAAGAGTTACATCGCACGTATCCTAAATTCATGTCGTCTATGGCCTATCCTTATATGAACGGTGTTATGCACGCCGGCCATTGTTTTACTCTCTCCAAAGTCGAATTTTCTATTGGTTTTGAAAGGATGAACGGTAAAAGAGCTTTGTTTCCATTGGGTTTTCACTGTACAGGTATGCCAATCTTAGCATGTGCCGATAAACTAAAGAGGGAAGCCGAACTTTTTGGCAAGAACTTCGACAATGTACCAGCAGAAGAAGAAGAAATTAAAGAAGAAACGCCGGCTGAGAAAGACCACGAGGATGTTACCAAATTCAAAGCTAAAAAATCTAAAGCCGCAGCCAAGAAGGGCCGTGGTAAGTACCAATTCGAAATCATGTTACAGCTTGGTATCCCTAGAGAAGAAATCATTAAGTTCGCCGACGCCAAGTACTGGTTGACCTATTTCCCACCTTTGTGTGAAAGTGATTGTACTTCACTTGGGGCTCGTATCGATTGGAGACGTTCTTTTGTCACCACTGATGCCAATCCTTATTACGATGCCTTTATTAGATGGCAAATGAACAAGTTAAAGGCTGCTGGTAAAATCAAATTCGGTGAACGTTATACTATTTACTCTGAAAAAGATGGTCAAGCTTGTATGGATCACGATAGACAATCCGGTGAAGGTGTTACACCACAAGAATATATTGGTGTGAAAATTGAAGCTTTAGAGTTCGCCGATGATGCCGCAAAAATCATTGATTCAAGCTCAGATCTTGACAAATCCAAAAAATTCTACTTTGTCGCTGCCACGTTGAGACCGGAAACTATGTATGGACAAACATGTTGTTTTGTTTCTCCAACAATTGAGTATGGTATATTTGACGCTGGTGATTCTTATTTTATCACTACTGAACGTGCATTCAAGAACATGTCTTACCAAAAGCTAACACCAAAGAGAGGCTTCTACAAGCCGATAGTTACTGTCCCAGGTAAGGCATTTATCGGTACCAAGATTCATGCCCCACAATCTGTATATCCAGAACTAAGAATATTGCCTATGGAAACTGTCATTGCTACCAAGGGTACTGGTGTCGTCACGTGTGTACCATCTAATTCACCAGATGACTACATTACCACCAAGGACTTGTTGCACAAACCTGAATACTACGGCATTAAACCTGAATGGATTGACCATGAAATTGTTCCAATTATGCATACCGAAAAGTATGGTGATTTAACTGCAAAGGCTATTGTTGAAGAAAAAAAAATTCAATCTCCAAAGGATAAGAACTTGTTAGCAGAAGCCAAGAAAATTGCTTACAAGGAAGATTACTACACTGGTACCATGATATATGGTCCTTATAAAGGTGAGAAGGTCGAACAAGCCAAAAACAAGGTTAAGGCTGATATGATTGCCGCCGGTGAAGCTTTCGTCTACAACGAACCAGAATCTCAGGTCATGTCACGTTCTGGTGATGACTGTATCGTTTCTTTGGAAGATCAATGGTACGTTGATTACGGTGAAGAAAGTTGGAAGAAACAAGCAATTGAATGTTTGGAAGGGATGCAATTATTTGCTCCTGAGGTAAAAAACGCATTTGAAGGTGTTTTGGATTGGTTGAAAAACTGGGCTGTTTGCCGTACATACGGGTTAGGTACCAGATTGCCTTGGGATGAAAAATACTTAGTTGAGTCTTTATCAGACTCTACTATTTATCAATCATTTTATACCATTGCTCACTTACTATTTAAGGATTATTATGGTAACGAAATTGGACCATTAGGCATTTCAGCTGATCAAATGACAGATGAGGTTTTCGATTACATTTTCCAACATCAGGATGATGTCAAGAACACCAATATTCCTTTGCCTGCTTTACAAAAGTTGAGAAGGGAATTTGAGTATTTCTACCCATTAGACGTCTCAATTTCCGGGAAGGATTTGATCCCTAACCATTTAACTTTCTTCATTTACACACATGTTGCATTATTCCCAAAGAAATTCTGGCCTAAAGGTATCAGAGCTAACGGTCATTTGATGTTAAACAATTCTAAAATGTCGAAATCTACAGGTAATTTTATGACTTTAGAACAAACGGTTGAAAAGTTCGGTGCTGATGCAGCTCGTATTGCGTTTGCCGATGCGGGAGATACTGTTGAAGATGCAAATTTTGACGAATCTAACGCTAATGCTGCTATTCTGAGATTATTCAATTTGAAGGAGTGGGCAGAAGAAATTACCAAGGAATCTAACTTGAGAACTGGGGAAATTACAGATTTCTTTGATATCGCGTTTGAACACGAAATGAATGCTCTGATTGAAAAGACTTATGAACAGTATGCATTGACTAATTATAAGAATGCCTTGAAATACGGTCTTTTTGATTTCCAAGCTGCTAGGGATTACTATCGTGAAGCTAGTGGTGTAATGCATAAAGATTTAATTGCACGTTATATTGAAACACAAGCCTTATTGCTGGCTCCAATTGCGCCTCATTTCGCTGAGTATATTTACCGTGAAGTTCTAGGTAACCAAACCTCTGTACAAAATGCCAAATTTCCACGTGCATCCAAACCAGTAGATAAGGGTGTTCTGGCTGCTTTGGATTACTTGAGAAATCTACAGAGAAGCATAAGAGAAGGCGAAGGGCAAGCACTAAAAAAGAAGAAGGGCAAGTCTGCTGAAATCGATGCATCCAAACCTGTTAAGTTGACTTTATTGATCTCTGAATCATTTCCAGAATGGCAATCACAATGCGTGGAAATCGTCCGTAAACTATTCAGCGAACAGACTTTAGACGATAACAAAAAGGTCAGAGAGCATATTGAGCCTAAAGAAATGAAGAGAGCTATGCCATTCATTTCTCTATTGAAACAACGTTTAGCTAATGAAAAGCCAGAGGATGTGTTTGAAAGAGAGTTACAATTCAGCGAAATCGATACTGTCAAGGCTGCTGCAAGGAATGTTAAGAAGGCAGCACAAGCTTTGAAAATTGCTGAATTTAGCGCAATTTCTTTCCCATATGGCGCCAAAACCGGTAAGGATATCTTTACTGGTGAAGAAGTTGAAATTCCACCTGTAACAAAGATTGTTGAAAATGCTGTTCCAGGTAACCCAGGTGTTGTCTTCCAAAATATTTAAAGGAGAATATTTCAAGATGCCTCATGGTGATTTTCCGATAAAAGATACAAGAAATTCTCATAGAAATACTTATAAAGATCAATAAACAGCAACCAGAAATCACGTCGCATTGATAATTTGCCTCGTATATATCGTATAATTATTGTAATTGCACAACTGTTTTTGTTTTGTATTCGTTCATTTTCTTGTAAAATGTTTCCACATTTTCTTGTGGAGGATATGTATATTGATTCTTTACTTATTCGTGTTATTTTAGCTGCAAATATCTGGGTTTGAGGGCTATTTGACTAGTCTAGAGAAAAGTAGTCGTGAGAAAACTATATTAGATAGATGGATGAGAGGAGCAGGTCAATAAGTAAAAGAATAATAAATAAATATATAAAAATATACATGTAAAAAAGGTGTTCTAAATGAATGATAAAGTTTATGAATGTAATATACTCTAAGGATGTAAGAAAAAAACCGTTGCGTATGTATAATAAACAGGTCTATGATGTTAAAAGATGAAAAGGCCTAATAAAGTGAACAGAACCGGAAGAAACTAAAAATAAATAAAACCCAAGTAACCACGTACAAAAAGCACATTGATGCTAAGAAGATCTCCCTGCTAGGAAAACAGAAATCAGAATGAAACGTTTCAATAATCATCCCTCAAGTTTTTTCTTCATTTGGAGCAACGTCACTACTGACTTTTTTCTCCCCTTTCCTCTTCTCTTTGAAAATTCATCCATTTTCCGCTGAAGCGTCTCACTTGTTTTATTGTCAACTAATGTATTTCTCTTAGCACTTACATGAATAAGCTCATTTGTGTTCATTGATTTTTCCTTAGGTGGATGAAAAGGCTTCAAATTTTTCAGTAGTTCACTAGGTATATTCTCCCACTCTGAAAAGAATTCAAGTCCAGTGGCAGAGGAAATCCATGGTGATAGAGGTTCATTTAAATCTTCAAGCTTCATCGCAAATTCGTATAACGTACTTCCGGTGTCTTCCTTTAGCTTCGGGTCATTGGGATTGATGAATAAGGGTCTATATCCAGAATAGAGTACATTTGTGGTCATGTCACTCTGCTTTAAATGTGAGGTGGATGGTACTCTTGGTAGCCACGAAAAATCGCTTCTTTTCTTTTTTAAATGAGAACCTCTCACATCGCTATGTTCTTTCTTTGTGATTGTCTTGTTTTGCTTTATAAGTGGTGCAGTATGTTCGTGTTCCGGGGGTTGACGATGGTACGCTGCCTTTTTACTGCCCTTTTTTCTTTTGGATTTCATTTGATTTTTAGATAGTAAAGACTGGTTACTTAAGAACGTAAAGGAAGACTGAAATCTTCTAGAAGTGAGAACTATTCCTGAAGAAATGGCATTGTTCCTTGATAAAGGCGGAATAAATGGACGAGCTAGCTTCAACATAGTTTATCGTCCGACTTTGCGTTCTGACCTGCTGAATATACGATTAGTAGTTTTAAAAGCACCTTTATAATGTTCGACAGCAAGGAGTGCTATATCTAGCGGGTGTTTGTGTACGTATGACGGAATAAGTTAAAGAAACATCTAAGTTATTTAAATAGTTGCTATAACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:251995-253704

TTAATATTAATGAATGCAAACTTATGTTATTATATATTTTTAAATTTTCATACCGACAGGAAGAGTCAATGACCTCTTGACCACACCTGTTGGTAGCGATATAATGCTGTTTGAGTAGGCAGGATTTAGCATAGCAAATGGAGATCTTAACGTAATACTCAAATCGCTTTGTTTTCTCATCGGACTTAATTCCGCTAATTCGTCTACCTCTTTTGCCAAATTTCTTCCTTCTCCTTCTTTTCTTTTTTCTTCTTCTTCTTCATCATCTTCATCATCTTCTTCATCTTCTTCATCTTCTTCATCATCATTTTCTTCTTCTTCTTCTTCATCATCTTCATCATCTTCATCTTCTTCTTCTTCCTCGTCGGCCCTTACTGTAACGCCATCAAATATTTGGGAGGAGCTACCATCAGCCTCATATTCAGTTAATAGAGAATCGACAAGATCTTCGTAGATAGTTGAGTTTGTTTCTGCTGATTTATTCATATAAACAACATTGCTCTTATAATTTTGTATACGAGCAATTTGTACCCTGAGCATAATTCTTTGAGCAATTACGGTGCTTAAATAATGTTTCATCAAATTGTAACTCTCTTCATTTGAAGTTTCCTCATTATTTGCATCCACATTTTGAATTTCATTGTTGCATTCAACTCTGTCCTTATTATCTACTTCCGTTGTCTCCATTGCATCCGCATAATTAGAGTAGCTTTCAGATGATTCTCTGTCATAATCAGATGAGCAAACGCTATTAACGGGAGATAATTCTCTCATAGAACTAGTATCAATTACATATTCGTCTTCCTCTTTAATAGAATATCGATTCATGGATAACGGAATAACTTTATTTTCTACCACAATTGATGGCTGTCTTGCAATTGCATTTAGGGCCGTCGATGGTTTTGACCTTACCAATCTTGACCTCGAGTACATGCTGCTGTTGCGAGTGACGGCATGACTAACATTATCCGGTACAGAAATGAAGGAGTTTTTATTATTTGCCGGTGTCATAGTGGCAGATGCGGTTAGGATGGATGCAGCCCTTCTAATAGAGGAATTTGTTCTTCTCAATGATGGAGTATAGCTTACCAAAGGGCTCCTTGGGGTGTTTGATCCAACTTTGGAATCTTCAGATTGGGGATGGTTTGCTTTAAATTTCGTATCAACTGTCAAAGGTTTAGTCTTTTTTTGTGGAGCCAATACAGGTACTAAAGATTTTGATGAGATCGACCGTTGTAAATTAGAGACGTATCTCTGCGATTTTTTTTGACGCGGAGTAGAGTTGCTGTTTTTGTTGACTAGGTTCGTCCCTCTTTTTTTTGACTTGTTGTTAATGTTTGCTTTAGATTTAGTGGTTTTGGAATTCGTGGCGGAGGGGACCTTTTGAACATTATATGAAAACAGTCTTCTTCTTAAAACTAGCCGTAATTTCCGTAACTTTTTCTTTATCTTGATTCCCAATGAGGTGAAATAATATAAGAGTCCGCCCTTACATCTAATAGCTTTTGATCGTTTTAGAGAACAACGACTGCTACTTGATTTACTGCTGACACTTGAACTATACCTGGAATTGGAAAACCTCGAGGATTCAACTCGTCTTATGGTCGGAACTCTGTTTAGCTTTTTTTTAGGTTTCGGTACTACGCTATTGTTTAATTCGATAGTTTTTATATCCTTTTCCATATTTAATTTGGTCATCGGTTTGGCTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:253821-254534

CCGTTGAGATTGAGCCAGTTATGTTTCCCTCTGGAATAGCTTCCATTGAATGTAACTGGTTTTTAACTACATTTGAGCTGCTATAATGAAGAGAGTCATTTCCTGGGAAGTCATGAGAAGCAAAAAAGTCACTTTTGTTCGAGTCTGAGGAAGTTAATCTAGCGGTTTCATTTTGATTGATTACAATACGTGGTGAAGACGTAGTATTGTCAGAAATGTTAGCAAATGAATAGTATCCATTTGATGAATAACCGGAATTTGTATTTGTATTGGAAGTGGATGTATAGTCTGATAATGTTTGAGAGTTTCCGTCTTCATCGCGAGAAACTCCATTTTCTGCTGCAAACACATCATTTAAAAGATGATGATTATTCAAATGGTACTCTTCTAGCGTTCCTCTTGGTAAACTTTCGTTAGACGGGAATTTAAAATCCATTTGATCGCCTCTAAACGACTTGGTTTTTGTCCTTATTGGAGCTCTGATGATCATTCCGTATGATATATTTGTTGTGATAATAAGCCAAATTTATTTGAGCACTATTGTTAAGTTAATTGTTCTTGTTTTACTTGTTAAGCCGTTAAGTTGTCAACCGAATTATCAAGCACTTAAATCTATATATACAACATATTTGTACAAGAATTGATGACCTGCTGAAAGCCCAGCAATCTGGTTATCCCAGTTGAACATGTTTAAGGATAGGCATATCGACTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:254662-256913

AGGCATCGCACCAAACTATATGAAGGGGAAGTGAGTTATTCCGCAAACAGCGAGTAAGTTTTTCGTTGTATTGATTGCCCATATTATATACCGTGTTGTGGGGGCAACAGACAGAAGTAGAAGAAAAAATTTTTGTTGATTTAACTGAAGTGATGGGAAGGACATTTATTCATGCTTCGAAAATAAAACATGCGGCACGCAAAAGAAAACATCATTCCAACTTTAGAACTCTGATCAAATTATTGAACAATGATGCCTATAAGATAGAATCATCAAAACCGTTGAAAAATGGTAAACTTTTCAAATACTGGAAAAATAGGCGTAGATTGTTTTCAAAGATAGATTCGGCGTCGATATATATGACTGATGAGCTGTGGTTCAGTGTGACGCCCGAAAGAATTGCCTGCTTCCTGGCAAATTTTGTTAAGGCATGCATGCCAAATGCCGAAAGAATACTGGATGTTTTCTGTGGTGGGGGCGGGAACACCATACAATTTGCCATGCAATTTCCTTACGTCTATGGAGTGGACTACAGTATTGAACACATATATTGTACTGCGAAAAACGCCCAAAGCTACGGTGTGGACGACAGAATATGGCTGAAGCGGGGATCCTGGAAAAAGCTAGTCTCTAAGCAGAAACTTTCCAAAATAAAGTACGACTGTGTATTTGGATCACCCCCGTGGGGTGGTCCAGAATACTTAAGAAACGATGTGTATGACTTAGAGCAACATCTAAAGCCTATGGGGATTACCAAGATGTTGAAAAGTTTTCTTAAACTAAGCCCTAATGTGATTATGTTTTTGCCAAGGAACTCTGATTTGAACCAGCTTTCTCGAGCTACGAGGAAAGTACTAGGTCCATTTGCCAAATGTAAAGTATTATATGTAAAGGAGAATGGATATATGAAAGGAATATTTTGCATGTGGGGGGAATGCTTTTTTAACTACGAACCAGCAAGTACGGAGAATAGTCGAAGGGAGTCGTCCGAAAAGGAAGAGCTGAGTTCTGAAAACGAAGAGCTCTCGAAAAGAAAAAAGCATGAATCCACAACAACGACCAAAGATAATACTGTAGACATTTACGACGTAAATGGTTAAACACTTGTTCAAGTTGAATCGTATGATAGAAAATGCAATGACTATGTTATGAATGTATATATAGCACATAAAGAGGATCGCTTACGTGAATTTGGGAATAATTAAAACGTTCTTTTAGCTGCGGCTGCTCGTCGATAGGAGTGATAACAAATTAAGAATTAGAAGGGATGTCTTTTTTTTCTACCAGCAAGTTGCCACGCGCTTCAGACTTTAGAAGAGGTAGTAGCAATCCCTTCGAATGAGGTTCGATTATATCTCTCACCATTCCACGATTTATCACGGAAATACCATTCAAAAATAAATAAGGCGACTGAATGGATTCCAAGGCAGCACTAGTATCGATATTTAGTTTATTTTGTTTGATATACTTTTCTAATTCATAGCCATGAGAGTGTTTTTCCAAATCAACAGTGGCCAATTCGGGTGAAATCTCAAATTCTCTTTGTAATAGATTTTTTAAGAAAATGGAGTCTGCTTGTGATGATTTAATGAATAATACCGCTGGAGAGGTTCTTATTATATCTAGAAAATCTGTTCTAGGGTCGAATTTTTTGTGATCGCAGTTTTTCTGCAAGGCCAGAGAAGATGACCGTGGATTTAGTGTTGTTGTGGTCGTCGCCGTCACGACATTATCAGTTTGGAACGATCTTGAAGAAAATTTTGATGTAGCTTTGGATGAGGGTTCTGGGATGTCGACTTCAACCTCGCTTTGAATATTTGAAATTTCTTCTTTGACTTTTTGGAAATTTAGTTCATTTTCATTACTTAGAAAACTGTCTGCTGTCTTTAATAAGTTTGGCAACTTGTAAACGAACTTCTTTTCACTTTCTTCCTCACTATTTTTTTTGTTTTCGCTAGGGTCAGCAGAGTTGTAGAATTCCAAGGAGTCATTCCATGTAAGTAGTAAGAAGCTAAATACGCCAAGCAAAACGAGTGTTAGCGATATTATTCTCGTACTTCTCTTGATTGCTGTGTGCTTTTTCAAAACTGATGAATCCGCTATCATCTTTAACTGTTATTTTCCTTTTTTTAATTGCTCTTTACTGTTCTTGGAACAAGAGATTATGAAGTCTATAAAAGAACATATATATAAGTATTTAAGAGATAAGCCTGATTCAAAGACGTTTGCAAGTTTCAGTCACTTGGCCTTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:257392-259475

CAGTATGACCACTTTTTTCTAGCGCCATGATCTTGTCTTCAAGTTTTTGAGTGTATTTCCTATATTGCCTTATTTGTGATTCCAAACCTTGGAACTTTGTTTCCAAAAGGGTGCCGACCTCAAAGGGAAGCATTTCTACAATTTCCATAATCTCAGAATCTTGCAAATCAACCACATCTTTATCTAGTAGTTTTTCACAATTCTCTAGTTTATATTTTAATACTCGATTCTCCGCTCTCATTAGAGCCAAATTCGGATCACCATCATTGCCGGTGGCTTTAATGTCTTTATAAGTACTTTCATTGGAAGATTTGGTTAAGGGCTCGCCAATGTTTGAACGGTTCTTCAATTCAGAGATCATCCTACGTTGTTCTTCCAATTGGCGTCTCAGTAGCTCAATGGTGCGATCTTTATCTCCATCGTTATTCCCGTTACTGATGATGGATTTTTTGGATACATGAAGTGCGACGTTTTTCGCTCTTGATGCAAACCTCAGCGTATTCATAGTTTCCGCTGCCGCATCATTTCTGGTGTCGACTGTACATATCGTTGTCACTATGCTGTCACCGCTTAGTGCCGGCTGCAATAATCTAGTCAATTTAGAATCACGATATGGAATGTGGTTGCTTGGGCTAGTGCCGTTATTGGTAGCATTTCCACTACTGCTGCTACTGCCACTTGCAGATGGCGAGGGAATGTTTGAGCCTACTGAGTTCATCTTGTCGGCACTGAGTTTGGATATCACAGTCCCCAAAGCAAGTAAGGATTTGTTGATGAATGAACCTTCCTTTCTCCTCTCTTGTTGCCCCGTAGCCCTTTCCGAACCTGCTAGGTCACACAACGACAATGTACTCGATCTTGAGGTGCCGTTCTTTACGTTAGTACTTGTTAAACGAATCAGTACAATGGCATGAGATCGTGAGCTTCTTGCATTGTAGTCAGTTTCGCCAATTTTCCTACTTTTGTCACCAACTGCAATCCACCTCAATAATTCTTCACTACTTTCACATCTTCTTTCGGTGAGACCGATAACTTTGACCCCATACTGAGAGTCATCTCTGATTTTTAATTCTACGCCCAATCCATTGCTGTTGCTCTTGCTCATATATAACCTTGAAGGAGTACTGATTCTACTACCGGATTCTTCTAATCCGCTTTCTAACAGGTCGTAAATCCTTTCATTGTAAATTTCGAGGTACGATATTATAACGTCGAACTTTTTATCGCCATTCATTGATTGTTCCATGATATTGGTAAATAAATACGACACAGATAAAGGAATTAGGCCTAGCTCTTGTTCATTTCCGCTCATTGTAAACGTTTTACCTGACCCGGTCATACCGTACGCAAATATGGTGGCATTAAACCCCATCAATAACTTATCAATCATTGGTTTACTGGTTCTTTCATAAACTTCCAAATTAGTGCAATGGGAAGCAAAAACATGATCGAACTTGAACTCTCCAATTTCTTCATGCACTATTGTTTTGTCATTAGTAATAAACCAGGGGTCTCTAACAAATGTATTGCTACCGTGATGTGAGTTGGATCTTGGTTGAGAGTACCTGGGCGATTTTAGCCCCACATGGTCACGGGAAGTTCCAACGCTCCGTGGTTTCGGCCGGATGGTCACAGTGATTGACCCAGTATATGTATCGTTTTTTCTCGAGTTGTTGTTAATACTGTCGCTCCGCCTGATCCTTATCCTACCTGGGTGAAGGAAGGGATCGGATTTGGCTGATACGGATCTTAGTGGGGAGTTACTTCTAGTGGAAGATGCAGAAATCGACTGAGAACCCGAATTAGAGGTGCTCCGTATGGAGTTTCTTGTCAGATTAGAAAACGATGAAGTTGATCGTACAGAGGGCGATTGTGGGATATTACTTGAACCAGAACTAGACCTCGTTGATGGCCTCCTTAAGCTTGGGCTCATTTTTTGAATCATCAATGGTGGTATTATGGTAAGAATTTTATCAAGTGTTCTATGTTTGCCTTGATTTCAAATGTTTCTAGAGCGCAGCCTGTGAATCTCTGCAGCCTATTTCTTTTTATTTTTCGCTTCTGCTTACATTGCTTTATTATCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:259609-264439

GTTTTTTTTTTTTAAATATACTATAGTTTTTTTTATTGTTATCTACTTATAAAAGCTCTCTAGATGGCAGAAAAGGATAGGGCGGAGAAGTAAGAAAAGTTTAGCTCAAATTGCTTTGGCCAAACCAACCGCATTGTTGCCCAAATCGTAAATAGAATAGTATTTACGCAAGAAGGCATCACCAACGATGGCCAGTGGGCCAACAGGTTCTGGGAAATCCATTGGTGTAATTGCAGAGATACAGGAGCCTGAAACTTCAAGCGTGTAATCGTATGGCCCAATAGTGAAGTTGTAGCCATTGAAGTTGAAAATTAGATCAGGTAGATTGTCTCTGGTGTTACAGTCTAGAGTATATTGACCGGTCCAACCCTTCTTGGCCCCAATTTCAGCATTAATCATTTCAGCTAATCCTGATGGCAAGGTAATCAAAGAAGTACCAGTATCGATGGCGGCACCATGGCTCTCCAATTCGGCGTACTCGTCGCCTAAACCGATACCTTCAAACTTGACTTCCCAGTAAGCCTTACGACGAACAGGTAACCAAGTGATATCGCCCTTGAACTTAGACTCGTCAATACCACCAAAGGTGGCTTCACCGCCATTTTCAGTATCCTTTGAAGTGTCTCCCAAATAAAAGGCAAATCTCTTTTCGTCCAACAAATCTTGTTGAATGGCGTTGTAAAATGGAGGGACCACCTTATCAACAGAAATGGTATCGTAACCCAAACCCAAAATACCATCGAACTTGCCAAATGCAAATGTTAAGCCCGGCTCGCTGGTAGCCTCAGCGAAGTCTTGTTTTGGAATGGTCAAATCCCCGATGGACAAAGTGTCTTGAGAAATGTAACCTTCCAAAGAACCAGTACCATATTGAATGGCAAATTCAGTACCATTAGCTTTGTAGCTTGATGAAGCTTCATGATCGTATTTAGAATGTAGGAAACAAGCCAAGGAACCACATTCGTTACTTGGAACCCAAAGGTTTGAAGAACCAGTATCCAAAATAACCTTGAAGTTTTGAGGTGGAGTACCCAAAGTAATGTCAGTGTAATATTGTGCGTTCAAGTAATTTGTCAATGGAACATCGTGACCACCTTCAGTGAAGAAAGGATGCTCCCTAGAAAAAACAACTTCGGGGTTAGCTTTCTCAAATTGAGTCAAGTACTTTTGGCCTAAATGAGCTAAATGTTGCTCGAAAGTGACTTCTTTCATCTCATCGGACAACTCGTGTTTATAAATTTTAGCCTTGTGGACTTTTGCAGCAACTTGGTTGGCGCTGACCAACAACAAGGCCAATGGCAATAATGCTTTCAAGCTGAACATGTTAGTTTTGGTTTTTGTTTGAATTTTATTTGGATTAAATACTAGGTCACTAGGCTTTTTTTTTTTCTTTTCTTATAGAATTCTAATAGAAAAAACTTTTTATGAATACAGTAGGGTGAGATATACTTTTTGTTATTCTTCCCTTACGTGGTAGGCTTCTCAAATAAAAATAGAAAAGACCACTAAAATTTGATTATAAAGGCTTCGCTCAAAAAAGAAGAAGGTGGAATGAATAAATAGCAGCGAATTACCCAAACTTCTTTACTCTGTTCCCTTAACCAGTTGATAAGAGGTTACGAAGTACGGAAGTATGGCTTTTTATATAAATCCTAAAAAGGGCCGCCTCCGCCCCTTAATCCATCGACACCCGCAAATGAAATATAGTACCCGGAAGGCATAAGACGGGTTACAGCCTCTCCATAGATTCAATAACCGCTTTTGGTTATAGAAATAATCAGACCTCAGCAAATACAATTGAGGAGCTCAAGATATTGAAAACGGATTAACAAACTTTTTAAAATTATTTATGAGCTTGTTGTACCACATCAAGCAGGATTATGTTTTTTTCAGAACTTCTTTTTCTGATTCAAAAATTCATTAAGCATAACTAAAACTGAAAATCAAAACTTATTAATATACAAAAATCTATATATTTCAAAATGTAAATCGTATCAAAACGTCACTCTATATGTAATAAAAACCCAAAAAGTTATGAATAGATGAATTCTGAGTATTGGTATCTACCATCTTCTCTCTTAAAAAGGGGCAGCATTTTCTATGGGTATTTGTCCTTGGTTACGAAAATTGCAAATTCTCGGGGCCTTTTGAGGTTTGGTCCAATTTTGCCCTTTTAACCTTCTTACTAGGATCAATTTGTGATTGCGATAAACTTACCGAATGTATTCTCTTCAAAATGTTCCCCGTATTCGCATTAATCGGTGACTCTACCAAGTCGTTTAGTACCGAATTATTGCCGTTATTATTTGTATCGCTAACTGGCGGCTTCTTAGCCGACATTGATGAAGAAGAAGCCGAGGGTTGATTTGCACGTTGAGCTGCCATCATCTGGGTTAACTTTTTCACCAAATCTTTTTCTTCGGCTGTTTGCTTAAGTACTACTCTTTGTTCTTGTAACATACCTAATCCCTCGTTAAACAGACCTGTAGTATCGTTAATTTCCACTTTAAAGCCAATGACAAATTTATTGTTTTTATCCCAAATGATCTTGATTTCATCTCCGTCTTGTAAAAGGAATTTCGTACCCTGTATCATGCGGTTATTATTTAAATAGCTCACGTTAGTTCCGGTGTGGCAATACCAAATATCATCTAAACCTTGTGCCGGAGATTCATACATGCTTTTGCCTACAGCATGCCTCTTTTTGAAAATGAAGCAATGAACTCGAGACAACCTATTGTCTTCAATTTTACAATTGCAATCCTCGGATCTACCAATGAAAAATGGATTCACACCTTGCTGAATCTCCAGGCTTTCTTGAATAATGCTGTCAGGCAATGGTTTTAAAGTTAAAAACCTACCATTACCCTTTTTCTTTGAGCTCTTGACATTCTCAGTATTATTGGAATGTAAAAGTTTTTGTTCTCTAGTTTCTGCTTCAATGCTTTTGGGCTGTGTATATCGAATAGGGGCGTGTGCGGGTATTTTAAATCCTTGAATTTTTCCATCTTGGTCTTCCTGATCCTGTTCTTGAAGTTGTTGCTCCATTTGTAATTTCCTTTGCGCTTTGACAAATTCGTATTGAGCATCGTCCATATTTTCTAATAATTTCTGCTGCGACAACGATTGTGATAAGGATATTTGTGAAAAATCACCATATGATTGTGAGCCCAATGGACTCATCTTGATCCAGGGATGATTCAAGGCTTTTGCAGCTGTCGACCTATTATTTGGATCCACCTGTAACAATGAATCTATGAAATCTCTTGCTTCTTCAGATATCCGGAAATCTTTGAGGGGCCCTTCATGATATGAGCCTCTTCCAATCTGTTTATATAATTGGTCCTGTGTGCTACCACTAAAAGGTAAGTGGCCCGTTAGGATAACATACACAAGACATCCCATTGACCACATATCCACTAACGAAGAGTACTCATTCCTTTCTTCGTATTCATCAGGAGATACGGATGTATCTTTACCTCTGATGACTTCAGGTGCCACATATGCCAAAGTGCCACAGAAGGTTTTCATAAAAGACCCATTTCCTTGTACTTTTGCCAGACCAAAGTCGGTTATCTTTACCAATACAGGATCGTCTTGTTCAATAAGAATATTATCGGGCTTTAGGTCACGATGGCTGATGCCCATAGAGTGAATGTATTTTATTGCTGTGAGTATCTGCCTGGATATCTCCCTCCCAGCATCTTCTCCAACCGCACCATGAGCAGCAACAAAATCCATTAAGTCACCACCAGAAACGAACTCCATCACCATATAATAACTCTCAGTATCTTCATAAAATCCTTTCAATCGTACTATCCTTGGATGATTGAGCTTTTGCAATACTTCTAACTCTCTTGTCACACCATCCATATTGCCTATTACTTTGCGTTTACTTATAATCTTCACCGCGAATGTTTTCCCAGTAGTTCTTTCAATGGCTTTCTTTACTGTGGCAAATGCACCCTGGCCCACCACTTCGTCAATAATCGAAAAATCCTTAAAAATACCAGTCTTGTTGGCCACCATTGATGATGCAGTAGATGATGTAAGACCAGGAGAAGCTATTTTAGAGGTATTTTTCAGGTTAGATCTTATGCGATCAACTTTGTTCTGCTCGAGGCACTGCTTAAATTTGTCGTTTATGAAAATGACCAGAGATAAAATATCTGATTCCACGCCTACACCAACGGTTATTTCATCACCTTGAGACAGTAACTGATTGCTGTTCTTCTCGACTTTTTGCCCATTTAACCAGGTCCCATTAGTGGAAATGTCATTCAATAAAAGGTTACCGTCTTCTCCTAGTAGTATTTGGAAATGCTTATTTGACAGTCTTGAAATGTTTCCTAAATGATAGTCACAGGCTGGGTTTCTACCAAATGTCCAAACTTTCTTTATGGATCGTTTTTCCTTAAGCACTTGTGAAATATCAGCTGACAAATCTCGGATGGGAATTTGACCCGTGGTACAAATGACCCTGCACACAATGTTTTCGCCGATCTGTTCTTGAGAAAACTTCTCAATCAAAAACCTTTGAGTAGCCTGCGTGGATTGCTGTGTGGGTTGTGTAATATTTTCCATTTTTAGTTGATGTTGTGTAACACTATCTTTTCTCACTATTCTCTCTTTTAAAGCTTAAGAAAATCGAATGCATATACAAAATTAGTTTGTCTTCCAATAATCTCTACCGTCCTTTTCTGCTTTCTTACCTTTTCTTGATCAGAGATTTCAAAATGGTAACTTTGGTACCCTTTATCTTCTCAACCTGTACCTTTATTCTATAAATGTTTTCATTTCCAAGTCTACCCACGGTGATGATTTTTCTGCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:264899-267638

CCTAACGGATGTGATAGAACAAAAGGGATATCAATGACAAGAGAGAGGTACTTTATGTTAGTCGCCTGTGCAGAAAGAACAGTCCATAAACAACAATCCGTAAAGAACAATATAAATATTTAGAAAAAGATGTTGCCAGAAAAGAGACTATTGACTCCAGACGATATGAAACTATGGGAAGAATCCCCAACAAGAGCTCATTTCACTAAATTTATTATAGATTTGGCTGAATCTGTCAAAGGACATGAGAATTCCCAGTACAAAGAACCAATATCGGAGTCAATAAACAGTATGATGAACTTGCTTTCGCAAATAAAAGATATCACTCAGAAGCACCCAGTAATAAAGGATGCAGATAGCTCGAGATTTGGTAAGGTTGAGTTTAGGGACTTTTATGACGAAGTTTCACGGAATTCCAGGAAGATCTTACGTTCCGAATTTCCCTCTCTCACAGATGAGCAGTTGGAACAATTATCGATTTATCTAGATGAATCATGGGGAAATAAAAGAAGAATTGATTATGGTTCAGGTCATGAATTAAATTTCATGTGTTTACTTTATGGACTCTATAGTTATGGAATATTCAATCTTTCAAACGATTCAACTAACCTCGTGCTGAAAGTTTTTATAGAATACCTTAAAATAATGAGGATACTAGAAACTAAATATTGGCTTGAGCCTGCGGGCTCTCATGGTGTTTGGGGATTAGATGATTATCATTTCCTTCCATTTCTATTTGGTGCCTTCCAATTAACCACCCACAAGCACTTAAAGCCGATATCAATTCACAATAATGAGCTCGTAGAAATGTTCGCTCATCGGTACTTATATTTTGGTTGTATCGCTTTTATTAATAAGGTCAAGTCATCCGCCTCCTTGAGATGGCATTCTCCTATGCTAGATGACATCAGCGGTGTAAAGACTTGGTCAAAAGTTGCTGAAGGGATGATAAAAATGTATAAAGCCGAAGTCCTTAGTAAATTGCCCATCATGCAACATTTTTACTTTAGCGAGTTTTTGCCTTGTCCGGATGGTGTATCTCCACCAAGAGGCCACATACATGATGGGACTGATAAGGATGATGAGTGCAATTTTGAAGGACATGTTCATACTACTTGGGGAGACTGCTGTGGTATAAAGTTACCGAGCGCTATTGCGGCTACTGAGATGAATAAAAAACATCATAAACCAATACCTTTTGATTAGGAAAAGTCCATTTATAGATGCTATCTCATTGTATATACACGTATACAGGGTACGTACTTTTTCCATCTACTCCCACTAAAATCTTTTGGCGCTTAAGTTGGGGTTCCACGCTAGCCCCGGTTCTGACTCTTTTGTAGCCGTCTCATCCTGTTTCCAAATCTTTATGCTTTTGTCTGCTTCTCCAGTGATTAATCTTAAACCTGTTTTATCGAAAGTGCTACAAAGAACACTCCGTTCACCTTCCAGAGAGCCTACCATTTCTCTCGTGGCCAACGATTGGTATTTGTGACCAGACTTATAATCATAAAAGGAAAGCACACCATTGTCACCGCCAGCGAATAATACATCATCTTGATTAATGCTTAAAGTATTGATTATGCCTGTCTTTTCAGACTCAAAATTGGTGAGTAAAGACCCCTCTGCTAATCCCCATGATCTGATGTCATCAGTACACGCAGAAGCCACCGAAAACTCCTTAGGATGCAACGCTGTAGCTCTCACAGACCTCTTATGATGTGTTAGAACTTTCATTGTTTTCCCAGCAACTACATCCCATAACCTTACCGTAGCATCAGTCGATGAACTCACCACTTGAGGGTCTACTGGAGTACACTGTACTTGATTGATTGGACCCTTATGCCCAACTAGTGTAATAACAGGTATTCTGGTTCTCATATCCCAGAGTTTGATAACGCTATCTCGGCCTGCGGTAGCTATGAGATCCAGCGTTGGATGTATGCTCACCGTACGAACCCCCGATAAATGTCCATAGTAATCTCTAATAATTTGGTTTTTCTCTAGGTCCCAGCATTTGACCGTCTTATCTTCACTAACAGAAAATAAATAAGGATGTCGATCTGACACAGCAACGTCTCTCACTGTCATTACATGCCCTGCTAAGGTAGTTTTTAATTTTCCTGTTGCAAGATCCCAAACTTTCATTGTCGTATCATTACTTCCGGTGATGAACCATTCGTTGTCAACAGGATCGATTGCAACGCATCGTACCCATCCAAGATGGCCATTGATAACGCGTGAAAGTTTCCAGGGTGCATGCCATTCCGGCCTTTGTGACAGAAGTTTTTCGTATCGATTAACTATAAGTTCTTCAGCAACCTCTGGTTGGAAAATTTTATTCACAAAAGCAGATGCATGCGTATCGTGATCTTTCTTGCTAATCACTGCTTGTGATGCTTCTGAAAAATCTGTAGGAACATGCTGCAGAGTAACTTTCTTGCCTTCACCACTAAAAGAAGAACTTTCCTTCCTATAAGTATCATATCGCATTAGCAATGATTTCTGACCTTCCATTTCGCTTTGTAGGTGGGGCGGCAGAGTGGCCATATATGAAAATTGGTTATTCCAGCGTATTCTGGAATAAAATTTGTCTACATCTCCTAAATTTTCGACTTTGTGATCATTTCCGTCCATTCTCACTAATCTCCATGTAACACAGTGTCTGCATCCTCGGAAATGGTTTTAAGATGCAATGAAGTGGGTAATAATTACTGTTAGCTTCACATCTTGAATAATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:267720-272993

CTCGAAATAGGAATACGAGATGAGGAGTAATTCTCTGAAAGTAGATAGCTCCTCTTGTCACATTGAATGCTACTTTATTGTGACTATAGGTGATTTAAGCGAACGAATGTTCTTAGGTCATCGTGGATTTGTGTGGTGATTTTCGGCTTATCTTAACAATGTTGACCGCGTGGACCCTCCCAATCTTGACAACAGAACACTTATCAATAACGGTATACAATAAATATCTTGTATGAATTAAATAAAGTAACGTTTTTTCCCTCATATCATTCCGAATCATTACGAAAATTCCAATACCTGTATTTTGAAGTCAACAAGAGTTTCGTTATCCGAATACTATTTTTTGTATCAATAAATTTTGTTTCGTTTTTCATTAATAACTAGTCACTGTGTAGTGGAAGCAAGTTCTCCTTATCCGTTGCCAAGAGACAATAAAAGACCCACATATAGGTGAATATACTGCTCACCATGGTTAATCCTGTTGGATCCTCGAAATTGGAACAAAACAATATAAAAAGCATTATAGGATCATCGTACAATCGACTATACAGCCAATTTACTTCTGATGAGTTGACAGAAGTGGGAAACTACAAGATTTTAAAACAAATAGGTGAAGGAAGTTTTGGAAAAGTATATTTAGCGCTCCATAGACCAACACATCGTAAAGTCTGCCTAAAGACGAGTGATAAGAATGATCCCAATATCGTTAGAGAGGTATTTTACCATAGACAGTTCGATTTTCCTTATATTACAAAGCTTTATGAAGTGATAGTGACAGAATCAAAAGTGTGGATGGCATTAGAATATTGCCCAGGGAAGGAATTATATGACCACTTACTTTCTCTGCGTAGAATATCGTTATTGGAATGCGGAGAGTTGTTTGCACAAATTTCAGGTGCTGTTTACTATGCACACTCAATGCATTGTGTTCATAGAGATTTGAAGTTAGAGAATATTTTATTAGACAAAAATGGAAATGCAAAATTGACGGATTTTGGTTTTACGAGAGAATGTATGACAAAGACGACATTAGAAACGGTTTGCGGTACCACAGTTTATATGGCACCTGAATTGATAGAAAGAAGGACTTATGATGGATTCAAGATTGATATATGGTCATTGGGAGTGATACTATACACATTAATTACGGGATATTTGCCATTTGATGATGACGATGAGGCTAAAACGAAATGGAAAATCGTCAATGAAGAACCGAAATACGATGCTAAAGTTATTCCGGACGATGCTAGGGATTTGATCTCACGATTATTGGCTAAAAATCCGGGAGAGCGCCCATCGTTGTCACAAGTTTTACGCCACCCTTTTTTACAGCCTTACGGTTCAGTGGTTTTAGATCAGACTCAGAAAATTTTGTGCAGACAGCGCAGTGGAGGGACTCAGTTTAAAAGTAAATTAGAAAGGCGATTGCTGAAGCGTCTTAAACAATCAGGGGTTGATACGCAAGCAATAAAACAATCAATTTTGAAAAAAAAGTGCGATTCACTCTCGGGTCTATGGTTATTGTTGTTAGCCCAAGGGAAAAAGCAAGAAAATTGCAAATATCCAAAAAGAAGCAGGTCCGTTTTATCAGTCAAAAAAGTTATTGAAAGTGCTACGCATAACGACACTAATGGCATTAGCGAAGATGTTTTGAAACCCTCACTTGAACTTTCTAGAGCTGCTTCATTGAGTAAAATGCTCAATAAAGGCTCAGATTTTGTAACATCGATGACTCCGGTTAGCAGAAAGAAGTCTAAAGATTCAGCAAAAGTTCTGAATCCTACTCTCTCTAAAATATCCTCACAAAGGGCTTATAGTCACTCTATTGCAGGTTCTCCTCGCAAGTCCAATAATTTCTTACAAAAAGTTTCTAGTTTTTTCAAGTCAAAAAAAAGCTCTAACAGCAATAGCAACAATAGTATTCACACAAATGTTAGTGAAAGCTTGATTGCAAGCAATAGAGGAGCCCCATCTTCAGGGTCGTTTCTCAAAAAAAACAGTGGTTCTATTCAGAAATCAAGAACTGACACTGTTGCAAATCCTTCAAGGACGGAGTCTATAGGATCGTTAAACGAAAATGTTGCCGGTGCCATTGTGCCACGGAGTGCTAATAATACTACATTAGAAAATAAGAAAACTTCTGGGAATGAAATAGGCTTAAAAGTAGCTCCAGAACTATTATTAAATGAACATATCCGAATAGAGGAACCTCGCCTCAAGCGCTTCAAATCGTCCATATCAAGTGAAATATCTCAAACTTCTACTGGTAATTATGATAGCGAATCTGCGGAAAATTCTAGGTCTATATCTTTTGATGGAAAAGTTTCCCCGCCACCGATACGAAATCGGCCATTGTCAGAGATATCGCAAATTTCTAATGACACTTATATATCAGAGTACTCCACTGATGGTAATAATTCGTCATTCAAAATTTCAGACACTATCAAGCCGAGCTATATACGAAAAGGCTCTGAAACTACCTCGCAGTATTCAGCTTCATCCGAAAAAATGACAAATGGCTACGGTAGAAAATTTGTCAGGAGGGATTTAAGCATTGTATCGACTGCGTCGAGCACCTCTGAAAGAAGTTCAAGAACAGATTCCTTTTACGATATCACTACAGCTACACCAGTTGTGACCACTGATAATAGGCGCAATAAAAACAATAATCTGAAAGAGTCTGTTTTGCCCAGATTTGGGACTCAAAGGCCATGGACTGGCAAAAGGACGTATACCACGTCCCGCCATGGCAAGAATGCTAGGCGTTCGTCTAAAAGAGGTCTGTTCAAAATAACTTCTTCAAATACAGACTCTATTATTCAAGAAGTAAGCTCATCAGAAGAAGAAGATCATAATGTTATCTATAGCAAGGGAAAGGGTCTTCCAACACCAGTTTTGCAAACTAAAGGATTAATAGAAAATGGGTTGAACGAACGCGATGAAGAAGGAGATGACGAGTATGCAATTCACACTGACGGAGAATTTTCTATCAAACCGCAGTTTTCCGATGACGTTATCGACAAACAGAATCATTTGCCCAGCGTGAAGGCTGTGGCAACTAAACGTTCGTTGAGCGAAGGAAGTAATTGGTCTAGTAGCTATTTGGATTCGGACAATAATCGGCGAAGGGTATCTTCATTGCTAGTAGAGGATGGGGGGAATCCTACAGCGTAGGTACCGGATAACAGAGTAACTGGTAAAAACGGCAAAAAATACTGTAAGGAAGTTGTCTATATATGTACATATGGATATTGCGGTATAATAAAAAAGCTTTAAAATTATAAAGAAACCCGACTTTTATCACATATAATTATATTATAAAAAAATAATGGCATCTGTATGAACTCGCGATTAAGCTCACTTTTTTCTAATGATCGAAGTTTTGTCCGGTTATCCAACTGTGGCAAGAACATCGCGAGGCGGAGCTAAACACAGAATTTTTGTAGCGCGATGAGAAACATAACGCCTCTTTAGATAAATTATCATCACCTTTTTTACACTAAATAATGAAGTAGCATGCTCAGAAGTGCGAATGAATTTTTGTTCTTTTGGTTCTAGAAGAACGGAGATAGGAAACCTATGATGTAAGTATGAATGACATTAAACAATTACTTTGGAATGGTGAGCTTAATGTGCTGGTATCGATCGATCCTTCATTTTTGATGAAAGGAAGTCCAAGAGAAATTGCGGTGCTACGAATAAGGGTACCAAGGGAAACATATTTAGTCAATTATATGCCCCTCATTTGGAACAAGATTAAAAGCTTTCTTTCTTTTGACCCATTGACCGACAGTGAGAAGTATTTCTGGTTTGAGCATAATAAGACGCCTATTCCGTGGAATTACCCAGTAGGTGTTTTGTTTGACTGCCTAGCCGGAAAAAGCGCTACTTTTACCACCTCTTTTGAGAACCAGGTAAAGGATGTTCTCACTTTTTTGAGAATTCACTTGGTTATGGGCGATTCGTTGCCACCAACTATCATTCCCATCGCATCTAGCAAAACGCAAGCGGAAAAGTTTTGGTTTCACCAATGGAAACAAGTTTGCTTCATACTGAATGGTTCCTCAAAAGCTATTATGTCTTTATCGGTCAACGAAGCTCGAAAATTTTGGGGCAGTGTTATTACGAGAAATTTCCAAGATTTCATTGAAATATCTAACAAGATAAGTTCATCAAGACCGCGACATATACCGCTCATCATTCAAACCTCAAGGACATCAGGAACTTTTCGAATATCACAACCAACTATCAGTATGACTGGAGTCAATCCTACGTTGAAGGATATTGAAGGCGATATTCTGGACGTAAAGGAAGGAATCAATGGTAATGATGTCATGGTTATTTGTCAAGGAATTGAAATTCCTTGGCATATGCTCCTGTATGATTTGTATTCTAAATTGCGAAGTTTTGATGGCTTTTTGTACATAACTCTTGTTCCTATAAAAGGCGGCGATAAAGCTTCCTCTGAGCTCTAAGAGCTGTTATATACGCATTTAAAAGTGTCATTCAAATATCGCAGAAAATAACTTGGACGTTGAAAATAGGGCCACATTTATACGGCTGCAAGAAAACTTTTACTCTCTTTCTACCAAGTTTGTTACTGCAATTAAATAATCTTTATCATGGGATAGCGAAACTAAAAACTCATGAGTGGAAAAGAGAGAATCGTAGTTTTTCGAGAGCTGTTGATACTTTGGATACTTTTTTCCAAACATCTTATCAAACTCTAACTGAGGTACACCTGTATCGGTTTGTGTTTTATATAGCATTCCAGCGTACAGTACTTGGGCAGGAGGTAGATCATGCTTTGAAACACAGCAACACAACGCTTTCAATGAGCATTCCTTCAAAGCCCAAACTCCCGCTATATATTCATGCAATCGTGGAGTTAAGCAGTTTTCTTCGATGAGAAGATTACTGAAATGAAATCTTTCCTTTTCATGCATGAACTTCCGTGTTATTTTATTCAAGGTAGAACGGCCACATGGGTCGAATGGGGAATATTTCTCTAGTATATGTGCAAATCTTGGCAAGTATACAATGTCAACTCCCACTCCTGCTATCTTACGTCCAATATTCCTCGATGCAAAACTCATCACTGGAGGCATTCAAAGCTAGCACTTATGAAATAAACGTTCATTAGAAAGCAATACTCCTGATAAGAAAATAGTGCTTAGCTTCTATTCAGCCTTCTTAAAGAACTAGCTTTTCTATCAAAAGTCAGATCTCTTATGACCGCTTGAACCTGTGGAATGTATATAAGCAGTTTTGATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:273165-280030

AAGATATATAAGAATGCTTCTCTAAGAAGTGAGACTAACAATGAAACCCGTTTCAGACAATCTGGAAGTCTTAGAACGCATAACACAGAAATGTCAACAACATTAGCAGCACCAGCGAAACTAAAGAGTTTGCTCCTGAATCTACATACTCACTGTATTGGGCTACACGTTAACGATGTCACACCTAAAGTATATTTCAAGTTATTGATACGGCATCTTCTACAGATATCTAGATCAAACGCTGCTCATCCTAAGCTAAGAAGAAGGGCCCAGATTTTATTGGTATCGCTTTTCCTATCTGGTGTCACACTTTTTTCTGGTGTAACATATAGTACTTTCAAAATTATTCTAAAATGTTATAAATTTTACAAGTTTCCATGGAAGAGAAGGAATAGGAGACCTTTAATAAGAAGAACAAGATCTCAAATGCAATTAGACAGTGGTGCAAGAATAATGTATATTCCTGAAGTGGAATTAGTCGACCGCCAGAGTCCCGATGACAACAAATTTATGAATGCTACAGATAAAAAAAAAAGGAAAAGGATATTTATTCCACCAAAGGATAACGATGTATATGAACACGATAAGTTTCTTTTTAAAAATGTAGAACTGGAAAGAGCCAAGAATTCGCAGTTATTCTACTCAAAATTTTTAAACCAAATGAACGTCTTGTCTAAAATTTTAATTCCAACAGTTTTTGACAAAAACTTTCTTCTTTTAACTGCTCAAATTTTTTTCCTGGTGATGAGAACTTGGCTCTCTTTGTTTGTAGCCAAGCTGGATGGACAAATAGTCAAAAATATAATTGCTGGTAGAGGAAGAAGCTTTCTGTGGGACTTAGGGTGTTGGTTTTTAATTGCTGTCCCTGCTTCTTATACTAATAGTGCTATTAAGCTACTTCAAAGGAAGTTGAGTTTAAACTTTAGGGTAAATTTGACACGTTACATCCATGACATGTATTTGGATAAAAGACTAACATTTTACAAATTAATTTTTGATGCAAAGGCGTCCAATTCGGTAATCAAGAATATCGACAACTCCATTACTAATGATGTTGCAAAATTTTGCGATGCGACATGCTCCGTTTTTGCAAACATTGCAAAGCCAGTTATTGATTTAATATTCTTTTCGGTTTATTTACGTGATAATTTGGGAACTGTGGGAGTAGCAGGTATATTTGTTAATTATTTCATTACTGGGTTTATTTTGAGGAAATACACGCCACCATTAGGTAAATTGGCAGGCGAGAGATCTGCTTCAGACGGCGATTACTACAATTATCATCTAAACATGATAAATAATAGCGAAGAGATCGCATTTTACCAAGGAACAGCAGTGGAAAGGACGAAAGTTAAAGAGTTGTATGATGTGCTGATGGAAAAAATGCTGCTGGTTGATAAAGTCAAGTTTGGTTACAATATGTTGGAAGACTATGTTTTAAAATATACATGGTCCGGTTTGGGTTATGTTTTTGCCTCAATCCCTATCGTTATGTCTACCTTAGCGACAGGCATCAATTCAGAGGAAAAAAATATGAAGGAATTTATAGTCAACAAAAGGTTGATGTTGTCGCTTGCAGATGCAGGCTCGAGATTGATGCATTCGATAAAGGACATCTCACAATTGACCGGCTACACTAATAGGATATTTACTCTGCTTTCCGTCTTACACAGGGTTCACTCTCTGAACTTTAATTACGGCGCTGTTCCTTCAATCCTGTCAATACGTACAGAAGACGCTTCCAGAAATTCCAACTTATTACCCACCACGGATAATTCGCAAGATGCTATTCGTGGTACTATTCAACGCAATTTTAACGGTATTCGGTTAGAAAATATAGACGTAATCATTCCATCAGTAAGGGCGAGCGAAGGCATAAAGCTGATTAACAAGCTTACATTTCAAATTCCTTTGCATATTGACCCAATAACTTCAAAGTCCAATTCTATACAAGACTTATCGAAGGCAAATGATATAAAGTTACCATTTTTGCAGGGTTCTGGCTCCAGCCTGTTAATATTAGGGCCAAATGGTTGCGGTAAAAGTTCAATTCAACGCATTATAGCTGAAATATGGCCAGTGTATAACAAAAATGGATTATTGTCGATTCCTTCAGAAAATAATATTTTTTTTATTCCTCAGAAACCATATTTTAGTAGAGGTGGAACTTTAAGAGACCAAATTATATACCCCATGTCCTCGGATGAATTCTTTGATAGGGGGTTTAGAGATAAGGAGCTAGTACAGATATTAGTCGAAGTGAAACTAGATTATCTTTTAAAAAGAGGCGTTGGCTTAACTTACCTAGATGCCATTGCCGATTGGAAGGACTTATTAAGTGGTGGTGAAAAGCAAAGAGTAAATTTTGCTAGAATCATGTTTCATAAACCACTATACGTAGTATTAGATGAGGCTACAAACGCAATTAGTGTTGACATGGAAGACTATCTGTTCAATCTTTTAAAACGATACAGATTCAATTTCATTTCCATATCACAAAGACCCACATTAATCAAATATCATGAAATGTTACTAGAGATCGGTGAAAATCGAGATGGCAAATGGCAATTACAGGCAGTTGGTACCGATGAAGCAATCACGTCGATTGACAACGAGATTGAGGAATTGGAGAGAAAACTAGAAAGAGTAAAAGGTTGGGAAGATGAGAGGACGAAGCTACGGGAAAAGCTTGAAATTATTTGAAAACACCCTAGAAAGGGAGAGATTTTATTTAGCGAATATAATTTATATATTATTTCCGTAACTGAATTTGTACTTTTGAATGTTTAACTGATATCTAGAGATATCGACATGGGAATGCCCTCTCAAACTAGAAAAGGGCAGAGAACGAAAAGAAAATGAAACAATTTGTTACCTACTATACAGTTGTTGGTCTTGCCAACACAAATATGAACATATATATATATATCTCACTTGATGAATCCACGTATCAAGGACAACCTTTTCATGGAAACATATACTGTAAAACAAAAAACTCTATTTGAAGTCCTTATGTGTCCACTTTTCAGTGATTTTCTGCTTATACTTTCTACCTTTCCTAACGGGCACTCTTGTTTCGACCTTACCAGAACTTTGTAGTTTTCTCACAGTATCATATAGCAGATTTCCTTCAGGTTTCAGTTTTCTCAATGAGTCAGATAATTCGTCAGAAAATTTAATCTCCAATCTTTCATCAATCACAGAGTATTTCGTCCCTAACTTGTGTTTCTTATTTTTCTTGCTTTTTTTAACCTTGTTGCTATCTGACTCTATGGCTGAAAGTATCTCAGTCTCTTCAGAATTGATAACTTCTTCTAAATCTTTAACACGTTGTCTCAATTCTTTCAACTCTTGTTGCAATTTTACTTTCTCTTCATGTCTCTTTGCCTTGTTTCTTTGATATTTTGTTTTCTTTTTATTCTTCACAGGCTTATTTATTGATAGTTTTATTTCCTTATCAGATCCACTACATTGCGTACTTTCATTTTCATTTTCATTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCGTTTGATGAAGACTCTTCCTCTTCATTGTCATCTAAAGTTTCCATTAAATGTCTAATTCTTTCTTTGTACTTTTCCAAGGCGATTCTTTCATCTTCTCTTGCCTTTTCCTCTTTATACTCTTTGTTTATCAATTCTGACCAAGCTTTATTGTTGGGATTGTAGGATTTACCAGCATGTGGAATTTCTGTGAATTCTTTTACTGCAATTGGCTCTATATCTAAAGTACTTGGTCTGACTGAAGCAGTAGACCAACTTGTCGTGGATTTTTTCAATAGTTCTTCAGGTATCTGGTCCTTTTTTTCCACATCAAGTTTGATACCGGAAGGTAATTTGACCTTCTGTTTCTTTGAATTGGATTCTTCACCCCATAAGTCGCCAGCCGTTGTTTTAACTAGACCGTCTTTGGCAACTCTATTCTTGATCTTCGATTCGCCGTGTACTCTGCCAGCCAAAGCCATTAATTTCTTTAATTCGTGTTTAGAAACACCTTGAATCTTATTAGGATTTCCACTACTATTCTTATGGTGATTTAGTGCTGCAATTTTTGAATTCGTTTTAACGGCGTCTAAAATCTCTTTACTTTTTAGAACCTTCTTAATTTGTTTCCTTTTAATTAATTTATTTTTCAATATCTCATCACCCTCAACATCAACATGAAAAAGAGCATCATTTTGCAAAGAGGTTATATCACTGGTACCATGCGTAATTTCATGATCAATTTTCTTTTCCATATATTGTTCTACGTCAGATAAATCGATATTTTTTCTCCATGCTTTCTTACCCTTTCTTGAAGACTGTTTGTATTGAGATGGTTTCTTGGTTAGATTAGTTGGAGCCATTTTTAAATAAATGATTCATTAACGTGAGGATGGTATGGATCACAAGAAAGCCGAACTAATAGCATAAGTTGTAATGTAAGGACCCCATCGCATTTTTATTGCTCTTTTCTTTTTTAGAAGTGAAAAAGCTCGGGCACGGAAAATTTTTTGATGGAATTATAGAATTTCGTCAAATATGACTGTATTCTCTCAGAGCACACCTGTTAGGTAATACGCAATATTATGATAATATTACTTTAGTACTTGGCGTTAGCCTCTTGTGTTTCATTGTTATGGAGTGATAAAACAGGCCTATGGTTCGATAAGCGTACAGATTTTGGGATATACCATAAACTTTGTATAGAAAGTGTTGTATAAGTGCATATACTCCATCGATTATGTGGTTCTACAAAATTGACATAAGAAAATTAGAGAGTTATAAAAAAGACAAAAGTGAGGATATCAACAGAGAAGATAAAATATAGTAATAGGTTGTAAATAATAACAAAACTTGCATGAAAACTTGGTAAACTTCAAATTTTAACCTTCGTATGATGATTAAAAAGGATATGACATCATGAGAAAAAAATGAGCGATCTGTCTATCAATAATTAAAGGAAGAAGTAGAAATAGATAAAGGTTTTTTCTGCTTCATCTTTAACAGCAATATAGCATATTCTTGTGGTTCGAAAGAATAAATTCTAGTCATTATAGTGAAAAGAGAACAAAACAATATAAGATTTAGGGGATGGTAAAAATGATTTCTTAGTTCCTCTAATGATTTCATATCCTTTCCTGTCACATGAAGAGAAAAAGGAAGGAAAAAGAAGAAAAGATAGATAATATATTAGTGCAACGGTAACAAGTTGTTACTTTATCGTTCTCCTTACAAAACAATTTCCTTTTCTTCGTCCCACAACTCTCTTTGGAATCTCCAATGAATGGATGAAAGATCCTCCTTCCTGTCTTCTTTGTCACCCACCAAAGTACCACTTGGAGCATTCTTCGTTGATAAATTTAGAGCAGAGGCGAGTTTTAAGAAAGTGTCATCCTTTTCAGGTACAAGGGCGCCTTCTTCGGGCGTGACAGAGTAGTCAAAATCTTTGAACCATCTTCTTTGCCAGCTAATGCCTTTAGCTTCTTCCTCTTTTCTCAATTCTCTTTGCGTTTCTTCCAATTCAGTTTTCGTTTTGGCAATTAAGTTAAAATCGCCTAATTTGATGGCACCAGCCACGTCGTACCAGGCTTTTCTACTTTCCAGTGGGTGTTGCTCCTCCAAAGGCTTGACATTCAGATGTTCAGCAGGGATTCTAGCAGCATCGTAAAATAATCGTGATTCTTCTTTCTTATTTGCCTTGATTATTTTAGAAGAGCCAGACCATTGGCCTGATATTGTGTATAATGCCTTTTCCTTGTCCTTGCTATCTTTAGAGTCTTTGTAAATTCTTGCCTTGAATGAATTCTTTTTACCAGAAAAGTAGCCTCTACCTGAAAATTCAATAACACAAAGTAGACCTGTCGAAGATTGGATATATGATTTTCCTTCCAATTCAACAAAGGGAGAAGCGACAAGAATACCTTCAATATGCAATGGAGGTGGGGTAACCAAATAACTCTCATCCTTAATATCCAACATAGTGTGACCAAATTGTTTAACAGTCAGCATTAAGGATTTAGTGAAACTGGCTTTAATTTGGTTGTAGCCTTGCAGCTTAACCTTGTTCTTATCATTGAAGATGGAAAAAGCAGTGACGGGTGGATGGTGAGAAACTTGCTCACTTAACAAAACCGTTTCTCCAAATTCAGGATGCTCTTTATTTTCCCATTTACCAACGAACAACTCACCTAGAAATGGGTTCAAAGGTTTTTTCTCAGAACCTAAGGATTCATTACGAGAACAGTATTGAGATTTTAAAGTGGAAATGAACCATTTAGTAACGGCCAGCATACGGGCCAATTCGGGTGACTCGACTTCAGGGTCAATTAAACAGTGTTCTTTGTAATTATCGTCATTGATAAAAGAGGGTTCCAAGAATAGCTCTGGATGTTCAGCCCAGTACTGAGAAAACTCGGTCAATGAGATTGGAGATAAAATGAATGGAGGAGCCGATAACGAAGAAAGATCACCATTGAATGAAGCGATTGACTTCAAGAAAGAAGTCCATGAGGATGAGCTTGCGTATTGAGACATGACTTGAAATTCTTGAGACTAAATCTTATAAATTTTTCGATTTGTTTCTAGGAGAAAAGTTTGATATATTTCTGTTATGTTCAGACTGGTGATTTCGTTGAAAGCGTGAACAAATAGCCAGTTTCTATCCAATGTATAGTTTTCTTTCTTTGTTTTTTTCTTTAGTACAACAGCTAGAAATTGGGTAAAAAAAAAGCCAATGTGATAGAGTCAAACTCAAAGAAAAGTTTACTTAAGAACTTATCGACGAAATATCGTTTTACTTGGAATAGTAATACTTGCACAGCTCAAGACAGAACTATTGAAAAATAAACCAGAGCCCAATAAACGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:280383-287071

AAGATTAGGTTCTGGTATATTGTTTATGTTTTACAAATGATTTGGACCGGGAAATTGCAAAAGATGCTTCCGTTGAGATTAGACGCGAGTGATTGTGATGTTAGTAAAGACGATTAGCCGAACTATTGAATCAGAATCTGGATTTCTACAGCCGACGCTGGATGTTATTGCTACTCTACCTGCAGACGATCGTTCTAAAAAAATACCTATTAGTCTGGTAGTGGGATTTAAACAAGAGGCCTCGCTGAATTCATCTTCATCCTTATCATGTTATTACTACGCCATTCCCTTAATGAGGGATAGACATATTAACCTCAAATCAGGCGGAAGCAACGTTGTGGGGATACCGTTATTAGATACTAAAGATGACCGGATTCGTGATATGGCTAGACACATGGCCACAATAATATCTGAAAGGTTCAATAGGCCGTGTTATGTAACGTGGTCATCGCTGCCTAGTGAAGATCCCTCTATGCTAGTAGCAAACCATTTATATATCTTAAAGAAGTGTCTCGATCTCTTGAAAACTGAACTCGGTGAGTAAAGTAAGAGTTCTTTAGACATTCATGATTGTAATGTAATTTAATTAAAATACTAAGTATAATGCGGCTCCAAAATACTGAATCAAACCTTTGATTCGAAAATATTTTGGAAAAAATAAATGATTTGATTGACTTGTCAGACTGCCATTTGTACCCACCCATGAATCCCTATCCTTCCAAAATGGAAGCACATAGGATGGGTCAAGATCATCGCGCCATTAAATATCGCAACAAATTCCAAAGGAAGTTATCACAATTGCAACGGCAAAGCAAAATTTTATTCAAAATTATAGATGGCCGAACCGCTAAGGATTGCGGACCAAGCTAATTTAAATTCGATTTCATTTCCTCACTCTGGGGTACAAAGGTTATGGGGCTCATCAACCAAGTTGGATTCAGTGGCTCTTTTGAAGAGTCAAAGAGTGACGATTCCTATAGAAATGATCCTACTGTTGAATGTGTTAGTCAAAACCTGAAGCTGGTGAAATAGAAGATGGTTGTTGAATACGACAATCGCATTGCCTAATTATTGGGTATGCTTTGTTATATTCCTAATAAAGTATATGGTATAAAACATACTGAAGTACGTCGACAATTTTTTTAGTAAAAAGAACAAGAAGAGAATAAAACTAAGAAAAGGATGAATGAGTGAAGTTATCAAGTTGTTTGGAAAGAGCTCACTATTTATATGTTTCTTTAACTTTACTCATTCACCTCATCGAGAATGGAAAAACTAATGAAAAATTCAGCCCTAAGAAAAATGCTCGAAATACATATCGTAGTAGTTACCCACCTCTCGTTGCAATTTTTTCCACGGCAATATTAACATCCTTACCTCTTTACACCCTTACACTTCCTTTGATTACTTTTTTTTTTCTTCTCTCAGTTTGTTTCGCGTACACACCTTGGGTGCCCGTCGAAGAATTCTCCGCTCAATGGAACGTACGGAGGTCATACTCAGCTTCCCTCTAGCAGTACAGTCGTTAGACAGAGCTGATTCATCTTTTCCGGCCTAAACTCGTATCCTGTCCCTCCCTTCTACTCTTCACCGGCATGATACCTTTGCCTCCCGTTTGGCAAAATATTCGCTATCAAGCTTTAATTTACGTGTATTAATCACTAGTTCAAAACTTGAGTTATTTTGCCTTGAGCAATTGTAAGAATCCGTAAGAAACCAACAATCAAATAAATTGAAAAATGGCTGAATCCCATAGATGTATGTTAAAACTGATGACGAGAAGACATTAAAAATATTTTGTGCTAGTAATTTGGAATTTTCAAGTGAAACGTTGATAATAAAGGAAAAAGCGACTTCAGAAAAGCTACCAGATCATATACGTGGTGACTAAAATGTGCAAGAATATAGAAAGTGTAAGATGAATGCAAAACTCAGATTTAACACCAGACAGCTAAAGGGTCCAAGTAGAACAAATCAAGTATACCAGAACTATATCTAAGTTTTATCTTTATAATAAAAGAGTCTACTATCGTTTCTGGGTAACTTATAAAATAATTTGCAGTATCGAAATTTACGAGATCACATTTACCATCGATATCCAATTTGACTGTTAAAAGCTCTAAATTATGGCATTCTTCGACAATGGAGAAGCCTAAGCTTGATGATGAAGTCGCATAACTCTTCGATAATACAGAATTTGCTAGCTCAATAATAACCACCATCTAAGATGATCATTAAATACTAACATTTTGTTTTGGGATTTTATTCCTTTTTTTTTTTTAGTGTACGTCAAAGGTAAGCACTTATCCTACCAAAGATCCAAGAGAGTCAACAACCCAAATGTCTCTTTGATCAAGATCGAAGGTGTCGCTACTCCACAAGATGCTCAATTTTACTTGGGTAAGCGTATTGCCTACGTCTACAGAGCCTCCAAGGAAGTCAGGGGTTCTAAGATTAGAGTTATGTGGGGTAAGGTTACCAGAACTCACGGTAACTCTGGTGTCGTTAGAGCCACCTTCAGAAACAATTTGCCAGCCAAGACCTTCGGTGCTTCTGTTAGAATCTTCTTGTACCCATCCAACATCTAAATTTGTTGATTGTATAAGTACTCTATTAAACATCGTTATTTTCTCTTTTATTACTATTAATATTATTATATTTTGAGAATAGAAAAGACTAATATATATATAGTATAATTTTTAAAATTAATTCCGTACAAAAGGCAAAAGAAATTGTCTTCTTACTTAAAATGTCTGCGAATCTCGCTGTAAGCGCAGTGAAACAATGTTCCCGCTTAGAAGACGTGATTCAAGCGGAGTGAAGCTATGATTGATAATAAGTAACAATTTAGAAAAATTTTTGATGTTTTTAGTAATGCAAAATATATATGGTAGGTATATGCATATATATGCTCAATGTTTATTAGATTGAAATTTCATAAAGTATATTATAACATTATTTTGTTGGTCTGGCAAATCGCAAAATTTTAGCGACAGACATTTTAAATGGAAAAATTGCAGATAGTACTGATTTTTTCATATGATAAGTGGATATTATTGTCAAATGAGATAGGTATTATCTCTAGATTTTCATACTTCTTCTTTTGAAAAACCCTAATACTCTTTTTGCGGTTGAATGTTCTGGACTTTGGGCTGCTTTATTGTCTACGCTTGCCTTGTTGACCTCAGATACCATTATGGAGGACCTGTTGCTTCGGACCGCTTTTTTAGTTTCTAAAGTACATTTATTTTGCACCATCGTTGGTGCAGGCAGGTCTTTTGAGACTTGATGGGATGTTTGCATATTTGAAGCAGTGATATAATGATTCTTTGAATTTGTTTGATAACTGTCATCCTTTTTTGGGCGTCTTTGGGAAGGTGGAGAAGGTTTCCGTTTGGAATCCATTGATGAGTATAAACTAGATTTGGAAGTATCATAAGAGTACAAGGAAAGAAAGCTAAATCTTTTCTTTGTTGACTCTGCTTCGTTAAGTGATCTTTCTAGATGGTTATTGACGTGTTTTTGTGCTGTAGCTTTCGCGATGTTGCTACTTTTACTACCCTTTTCACTTGTGTCCTCCGTTTTCGCCTTATCAATTGATTCTTGTCCTTCATGTTGTTGAAGAGGAGATTCTGGTGGCCTCAATTCATCAGACTCTTCGGTGACCGTATCGCATGAGATGTCACTGAATATGCCGCTATATCTCAAACTTTTGCGCTTCTGTTTGTATTTTTCATCATAGATTCTCGTTACTACATCAGCGTCCCTCTTATACTTGATCAAGTCACCAGATACGCTTTGCAAATCAACAGAGGGTTTTGCTACTGAAAATTGGCCGTGCGTAATTAACTTTGGAGAGCTTTCGATGGAAGAGGATGAGGTTATGCATGTATCTAGGGCAAGGTATGGTGTGGAATCAAATGGGGATGTGTCTCTTTGATTCAGCGTTTGTGATGAAGCGCTACTTTTAGCTTTTTCGTTGATCTCATATATGGAGAGCGTATTTGAATTGTAGGGAGGTGTTGTGTATGAGCCAGGATGGTATGAAGTTGGCCGTGGCTTTGTATGGGATGAGGAAGACGTACGGTAGAAATTTTTAGCAGATTGGAGACTATTTTGGGTCTTATTTTTATTGTATTGATGATTTTGTGATGAAGCCATGTTATTTGGTTGAATCTTGCTTGTTTGCATTGTGGTAGACGACTCTTCTTCTAAACTTGGTACAATACTACTCCCAGAAATTGTATTTCTTTTAATAGGTGTGGTTTCGATTATAATATCGCCTGGACTTATGGCTGGTGGAGGTGAAAGACTGGCAGTCATGTTTCCCGTAGTTTGTCTAATGTTTTGTACTGGGGATAATGATTGTTCATGACTTAACACATATTCCCTATCTGCGTTCACCACTGCCTGCAAGGCAACGGATGCAGCAGAGTTACTTCTATTGTGCCTATTAGATCTTCTTATAGGTGACAGCCGCTGGTCAGATGCAATAGAAGCCGGTCTGGTTATAATATGATTTTGTGATTCTTGAGGCGGAGCCGGGAAAGTAATTAAAGTTGAATCAATGACCAGTGAATCCCTTTTATCACTCCTTGAGCCAAGAGATGAGGTAGAACAACTGGATTGTGGTCTAGATCCATATCTTCTTCTTGGTTTTGCTAATCTGAACACGGATTGAGTATTGTTTAGTTTGTCCCACTCATCAGGTGTTATGGATAAGAATGAAGAATGAGGCTTTAGCCATTCATGTTTCTTGATCTGTTTCAGGTTTATTCTTTTCTTTGGGTCTGAGACCAGCATGCGTCTTAATAAGTCCCGAGGTATAGGAAGAATATAATCAGGGAACTTTAATGGTGTGGAGTTAATATAATTATAAAGTCTTCCTATATCGCTGCCTTCAGGATTATTTGGATCATCATCCCACGGTAAATATCCAGCTAGTATAGCGTAAAGTATAACTCCACATGACCATATATCTGCTTTTCTAGCTTCGTATGGTTCGGCGCTTATCACTAGTTCAGGCGCTGCGTAGCATGGAGAGCCACATGACGTCTTCATTAATTCGTTTCGTGAGCAAAACTCATTGACAAACCCAAAATCTGTAATAACTAGGTTCTCATTCTTGTCTAGTAATAGATTTTCCAATTTGAGATCTCTGTGAACAAGTCCCTTAGAATGTATGTAATGTACTCCACTTATTAGCTGAGAAAATAACCTGCATGCATTCATTTCCTTAAGCCTCCTTTTTTTTTGAATATATTTATAGAATTCTCCCCCGCATGCGTACTCTAGGACAATACCAATGTACCTAGAATTTTGCAACACTTCTTCTAATTTTACGATATTCGGATGTGATAAGTGTTTTAAGGCGTTGATTTCTCTGTATATTTTAACTTCTTTCCTGTAATCATTCGATATGCTATCACGTTTGATAAGTTTAATTGCTACTTGTTTTGGGAAGTCAAAAGTTGAATTAGAGCTGTTTGAAAAATTCTTTGGCCAGCCTAGCTTCACTTTTCCGAACTCTCCTTCTCCTAACGTCGACCCTAGGATATAAGGACCAAACGTTACATGTTTCCGCCTTTGCTCATCTGTTCTTTGAGGGTACTGAAATGTGTCAGACAAATCGTTGGTAAACCCTCCGTAGTATGTATGACGTTTATTGGTGTACGACATTAAATTTTTGGCACTCTAAATCAGTATATAGAAGTAATGGCCAATTGAATATTGAACGCCGCTTGGCTCGCCTTTCTTGTATTGTGGATGGGTAAAAAAAATAGCGATTATTGTTAGGTTTAATTAGCAATCAAAAAATTCTCGCAAACACGTCACAAGAAACAAATTAATGCAAAATGTGGCACAGTCAAAAAACTGCGAAAATGTGTTAAAGATGAAAAGAACCGTGATCAGCAACAGCAGTGTACCAGATTTTGTGATCTGATTTATTATAGATTTACTCGATGACCTGAACTTGAATTATATTTAAATCGATGAAGGGGTTGAAACAGGTGTTGATCTGGGTTTCAGAATTTTTCTCTTGTTTACCTTTTTTGCTGTTCTACACTCATTCTTTCGATTGTTTTCAATTGCTTTTTTAGGAAGTGCGGCTTTGTTTACATAAAAGGTGTGCGGCATTTTAATGCAATATGAAATTTAAAAGTATATGTAACGATAGCACTATTATTTAGGGTTCCTGAAATGATATACTTTATGGATAGACATTATCTGTTCATTGAGTATACAGTAGGGGCTAAACCTTCTTTTAAGGGAGTAAAAAAGATGGATATGCATTACGTCGGCCACATGACATTAATTGTGCAGGTTCAGCTGATGTATAGGCTGAAGAGGCTACGCTTGCTAATTTATAATGCCATTTACTAACCTAAGGAGAATAGAATCTCCCATAGAGTGAGTATGTTGTGATTAAAGAGATATGGTTTCATCTTTACTCGAGTCCATTTTCTTTATTTTTTTAATGGTAAGAGGATGAGTATAGCAAAAACGGTCAAGAGACAGCAGTAAGTGTCGTCGTAACTAGAACAAATAGGCCTTATAACAGAAATCATAAGGGTTGTCCCGTGGTCGGAGCCCTTGTCGGAACTAAAGAAAATCAGGCAATATAGAGGATATTTTCTACGTACAAAACGCTTATTGTATTTATAGCTCCAGTTACTGAAGTGGTAACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:287268-296750

GCCTGCCAGAAAGACTTGGATGCGCATTTCTATTTGATGTAAGTAAGGAAATAGGAGAACTTTCATAGCCCATGGCTAGTTCGGTTTTCAGTAAACTATATACGTATATGTTAAGAATATTTCGGAGTGTCTAGATAATAAAAGAACATCGTTAAACTTATGAATGGTGAAGGAGGAGAAGTCTCGTTAAAGAATTCCTGTTGTAGAAAAAGTCAGTTCTGGTTACGAGAGGAAAATGTTGGAAGTTTATATCCCATCCTTTTCCTTTTCCCAGCATTTCTTTACAAACCGTTCCATGTTGACTTTTTTTTTCATTTGCCCTACAATCCAGGGATGCTTTAACATTTGCCTGGGAGAAGGCCTCTCTCTGGCATCTTTTTTTAAACAATAGTCGATAAAAGATCTAAATGTCTTGCTCCAGGATATGTCTAGTTCTGGCTCATCTTTCAACTGGGGAGAAAACGTCAGGATCATCGTCAATAATTCTATAGGAGCCACGTTTTGCGTTATTTTGTCAGATTCAAATGGAAATCTCCCTCCAGCAACCTCCAGAAGAGTTAATCCTAAGGACCATACATCACAGGTTACGCTGTATGGTTGGCCTTGTATTCGTTCTGGGGCCATATAAAATGACGTTCCAGTAAATGTCATCGCTAAAGAGTTAACAGCCTCCCCACTGACACCGAAATCGCATAATTTGATTTCCCCTTTTTCATTAAGAAGAATGTTTTGGGGTTTAATGTCCCTGTGGATGACTTTCCTTTCGTGTAAGTATGATAAACCTCTTAAGACAGATTCTGCTATCTTTCCTATCACCCTCTCACTTATTCTACCGCCACGTTTCAACAAATTTTTATACGTTGCCTCCAGTGATTTTCCTCCCATATATTCCATGGCAATGTATATTGAAGAACTCTGTTCGTCGGTAAACATACCATAGTACTGCACAATATAATCGGACTTAAAACTCTTATTAAATTGTAGCTCTCTGAATATTTGCTTTTGATATTCTGGGTCAGTATTCATAGTGTTGATTGTCTTCAACGCAAAAACCTTTTTTCCATTTTTTAATCGGCACTTGGCTACAGAACCACCCGCGCCTTCTCCTAGAATTCCTAGTGTAGTAATCTCATCCTTGAGATGCCCAAACCTCCATGCTTCTTCCTCTAACTGGTCTACGTCTTTTCCTTGTATTAAGTTGGAACAAGAAATTATGTTATTTGCACTTAAAGGGGCGGAGTTGCTCCCGCTACTGCTGAAGTCGTACGCAGAAAGAAGTGTCGAGGGGTATGAATCCTCGCCTTCTGGTGTGTCGAGATCTTTCTTGATAAAAGTGGTATCTATGTTGGATAACTTAGTGGAAATTGGAGCACTAGATAGTAGTTCCTTGTAAGTTATATCAACATGCAAATTAGAAAATCTTTCAGAAAGCTGACTATCGCCGGCAACTCTATATTCTATACCGTCTTTTTTTTGCGTTAGTACTAGGGGAGGTAATGGAGGTGGTACCGGTCTATTTTTAATAGTTGTAGTAGATGATCTATTGTACAACAAAGTGGAATTTGAAGCCATGGATGACGTAGTGGAAGTAGCTGAAGTGCTATTGTTGGAGTATGGGCTTTCGTTCACTGACGAGTACGGTGACCGGTTGAGATGTTGCCCATCATTAGTGGATTTCGCATTTTGAACTAAATTTACTGGAAGCGTTAATTTTGGAGTCTTTTGGTGACTCCTATTGGATTCTGGTGGTCTGAACATTGAAGCCATTATCCTGTGTATATAATTGGTATTTTGTAGATATGATAACAGTGCCTGCTATGCTAATCAGGTAATACTTGCTACTAGTAAAATGTCTAATTTTTTGAGCGAACGAATTTCATGCAAATTAGAAGGTAGCCAACATATAAATATATGAATATATATGTGCCTACGTGTTTGATGAGGTTTTCAGTAAAATTAAGCGGAAAGTATTGAGCTTTCCCAACTGATCCCTTTGATTTATTCTCTTTCTAATTCTTCAACTCTAAGGATAAAGTTTATTTCTTTTTGATTTTTTTTCGCATTGAGAAAGTGAACATAAACAAGGGTAAAATAGGCTCAATATCAGTTCACCTTTGAGAGTCTGGCAATAAGAGATGTGGTTCTAAGGTTACCTTATACATTCTAAACTCTGAAAACGCGTTTTCAAAGGTATGTACATTTCTCTATATTAAAGAGTAGATCCTTGCCGTTTATATATACATGTAGAGCAATTCTCAAGCTAATAATTAATGTTTACTTCAGACAATAAAACATTAAAAACAAATTTTTAGAAAAACAAAAGCTGAAGTAAAGACTAAATATTACACAATTTATTCATACATTTCCGCCCCAAACTCAAACAGCCTAAATAATATAAAAATTAACTTTTGGCAGCTCCAACCTCTCTACTGCCATCTAAAACTTTTCCAGTAAACGGCTTATATACAGTTAACAACCCGTCACTATCAACTGTAGCAACTAGATCCTCAATGTATTTGTGATAAGCAACGGTATTAACCTTATTATTTTCTCCTATTTCTCTTCTGCAGCCCTCAGTGTGATAAAATGCCATGCTTTCGGCCTCCAATTCGTCAGATATTATGCCTTGAAAGTCCTCATGTATCTCGTTATAAATGGCAAAAACAGGTTCGAAATTCCAGTGGTAAACATTACCTAACCCTCCAATTGTAACCACTTCCATAGGCGAAATGGAAGAAAACTCTATTTTGGACACTTGCTCGCTATAAAAGTGATGAACTTTGAATAGTTCATTGACTTTATTATGTCCTTGGTTGATATTTAACTCAGCATCAGCATCCCCTAAAGCGATAACTGCACGTATATCCCAAACCTTGAGAGCCCCACCACTAGTTCCCGTCATAAATAATGTATCAACAAACGGTGATGCAGCAAAACAAGTTGTTTTGCCGTCCAAAGAATCGTTTAGAATCCAAAGGGGCTTTTTGCCTATCTCATTACCCCAAAACCTTATGATACCGTCATCAGAACAAGTGGCGAATATTTGATTATTCAAAAACTTGATTTCTTGAATATTCTTTATGCCAGGAACAGGTATTGTACGAAGCACTTCTCCTATTTTACCTGAGTTGTCTATCAATTTTATTGTAGCGTTTTCATTATCAAGATGTTTTTCCTTAGTTACTGTTAAGGTTTTTGAATCGTTAGAAATTGCAAAATCAACACAGGGTTTATTTTGATTTCCGGACGATGCTGAACTTAGAGAAGTGGATGGCTCCATCATTGTGTAAACGGGCGATTTGACACCTTCTCTGAACCATGCCAAAGAACCATTGGTAGAAAGGGCTATCACCTTTACATTTATTTCGCTGTTATCCACGTAAATCATCTTTGCAATCGTTTCACCTTTAAATTCCCATTTTGGAATCAAAACAGTCTGCTCCACCTTTTGAGATTCCATGGTATAATCCGGTTGTACTAACGGTTCTGAAATGCTTTCAGGTTTTTTGTAATGAAGTCCGAGTGGCACTATACAATCCACCTCAAAGATTTCACTCCCTTGAGAATATAAAAGTGGTACGCTCAAAACACCTTTGGATTTATTACATGAGCTATCGTTAGTGAAAACTATACTCCTAAGTGTCGATGGAGATTCGTCAACGCCTGAGCCAAAGATAGGCTTCAAACTTGAAATATGTTGGTATAATGAGGGTATTGATTTTTTCCAAATTTTGAATTCTTCATTTTTTATTTTGTTGTCTTCTGCAATATCTAAAGTGCTCATTTTAAGTGATTAAAGAAGGAAATAAATACGATACTGAAGGTATGCGGCTGAGGAGTGGTGCTTTTTCATTCATTCGATCATGAATATACAAAGTATTGCTTGAAAAAATCAATATGCGCTTATTAAAATTTCGCAGCAAAATCGGCCGAACCCTTGCAAAACAGAGATAGCTCCGCTTTATTCACGTGAAATGGGGTCGAAATTGAAGACTATCCAAATAGGCGTTGCCTATGCAAGGACGCTCCAATTGATATATCATCACTACGAAGTATATATATATGTAGAAACTGATATTTGATTAGGCTCCAACGCCGTTACAAACCTCTTCTTAAAATTTCCTCATAGTATTGTATATTTAGTTGCTTTTTCCTGGCCTGTATCAGATGTTGCAACCTTTCTTGCATAGATTCTAAAGAGTCAATCTGCTGGAGGTATTGTTCCTGATTAGTAGACACCCAATCCAAATGTCTGTTACACTTCCACTTCGTGCATACCTCATGTATTTTGGTGGCTTCCTCATTACTTCCAAAATCTCTGACAAATTCTTCCACAGAGCAGGGTATTCGCTCGTATGTAGAACAATAGCCACATATATTTTTCCTAGCCCTACTCCTGCTGCTATTTTTCTTCTTCTTCCTTTTTGTCCCCTTGGAATCTTCTTTACCACATTCCACATGGCTTGCAGCATCATCGTCCAGCTTGCGCATTTCGGTATATACGTTGTCTAACCATCCCAAATATACTTCCAAAAGTTCTAGCTTTTTTTTGAATAATGGTAGCGATATCTCTTGAACCTCTTGCAGATCATCTTCAAGAGTTTTTAACGTCATGTCTCGTACAACAATTTGATCGAATATTTCCTTTTCGTCATCTGTTTTTACAACTATATTGTTATCAATGAAATCCAGTTGTCCAAATTTCTTGAATTTATCTATGTGTCCTGTTTGTTCGACCATTTTCTTGACGACTGCTCTATCCTCATCTGTTTTCAATCGCGACCAAATATCATTCACAAATTCTCTACCATGTTCCTCAGAACAGTATTTACTATCCTGTAAACATGGTTTGTAGCAATCACTTATCCTACATTTTCTTTTCCATAAGGTTTTTGGCAAGCTCCCTTCACCATTGATTATGGCGTCCTTATTCTTACCAGTAATCCCCGCTTGACAGTAAGGACAATAAAAAGAGAACACCAGGTCCTTAAACTGCTCAGGAATATGAAGGCAGGTGAAATGAAACCAGTCATCACAACCATCACATCCCACCATCAGCTCCCCATAGTCTGGCCTTTTACATATGCAGTATACGTCCTCTCCTGTAGTTGGATTTCTTTTTAAGGTGGAATGCGGTGGACACCATTGTGGTAATGACATTAGAAAGATAGGCTGAGAAATTATTGAGGTCGAAGTAGCCTTTTCCAAATCTCTTGTTTTTTTTCTTCTGATGAGCTTCGTTTACATTTAAAAGTAAGCATTTACAAAGCCCAATTGAAATTGTTCATATTTTACCCGCCTTGGGTTATATGCAGTGTCTAATATGTAGCCGAACATATCAATTGATTCTAAAGAGGTAAGCTTAATCCTCTGTGCTTTAATTCATCTTAAAAAGTTTATCTGTTAAGTCTATCGAATATCGCCAAATTTACTGGCGGTATATATAAATAAATATGGAAAATATGAAAGGTTGATAAAAAAAGTTTTATGCAGTGAAAAAAAGGAAGAAGAAAATGGATCCATCAGTGAAGAGAAGGATTCATGTATCTTCAAAGTCTGATTGACCTCTCCATCGACAAATTATTTAATAGTTTGTCATAGGTAGCAGTGACTTTGACTTCACAATTTGGGTCGTCAGTTGAGACTGCAGGCAATGTTTCTACGGATCCTTTATCGGTATTGGGCGCAGATACATCAGAATCCACGCCTGGTGTAAATGTCGAAGCGCTATTCTGAATGGATTCACCATAAATGTTCTCCAATTCTATGTTGTTGGAGTTAACGTTCTGAATCAAATCATCGATAGAATCAATACCTTTAGCCTTCATGATTGCCGATCTTAAGACAGCACCGGATGGAATTTTTGGTAAAATCTTAGGATTAGCTGGGCTAAATAAACTAGTGGTAGCAGTTTCATTGTTAGAAGTTGAAACTGAAGGAGATGAAGTTGACTTACCAGCTGTTTCTGTGTTGATAGGCGTATCACCTGATGCAAAAGGTGTCTGCCTTGTTGATTCATTTTCAGGGTATAAAGACCTCTGCTGCTGAACGAAGAAACCCCATTTATGTAGTTCACCTTCTTCTTCTTCCTGCTTTTTACAACCTACAGAAGTACTAGATGATGTATGCTTGAACACCAATGGTTTGCCTGTGAAAACGTCAATAGTTTTACCAGAATCGGTGGCCATTAAATGTGGTCTTGCTGTAATTACATCATTCTCAGGTTGTATTTTTTCTTCGGGAACATGGTATCCGGATTCAACGTGCTTCAATGCTGGTAATTTTGAATCTTCGCTGGAGTCAACACTTTCCTTCGAATCATCCCTGCTGGATCCAAGGACATCATTCAGATTCGGATTATGCGAAAACAATTCTAGTATATTGCATAAGTTTTGTTCCAAAAGGAGTAATCTTACAAGGTTTTCTTTTTCTTGCAATGGCAATTCACCTGATTTCCTTTTTTCGAACATAGTATCTATTGTATGCTGAACATTATGGTGCAAGATATGGAACTTTTCAATATATTTTTTCAGCAAATATCTCTTCGTGGTGTCTTTTTTGACCTTTGTACTCTTATCGCTTAACAAGTTCAGTTTTTCTAAAACACTTTCAGCGGTCATAGTTACTAAAGAGCCATCGAATAGCAAATCATCTTGCGAATCCAATTCATCTAACTGGAAAGTCGAATCCATGGTCCGTTTCATATTTCTCATCAAGCACAGTGCTATTCTTGATTGAATCTCTTCTGATATCAAATCATAGTCAAAATCTAAACCAATCAAGTTTGGAGAGTCTCTAGCAAATGCGTAAAGTGTGGATGAAAAACTATTTTTAGCAAATTGGCCCTTAACGTCCAATGTGCTCGAACTATCCAAGTCGCCGTCTGTGTTAGTTTGTTGAACGGGAGAATCTGTGCCGTTCATTAGATAGAAGTTTTCAACGTTTTGATTAGTCATTGACACATGCGAGAGCGATTTGCACTTAATCAAAATATTACAAACGACAGCTAGTTCCTTTAATGTCAAATTATTGCTATCCAAATGTATCCTCTTCAGGTTCGGAAATCTTGGTAAATACTTGTACATGTAGGGTAAAATGTCAGGAAAGCATTGCGACAAATTACTCAAATCCAAAAAAATCAAGTTAGGCAACTTAGAAAGATATTTCAAGAGCAAAGCTAAATCATAAGAAGTCGAAATATTAGTGCTGTTCAAAATGAAATATCTTAAGTTATCATATGATAGAGCAGATAGTTTACCAACCATTGGCTTAATCATAGTGGACAGATCATTAAACGCTAGATCCACACCCTGGACGTTATATTGAGACATCCAATTGAAGATAAATTTCAGACAATCCTGAGAGATATTGGAAGTAGTGGCACCTGCTAAACCAAGCCTGATGCCCGATTCTGGAAAGTTTTTTTGGGTAGCAAAGGATGTCAGTAAACGTGCAAAGCATGAGTAAGGAATTTTGCTAAATTGAATACCATTGAATAACAATTCTTCTATAGGTTTGTGAGATCTCTGAGACAAGACGTCAGTAAACAAGTTCCAATCCATGTTATGGCGATATAGTGATTCAGCAAGGTCAGATTTGATTTTCGTTTGGGAAATGTCGAGCTTGTTCAGTGATTTGTTTAGCAAAAGGAACTTACATAGTAATTTCCATCCATCTTGGTCGATTCGTACATTTCTTAAACTCAATTTGTCCAAAACTGTGGAGTTTACCAAAGCAGAAATAATTATTCTGAACATATCCTGGTTTAAAGCTACATTGTCGAAAACAATCGTGTGAATGGGAGCAATGGTGATGAAATCACAAAAGGAAAGAATATCGATCAAGGTAGGCTTAGGGTTCAAAAACTTCAATATTTGCAAGGGAGCTGTCTTGTCCTTTACTTGTCTTAGGGTAGACGGAATGGGTAAAATTTCCCTTAAATGGCAGCATCTTGTGTAAATAACATCCAGCGTAACTTCGTTATTTTCAATAGAATGACCGTCTTGGTACTTATCTTGATCAGGTTCCTTGAAATAGTGCTCATGCATATGAATGGGCTTATCAATGCCGGCTTTTGAGAGGTTTTCTGCAAGTTTATTATTCTCAAGCTCCCGATCAGCTTCAACATTTGGAGGTGACACCTCTTCTCTTTGCTTCGTAATGGTGCCTTCTGATGACTTTTCAGTAAGCTTACCGCCTGCATCCGAAGCAGTCTTAAAATTGGCTACTTCAAAGGCTATTCTATTAGCAGCAAAATGAGCTTCTTGCTGATGCTTAGCAGCCTCCCTTAAAGCCAACTTTTGATTTTCCAGGGCGAGTATATATTCTTTAGACTTCTTAGTGTACAACGGTCCCTTAATGTTGGAATTGGTTGACTTGGCCGATTGGTTGCTACTGGAAATACCCACGGAAATAGAAGGAACCTCGCTTATCATGTCATCAGGGATAAGGATGTTTCCCTTTTTTGGGGTTCTTGAAGGAAGTTGTTGGGGAGGATCGGATTCGAATTTATCGACGGCAAACGAGACCCTTTTCAATGAAACTGTAGATAGGTCTTTTACTGCAAGTGCAGGGGAGGGGAGTATAGGTGTCTGTGGCTTGCTAGCTGTTGGTGCCACTCCTCTCATTGGTGATGATATCTCCTTCACCCGTGGATCAGGAGTCGCAACTGCTTTAATGCCACCAGACTCATTCTCAGTCGTGCTAGTATTAACAACAGGTAATGGTTTCTTGGCAGTGGAAGCTGAAGAAGAGGTAGACCGTTTGCTAAACAAAGATCCAAAAATCGACCTTTTAGTCTTTTCTCCACTAGTCGAGTTGCTTCTCTTGAGAGTAGCATTAGATGGTGAAGAAATTGGCGGGTGCTTTCCCTTGCCAACAGAAGAAGATGCGGTGGCGTTTATGGCAGAACTGGCCAGTCTTGGTTTGGACGAGACCACAGCATTGGATATAGAAGTGGAACGTTTTTTCCTTACAAATTGAGTACTTGAGCCGTTGTCATCATTATCTATAAGGTCTATGGCGTCTACGGTAGCCGGATTATCAATGTCAGCGGAATCGCTCCGGTTACCGCTATTAATAGGAGTAAGTAGCGGTATGTTATCAGTGTCTGATGCAGAGGTATTACCATCGTTCCTCTTCAAATCTGGTTTCTCAGTATTACAAAGTGCTGCATTGGATACAGATGACGACCTCGCACGAGGCTTATCATTGCTAGACCTGTTACCACTCGTGCTATTGTCTCCGTTTTTCGAAGAGGACGTAGATGAAGAGGAGGCTGGCGACGTAGAAGGCCTCGATGGCTTCGTATTTGTCTTCCGTCTACTCTTACCTTTATACAACCAATCTACGGGCACATCGAACTCGGTGTTAGTTATCATAACCTAGATGCTATCTCCACTCCCTATGCTTGCTTTGGTGGACTATTGTTTCCGTTATTCGCAATTTCTATAGGACTACTATAGATTATATAAACTGAATTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:297365-298799

GAGAGGAAAAATGACTCAGGCTATTTATATAAGTAAATGAAAGGGTTTCGTTGTAGCCTTTTCTGCTCTCTTCCTTCGCTCTTCCGCATATATATTTGTGTTCAGAGATTATTCTTAAATCCATAAGAACATCCCTTCATATAACAATTGAATAAGGAAAACACAACACATAACACATATTTAACCTGATGCTTCCTGTTATAACGAGATTTGCAAGGCCTGCTCTGATGGCCATCAGACCTGTGAATGCCATGGGGGTTTTGAGAGCGTCCAGCATAACGAAAAGGCTTTATCATCCCAAGGTCATAGAGCATTATACACATCCAAGAAACGTCGGCTCATTAGATAAAAAATTGCCCAACGTCGGCACTGGTCTAGTGGGTGCGCCAGCGTGCGGTGATGTGATGAGGTTGCAGATCAAAGTCAACGACTCTACTGGCGTTATTGAAGATGTCAAATTCAAAACTTTTGGATGTGGCTCCGCCATTGCCTCCTCTTCATATATGACTGAATTGGTACAGGGGATGACCTTGGACGATGCGGCAAAAATTAAGAACACTGAAATTGCTAAGGAGTTGAGCTTGCCCCCAGTCAAGTTGCATTGCTCTATGTTAGCGGAAGATGCGATCAAGGCAGCTATTAAGGACTACAAATCTAAGAGAAACACTCCAACCATGTTATCGTAATGAATAAGAAGATAACCGGGACAAGAACAAGATCAAACCCTCACTAATCAACAAGTTGGACTTAATTTGTGCAAGCATGGATGTTTCTCATTAATATTGTCATATTTCTTTCCCTTAATCTAGCATTTCCTTTCTCTCCCTCTTCTCATGCATATCTTCCTAGATATATTTCTCCAGGGTGAAAGCGGGACGGACGTGCTTGTTTTACCTCACCTGGTACTACTAGTATTTTCATTACTCTTTTTTCATCCTCCCACTTCCCCCTTATATATTTGTTTTCCCATGTGTGGTATATGGCATCATTATTATATAAATATTCTTTAGTTGTAAAAGGCTGTTTTAATTAACACTATTTATCGCTAGACAAAACTAGACTTTCATTATTTCCTTCATTTCAACGCTTGTTTAAACATGTGCTAGGTAAGCGAGTTTTTTACTTTTACTTCCAATAAATATATATATATATATACGTATACATGTATGGGCGGGCTACAACAAAATGAAATAAAAAGCGTCAGGATCATTGTTTTTTACCATACTTGACTTCTCTGAAAAAATCCATGACGTTCGTGAAAACTACCAACAATAACCCACCACCGGGGGCAAGTCTCATGACCTTTGGCGCAAATCCCTTATACAATGCTTTAAACCCTTCCTCACGGTAAACTAACAGCACTGAAGGCAGGGACCAGTTGTACTTCCTCAGCGGCCCGGAACTTCTTTGGATCCTAGATTTTACCACGTCAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:298926-299576

CCGGCATTCCAAAGAACGTGTCTCCAGATAGTGGCTTCCAACCCATTGAAAAGTGACAAAACACCACCTTTCACAACACTATTCTTTACAACTTCAATGGGTGTCTTGAACTGTGAATTCACATCCTGTAATCTAATCTTCACTAGTTCAAAAGGCGCGACGACAAAGGCTTCCACGGCGCCAGCGGACGCACCACTGTATATGGCGATTTTTTGAGTCATCTCCCCATTGGGCGTGGGGAAAATCTTTTTATAAAACGTTTGGAATGTATCGTTTCCGGAGAACTTAATTGCTCTTTTCGGAGCCTCCATTAATATAGGCGATGTGATACCCTTGTAAAGATGCGAAAATCCTTCCTTCTTCACAATTTTTGTAAGACAATCCATCACGCCCGTGTAGTGATCTACTGCTGCTTTCGCTGCAACAACAGCGGGATGACCTTTGGTTGTCACTTGTAATTGCATTCTTGTCTTCACCACGTCCAATGGATACATCACCAATAGCTCCGAGACGCCGGCAATGGCACCGGCTGTGAACTGGTATATGAACGGCAAAGGTCTATTATCTATAGATGTCATCTTACAGTTCTTTTTCTTTCACCCTCGTTACAGTTCTATCTTGAGAATAAATGAGATAAAGGTTCCCAAAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:299815-302902

GAAAAAGTAAACCCGTTACTTTGCTTTTTAATGACGCTGGAAATACCAATTACCTACTATGTATTACTTATGCTTATGACAAAGGGATGAAATTCCCGACGATGCAAATTGGGATGTTGTACCTATCCCTTCTGATAGTGAAACTAAAACAGCATGGCCGTTTGCGGATTCCATCTTTGGTTCGAAGACTACAACTTGTTAAAACAGCCTTCTGACCCTTATCAAACGCTATGGACCCGTATTTTTCCCAGAAATTCACAGCGCTTTCTTCTGTCATCAACTCGTAGATCGCAAGCTTTCCATCGCGTAAATCATCGACTGTGCAGTCAACCAGTGAAGCAAACTCTTTATTGGCTCTGTAAATCTCACCGGTACGCCTACACAAGCACGCTGGCATGCTCATAGAGGTGAAAACACGATCATAAGATAATAACATCCTCTCGAAGCTCTCCTCCACTAAAACTAAGTCAACATCCTTCAATGAACGCGCAATGGTTCTAAACGCCGGTCTAATGGTGGATAGTGGTTTCAGAATCCTTTGCTTGGAAGACTGATTCATATATTTGTCCATGTAGTCTTGTAGTCTTGCATACCCCTTGGCATAATTATACGGCTTCAATAATCCTGCTTCAAGCTTCGCATTTATGACCAACTTCAGCCGGTGTTCTGGTGTCATCTCTGTTGACGGATCCGCCGCTGTTAAAAAGAATTGTTCCTTCGGTGTCGGTGCACTGTTTTCGTTTGCATTCGCTAGAATTCGAGACTCTTCCTTTTCTTGATCTTGTTTATCCCCTTTCGAGATACTATTGGAAGAACCTGACATAATAGTAGGCGACCTATTTTCTTGTCTTGCCACTCCTATTTCATCCCTACGATTGTCGTTTTGGTACTCTAATGGCGATTGTGTGGTTTGTGAGCCATTTTCCAAATGAACATTGCTCGCACTGCTGGAACTTAGTGATGTTTGAGTCAATAGAGGATTTTCTAGCATAGAAAGAAATTCATTCAAAGAACTGAATTCCGAACCAACATTCTCGGACACAAATACAGGTTGTTGCGGAAGCAGCAAGCTGGTTGTATCATTTACAAGAGAGGAGTCTAGTTTCGGTGACAGTTCCTCTCCATATGTGGATCCACTTTTATTGACTGGTTCATTCTGATAGTCAGACGGAATTCCAGTGTGTGCTTTATTTGCATATTTGCCCTGTATATTATTATCATTCGGAGAACTTTCGTGCTGTGATGGCATCTCATTTGGAACCGCAATATCATCTTCCCTGCATAAATGGGCAATATCCCTCTTGACGCACCTAGAACATGGACGTTGCTTATCACATACAACATGTGACCGTTTACAAAATAAACATGTTTTAAAAGCCTTACTGGCTCGTTTTACACCACTGTTTGCTGACATTATTTCGTCAGTTTATATAAATATGTGTATTTTGTGTTGATTAAAATTAAAAAAAACTTTATCTCACTGGCAAAGAACTCCCGCAAATTTTCTCATAAGAATTACTTTCTTCTTCCATCCCAGAGACCTCATCCTTTTTTCTAATATTCAACTATTTTTCATTTTCCTTCGTACTCTTTGTTTTGCTTTTTCTTGTTTTCTGCCATTCCAAAACATTATTCTCCCCATCTAAGGAGCGGATCTGTAGGAAAAACAGCGTAACCATTGGAAAACCCTTTCCCTAACCAATGCCCTTTGACGGATGAAACATGATATATCTTTTAAGGACATAGATACTAACCAATACAAATCAAAGAACAGTGAAGAGTCTAAAGGGGCAGCGAACGCTTAAGTATCTTCTTTAAAGTAATAATATTCCTGTCGCAGGTGAAATAGCACTTCAGCGCACAAACAAATAATATTGCAGCCAAAATTCCCTAATATTGTCATGATAAGAATATGTCCCATTGTTAGATCTAAGGTTCCACTGTTAGGAACTTTTCTTAGATCCGACTCATGGTTGGCACCTCATGCGCTAGCTCTAAGGCGGGCCATATGCAAAAACGTTGCATTGAGAAGTTATTCAGTGAACAGCGAACAACCAAAACATACATTTGATATTTCAAAACTTACTAGAAATGAAATCCAGCAATTGCGAGAGTTGAAAAGAGCAAGGGAGAGAAAATTTAAAGATCGTACGGTTGCATTTTATTTCAGCAGCGTCGCGGTACTTTTCTTGGGTTTGGCATATGCAGCGGTACCACTCTATAGAGCCATTTGTGCTCGTACTGGTTTTGGTGGGATTCCCATAACAGATAGAAGAAAATTTACCGACGATAAACTCATTCCTGTAGATACTGAGAAGAGAATTCGTATCTCATTCACCAGTGAAGTATCACAAATTTTACCGTGGAAATTCGTTCCTCAACAACGTGAGGTTTACGTTCTGCCTGGTGAAACAGCCCTCGCTTTTTATAAAGCCAAGAATTACAGCGATAAAGATATTATTGGTATGGCTACTTATAGCATAGCGCCTGGTGAAGCAGCTCAATACTTTAATAAAATCCAATGTTTTTGCTTTGAAGAACAAAAGCTAGCTGCCGGTGAAGAAATAGATATGCCTGTCTTCTTTTTTATCGATCCAGATTTTGCTAGCGATCCAGCGATGCGAAATATCGATGATATTATTTTACATTACACATTCTTCAGAGCTCATTATGGTGATGGTACAGCTGTAAGTGACTCTAAAAAGGAGCCTGAGATGAATGCAGATGAAAAAGCAGCGTCATTGGCTAATGCTGCTATTTTATCCCCAGAAGTTATAGACACAAGGAAAGACAACTCAAATTAATTGTAAATACAAAGTCATTCAATGTACATAAATACTGTTATGCTTTTGAATTAAGTAAAACACCATGACTTCATATTGAGATGTTTTAAGCATATAATCACGGCACCGAACTTCTTGTAATCATCAAATCTTTGTTTTCTAGCCGTCATAGAAATGAAGAAATGAAGATTCTTGTTCATGTGATACAGCTTTTCTAGACAGCTAACTTGTACATCCAGACATCCTAAAACACCCATAAAGCAAAAAAAATTATTGAAATATTCTCTTTTTTTTCTTTTTTTTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:302996-305094

AAAAAAAAAAAATAAATAGAAAAGTTTGTAGACATATCCGATGTAGTATATTTCAGAGGCCAACCTTTACTTTTGTTTTCTCCTACACTTCAAAATAAAAGACACCGTCACAAATCTCAGCAACAATGGCTTTCCAAAAAGACGCTAAGTCCTCTGCTTACTCCTCTCGTTTCCAAACTCCTTTCAGAAGAAGAAGAGAAGGTAAGACTGATTACTACCAAAGAAAGAGATTGGTCACCCAACACAAGGCCAAGTACAACACTCCAAAGTACAGATTGGTTGTTAGATTCACTAACAAGGATATCATCTGTCAAATCATCTCTTCTACCATCACTGGTGATGTCGTCTTAGCTGCTGCCTACTCCCACGAATTGCCAAGATACGGTATTACCCACGGTTTGACCAACTGGGCTGCTGCTTACGCTACTGGTTTGTTGATCGCCAGAAGAACCTTGCAAAAGTTGGGTTTGGACGAAACTTACAAGGGTGTTGAAGAAGTTGAAGGTGAATACGAATTGACCGAAGCTGTTGAAGATGGTCCACGTCCATTCAAGGTCTTCTTGGATATTGGTTTGCAAAGAACCACCACTGGTGCCAGAGTTTTCGGTGCTCTAAAGGGTGCTTCTGACGGTGGTTTGTACGTTCCTCACTCCGAAAACAGATTCCCAGGTTGGGACTTCGAAACCGAAGAAATTGACCCAGAATTATTGAGATCTTACATCTTTGGTGGCCACGTTTCCCAATACATGGAAGAATTAGCTGACGATGATGAAGAAAGATTCTCTGAATTATTCAAGGGTTACCTAGCTGACGACATTGATGCTGACTCTTTGGAAGACATCTACACTTCTGCTCACGAAGCTATCAGAGCTGACCCAGCTTTCAAGCCAACTGAAAAGAAATTCACCAAGGAACAATACGCTGCTGAATCCAAGAAGTACAGACAAACCAAATTGTCCAAGGAAGAAAGAGCTGCTCGTGTTGCTGCCAAGATCGCTGCTTTGGCTGGTCAACAATAAATTATGGATATATAACGTCATTTTGAGATATTTTAAATAAAGCTATCTTCACATAACCTTTGTATTCATTTTTAGTTAACTCATTTACATCATCCACTTACTACATTTGTATTTTTTTTACGATTTGCGTACCGCCTCATTACTACCCTTTTTTTGCACTGCAGTAATAGTACACTCAAATCATGATGAAAAGAGAAAAGAAAAAAATGCCACAAAAAGTAGTTGATTTTATAAAAGTTATCATCCAATTTTAGGTAATTTTATTCTCTTTATGTAACGAACATATGAAGATTTCTTCTCTAGAATGGCATTCTAACTAAGTCCGTGCCATAAAATCATCACTAACAAATATAAGATCACGCTATACTATCAATGAAGAAACAAATATTAATAGTTGCTGCACAAAGTATTTTATGTTCTACTGTTTTTGGCGAGCGAAGTAATGTAGGCCTTTCCACTGAAGAGCTAGGAGGTGACTCAATTTTATACTTCAATGAAGACCCTATAGTGATTGAAATCGATAAGAAAGCTATTGACAAGAAGACTTTGGAACAGTTGGCAAGCACAAGAGATGTTGTTCTTACTGATTTACCGGACACTCTTGAGTTTATAGACTTCAACGAGTACGCGAAAATGAAGTCAAAATCAGATATGCTACTAGAGTATATCAACGAATACGAATTTGATGATTTTGAAAGAAGTTCTGAAGGCGGTCTTGAAGAAGAAGAAGAAGAGGATTTAATTTATGACTTCAATGCCCAAGCTGAAGATTTGGGTAAGCTTGGTTCAAATATATATGAAGTAGTCGAAGAAAAGAATATTGTTAATACTTACGATGGAAACCTTATCAATGCAAGTACAACTGAATCAACGACTACTATTCGGCCTTTCGTGACTTCTCACTCCTACGTTGCTTCTTCTACACCTTATTCGAATATTTCATCATTGAATGAGGACTACGATAATGCGAGCAACTTTTTGACTCCTACAACAGTGGCTCTTGCGGTACTTTTAACCATTTTATTATTTATACAGGCGTATTAATAGATCATTATTTTATTTAAATAAGAAATATTGTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:305187-308314

GAACTTGTTACAGTATTACACGTCAAGGCTGTAGTGCGGTGAAAAAAAAAGAATATACCGTAATTTTTCTCCTTCGTGACCTCGGAGCTGACTGATATTAGATAACTAATCATGGTAGCTGTATGTTCGTTAATCTCTTTTAGCCACCCACCCATATGCTTTTTGTTTTGTTAGCTAAAATAATACTAACTTACGACTCTATTCTCATCATTAAATAACCAACAGACAGTAAAAAGAACCATCCGTATAAAAACCCAACAACACATTCTGCCAGAAGTGCCACCAGTAGAGAATTTTCCTGTTCGTCAATGGAGTATAGAAATTGTATTATTGGATGATGAAGGAAAAGAAATTCCCGCTACAATTTTTGACAAAGTTATTTACCACTTGCACCCAACTTTCGCCAATCCTAACAGGACATTTACTGACCCACCATTTAGAATTGAGGAACAAGGTTGGGGTGGATTTCCTTTAGATATAAGCGTTTTCTTGTTGGAAAAAGCAGGTGAGCGGAAAATACCACACGATTTGAACTTTCTACAAGAGAGTTATGAAGTGGAGCACGTTATCCAGATTCCTCTCAATAAACCACTTTTAACAGAAGAACTTGCGAAAAGTGGATCTACTGAAGAAACGACGGCCAATACAGGCACCATTGGGAAAAGAAGGACTACCACGAACACAACTGCAGAACCAAAGGCGAAGAGAGCTAAGACGGGCAGTGCATCTACCGTGAAAGGGAGCGTGGACCTAGAAAAATTAGCGTTCGGATTGACTAAACTAAATGAAGATGACCTGGTTGGTGTTGTTCAAATGGTTACCGACAATAAAACACCAGAAATGAACGTGACGAATAATGTTGAAGAGGGTGAATTTATAATTGACTTGTATAGTTTACCTGAGGGATTATTGAAAAGTCTATGGGACTACGTTAAGAAAAATACCGAGTAATAAAAGGTAAAAGGGCGTTAAATGCGCGCTTTTATGTTTGTATAAATAAAACACGTTGATATTTTGTCTTATATAAACTTTATTCCAATAACCGCGACACCTTACCAAACACATATTATTACAACACATTTTTATCTTGGATTTTAAGTAATTATACAACAGTTTTCATTTTAGAAAATGAGAACATCAAATATATACATTCCAATGTAATAGAAAATGGAAAAGAAAAAAGAATAAAAAGAAAAACACGAGGGGACCAGGTTGCTAGAAGATAGGGTGACCACGTCAAAAGAATATACCTAGGGAACCAAACAATGCGAAGTTAACAACCCATCAAAGTATTTTTAATAGTGAGTGGTTCAATAGAAAATTAGAAGTCTGTTCATTTAAGCGCGCTACATCCCATCTTCTAAATGAGGATCAAAACCTGTATTGTCCGATGTACTATTGCCAAAAAGTCCGTTAGATGGCATATTATCACTATTTTGCCCATGTGAATCCTCTTGATGAGTTTGAGTGTCTTCAGTAGCAGATGCAGCTGATGAAGGATGCTGAGATAAATTTTGTTCCATAATAGTTGACGAATTTGGAGATTGAGAGAATTTTTTCTTTGCCTTGTAGATTTTCTCCAAGTTACCGGTCACTTTTATCAAATAGTCAGGCAATGGTTTGCCACTCTTCAAGTATTGTAATTTCCAATTACGGGCTTTATCTTTCAGTTGTACCTGCGTCCTGTTCTTCAAATTTTCCGTGATTTTACCACCGGGACCATATAAATCTAGAATCTTAGACCACGATGGGCCAACCTCTTTCAGGCCTTCCACTAATGCTTCTTCTTCCTCTTTGGACCAAGTTCTTTTCGCCTTTGGTTTTCTTAATCCGATACTACCATTATTGTTGCTGTTACTGCTGTTGTTATGAGAGGAATGAGGACCAGAGCTGCTGTTGCTCATCGAGGCCGCAACAGCGGCATCCACAATGGATTGTGTGATAGCGGGGTTTTTGGAAGACACATCTGTGGTAGGTGTATGTGTGCTGTAATGATTCGGACGAGCAGTTGACAAAAAAGCAGACGCACTGCTTGGCTGATTTTGGTCGTCCATGAATTCTACGGTCCTGGTCCCTGTAGAAAAGAGTACTTGAGGATCAAACTCGTTGACATCAAAGTCATATAATGGTGATTTTCCGCGACCCTTTCTGCCCCATATGATGAGACCCATATTTTTATTACAATAATCCAGCAACTCTCTGATAAATTGAGCCCATTCGTAGCTCTGGGTCAGAGAGTTAAAATCTTGGACGATCTTTAAATTTTCTCTCCGACGATCGCACCTTTCGACGAAGTCCTTCTCCGATGGAGTCAAAAGTGTAATGTCTCCAGAATCGCCGGTTCTTCTCTGCACGAGAATATCAGCCAGATTGGATGGGAAGATTAAGTCTAGTAGCTCTTGTTTCTTTTCTAAAGAAATTTCGTTCGTCTCGTCCTGAAACTCTTTCAAGCCGGCAATGTAAGCCTGTGTTTTCAGATCAAGATATAGGATAGCCTGCGATTTCAAAAACTTTCCGCTTTGTTCCAGGGAGTTGTTACCGACAGTGTTTGTATTTGGACAGAAAATATCGAGAAATATCGACTGTAGCAGCTCAAACCCGTAATTAAGGCAGTTCAGCGACGTCAATAGAAATGTTAGCAGATTCGCCTTTCTTATGGCAGTAATAATAAACGCTTCGTGGCCTCTCAATATAAGGGGGGGAGGGGAGTTGGGAAACCATAAACCAGGCGCCACGTCGTGAACAGACAGTAACGGAGATCTGGTGTGGTAAATCATTCTGATCTGCTTAAAGAGCTTGACTAACGTTTGAAAAATTTCTGTTTCGCCTGAGCTTAGGAAAGCCGTCTGGTCCGTCAAAACCGCTATAATATTGGGAGAGTTGGCATTAAGGATAAGAAACCTCAGTAGTTGAGTGGAGATATTGTCCAGCAGACATAATGAGCATATGGTCAACCTAGTTCTTGCAGGCAGGCTTTGGATGATGTCATTGAAGCGGTTTAAGCTTTCGTTATTATTGGGCACTTGCGAATCCATGACAAATGGGGAAAGAAGTGAGTAAAGAAAAACTAATGTAAAATGATTTCTGTCGCAGATGGGACAGCCACAATCTTAAATGTTGGCAAGGAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:308556-309682

ATAAACAGTATAGTTAGTTAGTTAAGAATGGAATTTGAATAAAATCATAAAGGAGATATTTACCGAATAAGTAACAAATAGAGAAGGGAGAGATTAAAAAATGAAAATTTACAGTACCGCCAACAAACACTTGAATAAGATTGAAAATTAGAGAGAAAAAAATTTAGAAATAATACAAAATACTAATAGTGATGGGACACAAAAATGAAGAAAGAAAATAGGTTTGATAGTATTGCTATCACCATTGACATTCTCGTTTGGATATTCACTTTTTACGTGGAGAGTTTGACCTTCTTCTTGTTTAGTTTAATAATGCCGGAGGGGCCCTTTGGTTGCACTAACTCGCCGTTTTCAACACATTTCTTGATAGCGCTATTGAACAGATAGTCAAAATTTGAGCTTGTTTTCAACTTGGAGGAGAAAGTGTCCTTGACATACTTCTTTAAAACGATACGGCTGGAGCCCTTACCGTCATTAAGTTGAGGCATGCTTTTAAGGATCATTTCCTTGTAGGTCAATGAAGAAGGCGAAGAGGCCTTCTTGGCGGTAACAGTAGGCGATTTTTTTTTCACTACTTTCTTTGGCGCTAGCTTCGTGGATGCGGCTTTCGCTTTTGATGCGGTTGCACTCACAGAAGTGGCGGCTTGCTTGGGTTTTGGACTGACCTCTTTTTCTTTCTTTACTTCTGGAGATTTCTTCTTGGCCAGTTTCACAGCACCAGCGGGTCCCTTTGGCTGTTCAAAATCGCCGGCCTCCACACCCTTCTTTATGGCATTGTTGAAGTACAAATCAAAGTTGCTTGCGGATCCGACGATCGGGTAGTTTTCCTTGATAAACTTCTTGAGTGCCGGACGACTGGATCCCTTACGTTCCTTCAAAGCCGTGAGCCCTTCAATGATCAACTCCCTGTAACTCTTGGAGGAAGCTTCCTCCTTTTTTGCCGTGGTTTTCTTGATAGCGGCCTTGGAAGTTGATTTCTCCTTGCCTTTGCTGGTTGCAGGCTTCTTGCCCTTACTTGTGGTCTTGGTAGTGGATTTCTTGGGTGCCATGTTGCTTTAGTTGTATTATAATTGCTTCCCTCGCTGCCAAGCATTATCAGGTGCCCATAAATAACAACTCCCCAAATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:310148-313047

ATATTGGCTGTCGTCACAGGAACTACAAGTACAAACCAGAACCATTTTAGCTGATCACCAGAATGACGCAATCCCTAGGTATCGAACAGTATAAACTGTCAGTCGTATCTGGTGGGAAACCCGCTTTGAATAATCTCAGTTCAGTAACCGGCAATAAGAATATCGCCCGCCTATCACAAGACCAACGAAACTATATTATACCCTTTAACAATCAGATCAAGGTGTATTCTGTGGAAACTAGACAATGTGTTAAGACTCTAAAGTTTGCAAATAACTCCTTGTTATCCGGAATATTTCTGCAAGAAGAAGAGAATAATGAATCGATTGTAAAGATTCTGCTGGGTGATATAACCGTTCCGCAACAAGAAGACGCTCATCTGATTACCGTATTCACCAATAATGGTCATGTAATTGTTTTAAATTATAAGGGGAAGCTGGTCGAGTCCCCTAAGCATTTCAAAATCTCTTTGGCAGATGAAAAGCTTGCAAATGTTTTCCATAGCGAGGGCAACTATAGAATTTTGACAACGTTCAAGGACCCTAGTCAAAAGGCACATAACTCTTTGCAATCGTACAGGTTATATGCATTAACCTTTGACGATGCTAAAAAGCAATTTGAAGTGGCTCATCAGGCAGAATGGCACAACGTTATCTTGTCAAATATTTCTTCCAATGGTAAACTGCTAGCGCATATGTGCAAAGACGTCTCAACAAAAGATCACGAACACAAATCCATCTCAGTTGTTTCGCTTTTTGATGATTCTGTAAATTTAAGCTTTCCCCTCGGTTCCATCCTTTCTTCACAGACTCAATCCCTATCCTATAACACAAGGTACGTTTCTAGCATGGCCATAGACAATATGGGTCAACAACTGGCTGTTGGATTTGCCTCCGGAGTTATAAGTATCGTAAGCCTGGCCGATCTACAAATAAGACTGCTCAAATGGCATATAGACTCTGTGCTGTCACTCTCATTCTCTCACGATGGATCCTATTTGCTATCTGGTGGTTGGGAAAAAGTTATGAGTTTATGGCAATTGGAAACAAACTCTCAACAATTCCTGCCTCGTTTGAACGGTATTATAATCGACTGTCAGGTATTGGGACCTCAAGGGAACTACTACTCTTTAATCCTACAAATGACTGAAAACAATTCAAATTCTGACTACCAATTTTTACTTTTGAATGCTTCTGATTTGACCTCCAAATTGTCGATTAACGGGCCATTACCGGTGTTCAATAGCACCATAAAACACATTCAGCAACCAATCTCGGCCATGAATACCAAGAACTCCAACTCAATTACCTCTCTCAATCACTCTAAGAAGAAACAATCTAGAAAACTAATTAAATCGAGAAGACAAGATTTCACCACTAATGTAGAAATAAACCCTATTAACAAGAACTTGTATTTCCCACACATTTCTGCTGTTCAAATTTTTGACTTCTATAAAAATGAGCAAGTTAACTATCAGTATTTAACATCAGGTGTCAACAATTCTATGGGTAAAGTTAGATTTGAACTGAATTTACAAGACCCAATAATAACTGATTTGAAGTTCACCAAAGATGGGCAATGGATGATTACATACGAAATTGAGTATCCGCCAAATGACCTCTTATCTTCCAAGGACTTAACTCATATCTTGAAATTTTGGACCAAAAACGATAATGAGACAAATTGGAATTTGAAAACGAAAGTAATAAATCCACACGGGATAAGTGTCCCAATTACCAAGATATTGCCTTCACCAAGATCAGTTAATAATAGTCAAGGCTGTTTAACGGCTGACAACAACGGTGGACTGAAATTTTGGTCCTTCGACTCTCATGAGAGCAACTGGTGCTTGAAAAAAATTTCTTTACCAAACTTTAATCATTTCAGTAACTCCGTTTCTTTAGCTTGGTCTCAAGACGGGTCTCTAATATTCCATGGTTTCGATGACAAGTTGCAAATTTTAGATTTCGACACTTTTAAAAAGTTTGAATCATTGGAAAATACAAAGACGGTCAGTGAGTTCACGTTAGACTCTGAAATCCAAACCGTCAAGTTGATTAATGACACAAATTTAATAGTGGCCACCAGGACTACATTAAACGCCATCAACTTATTGCGGGGTCAAGTCATAAATAGTTTTGACTTATATCCGTTTGTTAACGGAGTGTATAAAAATGGTCACATGGATAGGCTTATTACTTGTGACGAAAGGACAGGCAACATTGCCCTGGTTATAAATCAACAACTAACTGATCTCGATGGCGTACCAACTATCAATTACAAATCCCGTATTATTATATTCGATTCTGACTTATCTACAAAATTGGGTAATTTTACGCATCATGAATACATATCTTGGATTGGTTGGAATTATGATACTGATTTCATATTTTTGGACATAGAATCAACACTAGGTGTTGTCGGAACCACTGTGAATACTCAACTATCTGATGAAGTTAATAACGAAGGAATATTGGATGGCCTGGTAAGTAACACCATCACAACTTCGGCATCCAATAGCGATATTTTTGCAGAACAATTGCATAAACTGTCGTCTAGGGGCAAAAAAAGTGACACTAGAGATAAAAATACCAATGATAACGACGAAGATGAAGAAGATATCGCTTTGGAATTTATAAATGGCGAAAAGAAAGATAAGCTAGTCAATATGAATAGTTTTACGAGCATGTTTGACAACATTCAAAACGTGCAAATGGATACATTTTTTGATCGTGTGATGAAAGTATTAACATAGCTTTAGGGTTCTTCCATTGGATATCCAAAATAGATATAAAGGTATATATATATATATATATATATATATGTTTATAAAGCAAACCGAAAGCAAAAATATCTGTATAACTTAGTTACAAGGGAAGGGAAGAGAATGCATTGGTTAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:313212-321631

CTATAGCGTACATTTCCATGTAAGAAGATTGAAGTTTCAAACAATTGGGTAGCTTAATATTTGTCAAACTTCTTGGTAGGTGTTGTGTTTAAGAAAAAGGAGGCACCATAAACTATTAACTTTTTAGCTTGCCTCAACTGTCAACCGAATCAAATTTTAAAAGGCGTTAAACAAAAATGGCCTCGTCTCTTAACGAGTTAAACTTGGTTCAAGTACTTGAACAAGCAAGTAACCCACAACATATTAGGTCAGATGTTCAAAAATTAGCCGAACAACAACTAAGACAATGGGAGACTCAAGCGGGATTTCATTACTTATTACAGTCAATCTACCTTAATTTATCTAATTCTTTACAAATTAGATGGTTGGCGGTAATTCAATTTAAGAACGGCGTGGATAAATACTGGAGATCCACTAGAATTAACGCTATACCTAAAGATGAAAAAGCCTCGATAAGAGGTCGTCTTTTTGAAATGATCGATGAACAGAATAATCAACTTTGTATTCAGAATGCCCAAGCTTCCGCAAGGATTGCAAGGCTAGATTTTCCCGTAGAGTGGCCAACCTTATTTGAGGATCTAGAAAACCTATTGAACGATGAGATCATCAGAAAAGATTCAGTTAAGATTTACAATATATTGATGCATATAAATCAAATCGTTAAAGTATTAGGTACTGCGAGAATAGGAAGGTGCCGACCCGCTATGCAAAGTAAAGTTCCTTTGATATTACCACTAATTGTCAGGATTTATTTACAATCATTTGAAGAATGGACGACATCCTCCAATCTCAACTACGAGGATCTTTCCAGTTTACAAGTTTCTTACCTAGCTTTGAAAGTGCTCAGAAGGATAATTTGTGAAGGATACGACCGCCCTCAAACCGATCAGTCTGTTTGCGATTTTATTAAACTATCCGTTTCACACTTTGAGATGTTAATTTCAAACCATGAAAACTTCAAAAAGTTTGATATTTACGAAAAGTTTATCAAATGCCTAGGAAAGTTATATTTCAATTTAGTCACTGGCTCTCCGGCTAATTTCATATTACTGCCATGCTCTACGCAAATTCTAATCACTTATACTAGGCTAATTTTCGATAAGGCCCCTAAAGTATATAGAGAGAATTCTGATGTCACGGGGGACTTTTGGGAACAGACTGCTATTAGAGGGCTTTTAATTTTGAAAAGGGTCATTAATTTCATTCACAAAAAGGGGGCAATTACGTTAAAAGCAAGAAGTGATAAACTAACCATAGATGCTTCTATCAACAAAATCAACACAGAATTTCTGAATGAGAATTTGATAACAAGGTTGGTTGACACTTTAATGGAATGGTACTTGAGGTTAAGACCAACTGAATTAGAAAATTGGTTTATGGATCCAGAAGAATGGATAAACGAACAAATGGCCACGAGTTACGAATATCAAATCAGACCATGTGCAGAGAACGTTTTTCAAGACTTAATGAATACTTTCTCTGAGCTGTTGGTTCCCTACCTGTTAAAGAAAATTGAAAATGATGCTTCAAAGCTATCAAACTCATTAGACGATTTTTTAAGGAAAGACGCAATTTATGCAAGTTTCCAATTAAGTGCATCCGCTGTTAGTGAAATGGTAGATTTTGACAGGTTACTAATTCAGGTTTTTTTACCAGAAGCTACAAATACAAACATATCAGGCGACGAATTAAGGATTATCAGAAGAAGAGTTGCTTTAATTATAAACGAATGGTCTACTGTGAAGTGTTCGGAAGAATCTAAAAGTTTATGTTACAAGTTATTTACAAACTTCCTGACAGATGAAGACGACAAAGTTGTTTTGTTAACCACAGTCCAGACTGTCAGAACCATGGTTGATGACTGGAACTTCAACAAGGATACTTTTCAGCCATTTTTAACTGAAAATGTTCATTTATTGTTGAGGAAAATTTTACCATCTGTGTCGTTAACCGAGACAAGGCTATATGTTTTAAACACCTTGAGCGATATCATAATTCAAACAAAACCTTTAATTAGCAGGGATCTATTAGTCGAAATTTTGCAAATCATACCAAACCTTTGGGAAATAGCAACAAATAATGCTAGTGAGGCTATTTTGGCAAACGCATTGTTAAGGTTATTGAGAAATTTGGTATCATCTTTGGGATCACAGTCACATTTAACGTGGGATATCGCCATACCTGTGGTTGCATTAGCCTGTGATCCCTCTTCTATGCAATATCAGTTGTTAAGCGAAGACGGGTATGAACTATGGGGCATGCTTCTTCAAAATTTTTCATCCCACGATCAAGAGTTTGACGATAAGTTCGTTGAATTGGTGCCATTTCTAAAGTATGGTATTGAGACACACACAGAGATTCTCCCAACTTTACTTGAAATTATCAAAAGTTATGCTCTGATTCTGAATCCTGTGGATTTTTTCTCTAACAACACATTTCAAGATATTTTTAAACAAATGTCTAAATATCTTTTAAAGTTAAGGGAAGATTCATTTCAGTTGGTTTTAGAAATCTGGGAAATTTTGATATTATCCAATGAGTCGGATTACGAAAATCTGTTATTGCAAAAATTCTATGAAACCGGAGTATTATCAGCATTATTCGATGCCATTTTCCTGGAAGAAGCTCCTTCATCTTATTTATGCTCGCAAATCATTCAAATCATCGCTAGAATATCCTACGTGAATCCAGACGCCTTAATGACTTTTTTAGCTACATATCATGACAATCTACCAACTTCTAACGAAAATGCACGCATGCCGGAATCAATAAGAAAAATTGTGTCTAAGGATCAGACGTATGATTCCGTTGTAAACAAGCTTTTAACCGGATGGATAGTATGTTTTAGAGATATCTTTGATCCTAAATTCAAAAAAGTTCACATATTAGGTATTTCAAGTTTACTAAGGACTGGTTTAGTTCCTATTTTGACTGAGTTTTCATCCATCGCATCTTTATGGATCGAAATGCTCGAAGAAATTAATGAAACTAATCGTGGGGATTGCGAAAAATACCACTTGAATGATATTGTTACAGAGCAATCAATTGCATTCCATCCTTTAACTGCCGAACAATTAAGATATCATCAATTATGCAAAAACAATGATCCAGTGCATAACATTAGTTTAAAAGATTTTATTTCCCAATCAATGGAATATCTAGAATCACATTTAGGAGTAGAAAGGTACCAAGAATTTTTGAAGACTATTAACCCTAGTTTACTAGAGAACTTACAAATGTTTTTATCCATCCAGCCTCAAGAGGCTCGTCCATGATAGTAATAAGTACTAAATAAAAGTAAAAAATTGTATATAGTTCGACTAACAACATTACAGTGGTATCTTTTGATCGCGCATTCTATACTTTTATTTTGCTACTAATTAGATGTCGCAGTTTTTTTTGTTTGCTTTTTGCGTAATACAAAAACAAACGCGAAAAGTGTTCATGTAATATAATGAAGTAAACCAAGTCTCACGGAATAAAATCACCTTCTTCCAATTTTGTAAAAGTTTAACCAAAGATCCAAAGTGGCTTGTAGGAATAATGGATTATAGTAACTTTGGAAACAGTGCCAGTAAAAAGTTTCAAGACGATACTCTAAACAGAGTAAGAAAAGAGCATGAAGAAGCCTTAAAAAAGTTGCGAGAAGAGAACTTCAGTTCAAACACGTCAGAATTGGGAAACAAGAAGCACTATAGAGCACAGGAAAGGATGAGTTCGCCATTACATAGATTGTCTCCCACAGGTAAATCAGACGATAGGAAAGTGAAGAGCCCGCTAGATGATAAGCTAAGGAGGCAATTAAGGGAAGGTAATACGCGACTACCTCCTCCACCATTTTCCAGCTACGGGATGCCACCCACCAACCGATCTAATTTGGATAGAATAAGAAGAAGGACTAGCTCACCAGTAAGAACTGATAAATTTGCATCACAAAATGTGATAGATGACCAAAGATTAGAAATAAAATATTTAGAACGAATCGTATATGACCAAGGCACTGTCATTGATAATCTAACATCAAGAATAACAAGACTGGAATCATTCATACTGAATTCGATCTCAGACAGAGGAGATAAAAATTTTGCCTCTCTCGAACACTCCCGCTCTTTTTCTGGGTTTCCGACCAACAAGACGTATGGCTTACAAATGGGTGGACTGTATGAGAATGATATGCCCTATCGAAGAAGTAGCGACAACATTAATAAAGAAGGAGCAAGAGAAGATCGATCGTCACAAATCCATATTGAAAATGAAAGTACGGAGGATATACTAAAAATATTGTCTTCGTCTTTTCACAATTGAATTAAGTACTTAACTAAATAATACCAGCATAATCGTAACTAAAACTAAAATATAGATATACGCATTTCAATCTTTTCTTCTCAGAGAAGGGTAAAGCTAAATGAAGTTTTCAATCGGAAAACTTTTAATTTTTGATGAATTTTAATTTAAACTTATATTTCTTGGAATTTTGTTCATCGTCTACAGAGAAAATGGGGCTTTGATTCCTTCTCCTTGGATAGGTGTCACCGCCCCAGTTGTAGTTACCAGAATAACCAATATATCCGTCTCCTCCTTTCGTTGGATCAAAATCGAATTGACCTGCATCCTTAATGTTCCTGAATTTGCAGACCAATTCATTAGATGAAGACGAAATAATGTCACAAAACCCTTGGTTAGTTCTCAAGTAGTAATTCCCATAGGGAGATTTAATCAACTCGTAATTCGCTGGTGTACCTTGACTCATCCAGTGTCCATTCTTGATTAGAAAGCCTTGCATCTGATCTCCATTATTAATATTTGATAGACGAACGACTCCTCTGTATCTTGCTCCCTTATTAGGTCTCCTCCTGAAAGTTGGGACATAACCTTTTGGAAAAAACTTAATACCATCTTTTTTACAATTTGTTCGAATGGCAAGTGAGTCCATGGGCACAAACATTTCGCTCAAAAGGGAACCCTTCAAGTGGTTATAATACCATACTTCGTTTAAGGAATTATGTCTATCACAGCCTATGAAGACTTTTTTTCCTTCAAACTCTTTACTTAGTGCTGCCTCTATCTGCTCCAAAGAATAGGAATTGTCCACACTTGGGACAATATTATTTTTTTCTAGTGTTGAAAATGTGTCCAATTTCTTGAATAGATTATAAGTTATTCTAAAATAATCATAGACCGCTCTTTTTCTGTCAACACTATTAGCACCCCACTCAGTATAGCACTCTGGTCTAATTGTGCTAATGCACGTGCCATGTTTATTAAACTCGTGTATCCATAAGGACTCATGATTCCCGTTATTACTCTTCCAATATAAGTCTAGGTATTCAAGCAGCTTTTCGCCCGATATTTGCAGGGATGTATCATTATTATTAAATTTCTTGTCATGCAATAAGTAGTAAACATCGTCAATTTGTAAGGACCTATTACAGAATTGTTGGTAGCCACCATGACAATTATCTGGCCATAATCCGTGAATTGTAAATGAATCTAGAGGCCCTAACTCCTTCACTAATTCAGTTTCATTTAAATCGTTTTTGCTTGGAAAGTAATTCCAGAATTGGGTTTGTAAAAATATTCCACCTGGATATTCAAAACAACACGAGTTGTCTATATCAGTTTTATTGGAACATGATAATGGAATGTTTATAGGGCAGTTTGGTTCTATACCCTTATCTGCTCCATTCGAAAAAATTGGTAGTTGTAAGAGACTGTGTAAGTTTTTCAGTAACATTGACACAGTACTTTAGTTTGAAATATCTTAAATAGTTGGCCTTGCAATAGGTCGAAAGTTGAAGCGTTAATTATAAATTCGGTAGTTCCCCTACTTTTCGATAGGTTTGCATTTAAGGGATATTTTAGGAAAAGCTTAGATACCGAAATTTTGTTGATAGAGATGCAAAAGAAGAAAGAATGAAAAAGGAAAACAATTACTGCGCAAGAAAGACGCGTGTGTTAGCGCAATTGTTACGTTGAATGCATTGATATGTAGGGGCATATATATGTATATATACTTATTGTTTCTTTTTCAACTTTCTTTTAGCGAAATCAAGTACTTGAGAATTACCTTCCTTTGAGATGAAAAATTTCTTCTTTTTGTCGTCTTTCCACAACAAAACACCGATATCTTGAGCGTACTTACTTAGTAAGTTGTATTCTTGACTAGTCTCAAAATCAGAATATAAGGAACCTTCATATGTAATGACTCTATCTAACTCTAATTGCCATAATCTGATTTGATCTACGACGGTAGGAGGCAAAACTTGTAAAGGCTCCTTACAGTTGGGGTCCAGCTCTAATTTTTTTTCTAGTTTCTCTTCTGCCAACCTTCTCATTTGAGGATGTGCATGTGTCTCCAGATAGGCAATGATTTGGTCGGCAGTGATACCATTGGTCAATGCTCTTCTTATGGATTCCCTTGTTATTTGACCCAATACCATATTCACAAATCTTGCCTTTAAATGAACAAAAAGAGACAAAACAGCAATTTGCAGAGGTGAATTAGAATATGAATAGATTTTGAAATTTGTTTCTACAATCAATGAGCCATCGGGTATATCTTGATTTTTTAGACCTGCTTTGTTCAAATCATCTGATGTAGTGATATCTGTTGTGGATTTCCCGTTGGCGCCGTCTTCATTTACTGACGGCTCTTCTCTATTCTGTCTCAGTACACTATCCATCGCATTGGAGGCAGATCTGATTGTCTTGGTATCGGAAGTCAGCATCAAAGCTAATTTTGTTGGATAAAAAATGCTATCATTTGAATGCTTCTGGAATACCAAACCATAGTCTCGCATATCTTGTAACATAATTCTTTGTGTTTCGCTTAATGCATCGATTTTATAGGCTTTGCCAACTTCCAATGCGCCTAACATGAAAATAAAATGTAAAACATCGACTAAATCCATTTTGGACGTTTCGATCATTTTTAAATATTGCAATAATAATGTCCATAATTGGGAGTTGATTTCTTGTAAAAGAAATTGGAAGCCTTCATTAGTGATTTTGAACTCTCCAGTAGAGTTTACCTCTTCCATTAGTTTACTGTGTTTTAAAAGGTTCAGTACTTTTTCAGATGGGATTTTAGCGAGGGGAGTGCCAACCATGAAATGTAATATTGTTTCCCATTTATTAGCTGAATATTCATCCAACAAGTCCAGGCTAACTACGTTTTCCTCTACAACCACACCGAATGAGTTTTGAACTTCCCCACCCGTTAATGCGTTCCTCAGGCTGATTTTGAATGTTGGGTTTAGGTTGATCATCAAAGTACCAGATGATTTATTTGGTATAAGAAGATGCAAAGACTTCATCGATTTGATTGCATTCTGAAACTGCAATTTACCATTAGAGTTAACCCATTTATCTAAATCCAACAAAGGTACTTCATTTTCGTTGAAAACCATTGCCATGATAAAAAATTTAGCTAGTGGTGGTAAAATTCTATAGATAGCCAGACATGTAGCTGGTGAGGTATAAAGCCTATTTTGAACTTGTTGAGGAATTTCTTCCAAATACTGAGTGACCGAATGCTTCAGGGAATAGTCACTCATTATATTGTTCACTTCTTCCCTTTGATGGTGGCTTTTAATGCTAAGTTACTAGTATTGTATTCTGACGATGAAGTTAGGTTATATGTGAATATATGATGGTGCGTAATTTGCGCTACAACAAAAAAATACATTCGTTTTTTCAGTAATCGCGTACCTAATAGAAATGCAAGATGAATAAACGTTTTACGCATTTTTCATTGTGGAAAGATTAAGCTGTAGTCAAGTTTTAACCTAGTGCATAGTTCAGCCATTCCAAAATCTTTCCCTTCGCTATCATGCAGCACCTTATTCAATTTTTCCAGCTCCGCTATTTTTTTTTTTTCCAACTCTTTCAGCTGTTCATTCATTTGACTCTCCCACTCTTGTTTCTCAACTTCTGAAAGTTGTCTAAAGTCATCACTTTCCTTTATTTCACAGATTTGATCTTCCATACCGTTGTCAATCTGATATTCCAATCTTCTCTTTTTAGCCTCCATTTCTTTTTCTAGAAAATCTTTATAGCCGCCCATTCTATTGATTTTGATTAAAGTGGAATTTAAAATAAAAGACAGTTCCATCTCACAAATTGTCCTCCATTTTTCTATGGATTTTCTGTTCTCAATGATCTTGTTTTCGCTGAGAATTTTACAAGCCTGCTGTAAGTGATTATTTTCTTGCCTGAGAAGAGTAAGTTGTTTCGTTAACTCCCTATTTTTTATCGCAATTTCCTTCTGGTTCGTAGGCTTCTTCAAGTCCTTAATACCGCTTTTACCGACCCGATAGTTATTAGTGTCCTTTTTTGTATAAGAATGGTTGATGCAAGTATTTTCTTCTTCGTTCACCAAAGTTTTGTCCTTGTCTAGCCACTCTTCCTGATTGTGCATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:322035-326334

CTGTTTTCGCAAAGACTCCCAGACACGGGCATTAAAATGAAGTGCCAAACATGTCACTTACCCCTGCAACTAGACCCATCTTTAGAAGGTCTTAGTTTAACCCAAAGAAATTTGCTACTTTCAAATAATTCAATTATCACTGCAACGAATGAAAATGTCATCAGCAACAAGGGCATCGAAGCCGCAGATAATTGTGGGCCTCAAATACCGAAGGAGAGGCTGAGGCGATTAGGGGAGATTCAGAACATAAAAGACTTGAATTTAAAAGATGATAAATTAATCACTGATTCGTTTGTTTTTCTTAATCACGATGATGATGATAATGCTAATATTACGAGTAATAGCAGAGAGGACCAGCGTTATGGAAATGCCAACGGAAATGATAATAAAAAAGCTAATAGTGATACTTCCGATGGAACCAGTACCTTTCGAGATCATGACGAAGAGGAACAAGAAGCTACGGATGAGGACGAAAACCAACAAATACAATTGAATTCCAAGACTTTGTCCACACAAGTCAACGCAATGACTAATGTATTTAACATTCTATCTTCTCAAACAAACATAGACTTTCCTATCTGTCAGGACTGCTGTAACATCTTGATAAACAGACTAAAAAGTGAGTATGATGATGCAATAAAAGAGAGAGATACTTACGCTCAATTTTTATCGAAGTTAGAGAGTCAAAACAAAGAAATATCAGAAAGCAATAAAGAAAAGCAGTATTCCCATAATCTTTCGGAAAAAGAAAATTTGAAAAAGGAAGAGGAAAGACTCTTGGATCAATTATTACGTTTGGAAATGACAGATGATGACTTAGATGGAGAACTAGTTCGTTTACAAGAAAAGAAAGTTCAACTGGAAAATGAGAAACTCCAAAAACTGAGTGATCAGAATTTAATGGATTTAAATAACATTCAATTCAACAAAAATTTACAGTCATTAAAACTGCAATACGAATTATCCTTGAATCAATTAGATAAGTTGAGGAAAATCAATATTTTCAATGCTACATTCAAAATCTCACATAGCGGCCCCTTTGCCACTATAAATGGATTGAGATTAGGCAGTATACCAGAATCAGTGGTACCTTGGAAGGAAATCAATGCAGCACTGGGCCAATTGATTCTTTTACTGGCTACCATAAACAAAAACCTGAAGATAAATTTAGTAGACTACGAATTACAACCGATGGGTTCATTTTCCAAAATCAAGAAAAGAATGGTTAACAGTGTCGAATATAATAATTCCACTACGAACGCTCCCGGTGATTGGTTGATTCTGCCTGTCTACTATGATGAGAATTTCAATTTGGGGAGAATCTTCCGCAAGGAAACGAAGTTTGATAAATCATTAGAAACAACATTAGAAATAATAAGCGAAATCACTCGGCAGCTTTCTACGATAGCGTCATCATATTCATCTCAAACACTCACAACAAGCCAAGATGAATCTTCAATGAATAACGCAAATGACGTTGAAAATAGTACTTCCATTCTCGAGCTACCCTATATCATGAATAAGGACAAGATTAATGGATTATCCGTCAAATTGCATGGTAGCAGTCCCAACCTTGAATGGACAACGGCTATGAAATTTTTATTAACCAATGTAAAGTGGTTGTTAGCGTTTTCTTCCAATTTACTATCCAAGTCAATTACCTTAAGCCCTACAGTGAATTACAATGATAAGACCATCAGCGGAAACTAAGTAGTTCATATAAATGCATTTTTTCATAAATGTGATAAAGGGAAAATTTCTTTTTCCACTTGAAAGATATGTACGTATTTAAGAACTGATCTTCTTGACCACTTTTTTTATGCGTGCAACTTTAAATGCTTTCATACATTTCCTTGGTCTTTCATCAGATGATATGCCAGATATCAACAATTATAGACCTAATATAACATTGAGTTATTTTTTACACGTATAATAATAACTCCTTCTCCGGCAATGAATATTTTGCTTCCAAATTGCAAAATTCAAGATTTAATTATAAAAACTCTGAAGTAATAGACCACCTATTTCAAAAATATTCCGTATTTTTCCCTCTCTATAAAAACAAAGGGCTTCCAAAATATCCATTCCAATAAACGGTAAACTCACCCATTTATGATTGGGACAAGAGCAAAAAAAAAGGAAATTGGGAAAAAAAAAGAGAAAGAAAGCAACAGAATAAAGGGAACTTGATAAAACTGAAGTACCGTGGGTCAAGTAGCGTGAAAGAGTCAATTCATCGACTAATGGATGCATAAAACGTATGACTGTATAGTACTGGAGTGAAAACGAAGAGATAAAGAAAGGAAAAAGGGAGATTAATAAAAAGAAAAAAATTAAAGGAGTTCTATATTTGGATTAGTCTTTTATTCTTTCTGCTTACCACCATGAAGCGTTGCTATTTCCGTAACCGTTTTTCTCATTATCATTTCTAAACCCACCTCCAATCGAACCCCAATTTGATGTTCCAGTATTCCTTGGCCTCGTGCTCCCAAATGAGCCATTTCCACCATGTTTACGGTAGTCTCTTGAACCGTTATTACGACTATTGAAAAAACCTCCTCCTCCCCTAGTTCTTCCACCTCTTGAATTCTGTCTTGACAGGTCACTTAAAAACGTGGGAACTTCTTGATTCGCTTCATTTAAAATTTCCATCAAACCCTTCACAATATTCTGATTATTACTATTGAAGAATGAAGTAGCCACGCCTGTGTTACCAGCACGGCCTGTTCTACCAATTCTGTGAACGTAGTCATCGATGTCGGAGGGCAAATCATAATTAATGACATGTGTGACATTCGGTATATCCAAACCTCTCGCTGCTACAGCTGTTGCGACCAGGATATCAGCTACGTTAGCTTTGAAAGCAGATAAGGCACGTTCACGTTCAGCCTGTGTGCGGTCACCATGTATGGCTGTAGCTTTGAAATTTTGCATGATCAAAAAATCTGTGAGTTGATCCGCCATTCTTTTCGTTTCAACAAAAATCAATGTCAATCCCTTATGCTCTGCAGACAGTAAATCTAACAACGCAGACTTTTTGTCCATGTCATCGACATATAATATTCTTTGCGTGATATTTTCTGAGGTGGAACCGACTCTTCCTACTGATAAAAAAATATAATTATCTAAGAAATCGCGTGCCAAATGCTGGATATCTACTGGGAATGTGGCGGAAAACATCAAGGTCTGTCTATTTTCCACAGAGGGCATATCACATTCTTCAACTATATGGCGAATTTGGGGTTCGAATCCCATATCTAGCATTCTATCAGCCTCATCCAATACCAGGTATTTGATATTAGCCAAAGAAACTTTTCCGCGTTCTAATAAGTCATTCAGCCGCCCTGGTGTAGCCACCAATAAGTCACAGCCGCGGTCAACCTCCCTCATCTGGTTACCGATTGGCGCGCCACCATAAACAACGCATGGCCTAACCCAAGATCTATACGTAAATTTTCTTGCTTCTTCAAAAATTTGGGTAGCCAATTCTCTAGTTGGTGCAAGTACTAAAGCAGATGGATATCCCTTTCTAGAATAAAAGCTCTGTGCTTTCTCGGGTACTGGAGAGGGCCCAGACCTGAATAGCTCCGTGAAGAGCGGAAACAAAAACCCACCTGTCTTACCTGAGCCCGTTTGTGCGCATGCCATCAAATCCCTACCTTTGGTAACTATTGGAATAGAATATTTTTGTACTGGAGTAGGTTTGGTGAAACTAGCAAGTTTGATATTTTCCATTAACAGCTCATCCAGAGGGGGAGAACTAAAATCTAGTATAGGTTCAGGAACATCTTTTCCAGATGCATCTACGGGAATATTATCGTAATTATCAAACTTTATACCAGATGAATGGTAATCGGGATCGTCGTGTACACCAAACAGTTCGGCTTCTAATTTCGCGTTCTTAGGCCCCGGTATATGCTTGCCATTTACCCATCTATTTCCAGATGATTTGTAATTTGAGCTGCCTCCGCGGTTATAGTTCGCACTCGTCCCTCCATTTCTTTCCTTAGAAAAGCCAAAAAACCCGCCATTGTTCCCAGTTTGCCTTCCAGCACGTCTGAAAAAATCACCACCCGTAACCTTATCTTCCTGTTTTGGGGTACTTCTTTCGAATGATGGTTTTCCTCTACTTCTCAAGTGCGGTGGGACATAAGATGATTTGCCGCCACCACCACCATTCTCTTTGTTGTTGATGCTTAAATTAGATACCTTCTGTGGCAAGTCTGCCATTTTTTCTTGTAATACTTTCACTCAAAGGGGTTTTTCTTAAAATATCCTTTAACTGACACTACCGATATCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:326515-328950

TAGGTGCCGTGATGAAGAAAAAAAATCATACAGACATTTGCTACAACCCTTGGTGAGACTGTTTCGATCATTTTTCTTTTTCTTTTTCTTTATTTTAGAAAAAATTGAACGAAATGACATTGGCAGAGTTGCTTGGACGGTCGAGAATAGCTCAAGTAGCTAACAATCATAAACCATTGACATACACTGGCAAAAAATTTCATCCAACACATCAAATCATCGAAACTAAGCCATCGACACTATACAGACAAGAATGGGGGTTGAAATCCGCTATTCCTTCGAAAATTAAATCTCGATATTTGGTGTACAACGATTTGGATACGTTGGAAAGAATTACCACATTCGAACCTAGAGGCGGTACGCAATGGAATAGGCTAAGATTTCAAGAAATGGGAGTACCAATTGTGTCTAATATAGGCAGACAAAATCCATTTTTCAAGTACATATCTCGTCCTGAGGATGAGTCTCATGCTAAATTGTCCTTATTCAAAGAAATGAAAGGAGATACAGATATTTCGCCTGCTGCTATGAAGAAGCGTTTGAAGAAGATAACAGCACTAATTAGATCGTTTCAAGATGAATTTAAAGAGTGGCTGGTGGAAAATCATCCGGATGAATTGAAATTGAATTCTAATAAGCTGGAAGACTATGTAGTGAAGTTTCTAAACAAAAAGTTGGAAACAAAAACGAATAAAAAATTTAACACTGAAATCATTGGTACAGGTGGATTATCATACAGCTTGCCAGGAAAGCTAAAAAACTCACCAAATGGTGTCATTCAAAGGACTGTAGTACCCGGTAGAATCTTGAACGTTGTTAAGGAGAACAACGACAATAAATGGCTGGCAGCTATTGGTGGGTTTGTGGCCGATGTGGTATTTTTCCAATCACCACCTAGTTCCTTTAACTCCATGGGAGATTTCATCAGAATGAAAACGTTCTTGTTCGAGATCTTGGAGGCATCTATGGAGAAAAATGGTTCTGTTTCGATGCACGCTAGATTACTCGAACCACAAAATGACAAGACCAGAGAATTTTTCAATAAGAGACCAATTTATAAACCATTGACCTCTAGAAGGGCACGTCGACCATCAGTGGGAAACATTCAAGAGGCCAATAACCTTTTGAATATAATCAAGGGAAATTGAGAAGAGAAAAAAAAAATGTGAACAATCAATGTATATTCAGAGTTCTGTAAATAAATAAAGAAAATAAAGTTTACATATTACTAAGGATTTTTGTCGCCTATTTTTACTATTTTTCAGGTGAAATGAAACGTTTTATATCACATTTTGCTATGATAACAAAGTTATTATGATTTTTATGTAGCCTATATTATTGACGCGTTGTTATAGCATTCTATGAATTTGCCTGTCATTTTCCACTTCAGAAAGGTCATCTAATTGCTCCCACCAGTTGAATAAGTAATTCTCGCAAATAATCTTAAACCAAGGCGTAAACTTGTAACTTGGGTCAGCAAACATAGTTTTCAAATCATTTGGTGAAACCCATTTGAAGTCTCTAACTTCATTGACGTTTGGGTTGACAGTCAAGTTTTCTTTAGCGTTGATCTTATAAAATAGGATGTAATCAATTTCATGTTCACCCCATGGTTCATTGCTTGGTGCCATGTAATGGATTCTGTTTAAAAAGTGAAACTTACCCCTTGTCTTAGTTTCATCTTCTGGAATACCTAATTCATGATCTAGTTTTCTCACCGCCGCAGTAATAGCGCCCTTAATCTTATCGTCTAGCTTACCCTTCAAACCTAATTCGTCATCAATACATAGTGGATGAGAGCAGCATGTGTTAGTCCAAAGATCAGGGAAAGTTATTTTTTCAGTGGCTCTTTGTTGTAAAAGTAATTCACCTTGTTCATTGAAAATAAAGACGGAGAATGCACGATGTAGTAAACCCTTTTCAATATTTTCCATTAAATGACAAACTTTCTTGGTACCGGCACCAATAGCATTATCGTCCCAATCCAAAACAATACAATTTTCATTCATTAACTTAATTTGCTCCTCATCATGACCAGAAAAACATGTTTCTCCGCTTTCGTCATTTGACGTCTCACTAGATCGGGTATTAGGTCTTTGTTGTAATGGAATAATTTCAGGAAACTCTTCCAAAATGTCTTCAGGTGTTTGGTTTTGCACTAATTTGGCGTAACTAGATACTGCACCATGGGGCATACTATTGTTGTCGGCAGTCATTGAGGTGTAATGAATTTTTGGCTTATTTTTACTCTTCCTGTATTCCAAATACGAATACTCTAATATTGAATTAAGTGGGATATACGCCTTCTTGTCACTAGAAAACTGTTTCCTGTTAAATAGATAAAAATGAATAAATAAATATAAATGGAGTTAAGACCGAAAAAGAAAGGCAACCCCCATCGACAAGAAAAGAGTTATGAATAATCATGTTTCTTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:329337-335815

GATAATACTATTTTACTCTTTCCTTTAAACATGAAGAACTATTTTTTGTTTACGTTTTTTTCTGAATTGAACAATAAGATCTTGTTAATTTTTTTATCGCTTGATCTATTATCAGATCTTCTCTTTTGAAAAACTAGTCCTTTTCCAAATTACAAACTTTCTTTTCGTGTGGAGTTGATCAGTTCAGTTTCTCCAATACTTCTTAAGTCACTGAAAATATAACGAAAAAAAGGGCTCTGGAAGTAAACAGAGAAATTCGACGATATAATATGTCTTCCAAGCATTCAGATCCATTGGAGAGATTTTATAAGCAATTTCAAGCATTTGTTCAAAATAACCCTAATGTCATATCGGCAGCTCGAGCTGCCGCACAAATACCGGAATCTGCAAAAGCTGTTGTAGTACTATCCCCATATTCTTTACAGCATGTGTTCCCGAGAGAATGGGTAACAAAATCGTATAGGAAAACTATAGTCGAACGACCAGAAAGATTATTAGCAAGCTCGATGGGTATATCAGCTGCGATTACAATGTATCCATCCCTTTTCACCTTGAAATCCTCGCATCAAAGGAAAGGTTCATTGATGGCACCTCATGTGCTTAAAGTTCATGGCAGTAGCTGGCCGGCTGAGTTAATTGAACTTTGCCAAATGGCAGATGCTAAATTGCTAAAAGGCGAAATCGAAGTCCCAGATACTTGGAACTCAGGTGATATATACTTGAGCTCAAAGACAATTAAAGCTCTACAGGGAACAATTGGGGCCATTGAAACTGGTGTTGACTCAATTTTCAAAGGACCATCTGCAGAACATATTAGTAACAGAGCTTTTGTTGCTATACGGCCTCCTGGTCATCATTGCCACTATGGTACACCATCCGGCTTTTGTCTGTTAAACAATGCACATGTAGCCATAGAATATGCGTATGATACTTACAACGTCACGCATGTTGTCGTGCTTGATTTCGATCTACACCACGGTGATGGGACCCAAGACATTTGCTGGAAACGTGCGGGTTTCAAACCTGAGGAGGAACCTGAAGATTCATCTTATGATGATTTTGGTAAGAAATTTGCCGAATTTCCCAAAGTCGGTTATTTTTCTATGCATGATATAAATTCATTTCCAACAGAGTCGGGATTTGCCACAAAGGAGAACATTAAAAATGCATCTACCTGTATCATGAACTCTCATGACCTAAACATCTGGAATATTCACTTATCCAAATGGACAACCGAAGAAGAATTCAATGTATTATACAGGACAAAATATAGAACTTTATTTGCTAAAGCAGATGAATTTTTCAGGAGCGCAAAACTAGAAATGAATCAACAAGGGAGACCATTCAAAGGTTTGGTTGTCATAAGCGCAGGTTTCGATGCATCAGAATTTGAGCAAACTTCAATGCAAAGGCATAGTGTCAACGTTCCTACAAGTTTTTATACAACGTTCACCAAAGATGCATTGAAATTAGCACAAATGCACTGTCATGGCAAAGTTTTGTCTCTAATGGAGGGTGGATATTCTGATAAAGCTATATGTTCTGGTGTTTTCGCACATTTGATCGGTTTACAAAACCAAGATTGGGTTAAAGAATGGGGGTCTGAACAAGTCGTTAAAGAGATTGTTCGTGGTTGCAAACCGGCTTGGAAACCCTATAAGACAAAAAGAGCAAAAGATGTCATAAGAATATGGGCAGAAGAAGTTATCAGGCTGGGACGAGCAATGATACCGGAATTCGATGATATCATTTTTAAAGACGCAGTTAACAGCGCACCTTCTAATTCTCTACTAAAGGCTACTGTCGAACCAGCATCCACGTCGACAATTGCTCAAAGAATAATCAGATCTCATAGAAGCAACGCTTCCCCAGAAAAAGAACTTCATGAAAACAAGCCGAGAAGCACGGAAAAACAGGAACAAAGGGAAATTAGAAGCGATACCAAGGTCAAGCAGCTCTCGTCAAATAATAGAGCAGCTGAAACCCAAATTCCGTTTTTGCAACAAGAATTTTCCAGTGAGGATGAAGATGAAGAATACGTTTACGATGAAGAATTGAACAAAACTTTCAATCGCACGGTGGAGGATATTACCATTGATGATATTTCTAGACATTTGGAGACCTTAGAAATTGAAAAAAAAGGTGATGAAGATTCAGACCATGAGCTAAAAGAAAAAAATTGGAAAAACTCGCACCAACGCCGTCTACAAGGTAATGGAATGTATAAAATTCCCTCCAATACGAAACCGCATCGCATAAGACAGCCTCAAAACGCAAATACACCAACTTATGACGATAGTGATATATCAATGATTTCTCATGTTTCAAGAAAACATACAACAAGAAGTGGTGGAAGATGGTGATACCAATGCATATATAATGTTGTCTTGAACCCACTAAAGAAGTGACGCATATATTACTTTTTTGTATTTAGTAACACAATTTTTCTATTTTTATATTTCCTTGTATAGTTAGTAATTTTAATTTTTTTCCTTCTTTATCTCAGCTCTTCGACCATTTGGTCAAGAAGTTAGTTTTTTTCTCTTATTTTATTTGACAATATACTAATTTTATTATATGGTATTGTAAATAACATTTGAGGAATAAAAAGACAGTCACTCTATAAGCTTTATCAGCCTGACATTTTTTTATTATTACAAATATATCGTTGAAAGAAAGAAGCCTCTATACATCTCGCCCTCTTTCTATCATTAAATCAATGGAGGTTTACTGGCAACGTTATATTTCTACAATTTTAGACCATCAAACCTGAGGAATATGTATATCTACTTTCTCCCTTTCCTCTTCTTTAACTGGTTCACCACCCTGAAATATACACGCAAAGTCAGTGATGAATGGTTGAAGCATACTAATTGGAATATTTAGAGTTGGGGAAAACACGATGCATAAATTTCTTAGATTCATCTTATTAAACTTACTATTCTCATTGATCCTTACCAGCAGTTCAAAAAGAGCATACATCAACGATAGGTTAGCGTGAGGAACTAGGCCAGATTCAATAAGTTCCTTAAACCCCAATGATATTTGAACAGGATTATTATGATTTTCATCAACTACTCTTTTAAACGACAAAAATTGTTCGTCACCAAATAATAAATGGGGCAACTTTCTCAAGTACAACTTTAGTAACCCACTTACAGTATTCACACCAATGTAAAGACTTGGAGATGCCTCATCATCTTTAGCTTCAATACTTTCATTGTACCGACATAAATCTACATCGTACTCTTTATCAAACCTTTCTTGTAAAGTTTTGATAACTGTACTGGACCCGCTTAGTCTAAATATGCCTTCTTCCTGGATACCACGGTTTTTGTAAAGATACTCTAAGCAACGATAAACTACACTCGGTAAATCGTAAACGTTTTGGTACTTATGCGAACTCAATCTTAAACACGTTTCTAGTGACGAGCCAAATATTGCAGTGGACACATGTGGACCCGTAGAAGAATTTGACGAAGAGGATACTTCCATTAATTTTTTGCTTGGTGACTTAATGATAGAGTCAGGAGATGTTGGAGAATCCGAATCATTTGAAATTGTAATACCTATATGGTTCATTGCACTCGCCGGGCCGGTTAATTTTTTAAAAGGGAATAAACTTCTCATTTTGGCTCTCCTACTATCCTTCTCCTCCTCTGCATTCCCGCTTGAACTTGCTAGGAAGTTAGAGTGAGAAGATGGGTTTGAGTCAATACCATCGCTATTAGCAATGTTATTGCTACTATTACTAATATTGTTATTATTATTATATTCTTGGGTCAAATCAGTGACATATGATGGAGTATCGGTTGCTGAGATAGTTGCGTTTCCAAATTTAGAATGGTGTGTTCCTGCGCTCAAGTGAGATGCAGAATCAGTATCGTTTGCATTCCTCGAGCTAGATAACGATAAACTTTGTGAAGGATCAATGTAATCACTAAACGCAGAAAGCCATAATTCACGTTCCTTCGACGTTTCAGTACAAATATAATACTTTGTTGAGGTTGACAGTCCGCTTTTCTTATGCTCAGTGATCAAAAACCCATTTCTCGTTCCAAATCTATCTTCAGGGAGATTGGGTATAAGTTCTATAGAAGATTGTCTCAATTTAATAGTTTCAGTCAACTGATTTTTGTCAAACAATTGTAAAACATCATCGCGCAAAATACCGTACCGAACTCTCCATGTACTATTACCTGTTAGAGTCTTTGGTCTTCTCAGCAAAAGTGATCCGTCTTTCACATTATCATCCATCATTGGAGGTGTCATTACTGTATCTGTACTAATAAATTGGGCGATTTTTAAACCAACATTTTTGGGAAATTCAGGGACACTGAATATGCTTGTATAATACTGATTCAATATGTTCTTTCGCGTATCCACTTTTGTAGGTGATAAAGTCTGAAATAATTGTCTATCAGGTAACGTGGGCAATGGTAAATCGGGAACATGTGATTTCATATATACATCTAATTCGCGAACTTTATGAATAGATTTTGAAAATTTAAACATCTCCTTACCGGATTTCCTGTCTATGATTGCAATTAAAATGGATAAATCATCTTCATTATCCCTGTACAATGTGCTCAGTACTTCAATCTGGATAGTGCCAAAATCCTCCGGTTGAACGAATAATGGAATATCCGACTTAAGACTTTGGGCCACAGACTTCACGGTGCTCACGCTACTTGCATGAGGTCTTCTAAGTGTCTTCAACGAACCTTGGGGTGTTGAGCTAAATGTATTCAAGGTATTGGTTGAATGGATGGATGCCGTTTCTCCAAGTTGTTTTTGTTTTGATGAACTTTCCACGGGAGGATTTGGAGGAAGAGAAGCATTTTGACTTGTTGTTGACAATTTTGTAGAAAGATTGGGGAGTGATGAAGTTAACACAGGTTTCTTTAAATTTTTTGCACTTTGAGCACCAAAATTATCATCCTTTTTATTCAAGATAACCGGAGAAGCCAAATGGCTTGATAAAGGAGTAGAGTTTTTTATATTTCCACTAGAAGTAGGTGAGAAAAAAGTTGGAGGCGCTGGAGGTGGGGGTAAAGATTCGTTAATCGTGGATTTTATGGACAGAGGATCTTTACTGTCCGTATTGACTAGATCCTCTTCGCCAAATGAGGAGTCAAGTAATTGGGTGAAGTCGTCAAGTTTTTCTTTAGATGCTGGAGAGAAACCCAAAGCCTTGTTTTCACCCTCCTTGACTTCCAAAAGGGATGATGGACTTTTGGCTGCTGAAGTAGGAGTTCCAGTAGTGTATGCAGAGGATGTTATAGAAGAATAAACGCGGTCATTTTTTTGTATCGCGTCATTAGTTAGTTGTTGACTTTTACTTTCAGTCAGCTCATCTAAATTATTAGAGGTACTGGCCTTTAATGGAGAATGCAAATGGTTGTTGATAACAGCCGTCATTCTGTTAGGATTTTGAGGGGAACGCAAACGTTCTTGCAATGGAGATTTCGAACCTTTATTAGGTGATTTTATGGTTATCCTAGACGTCGTATAGGTAACAGAGGCAGCTGGGCTAGCCAACTGTTCTGAATGTATTTTTGTAGGGCTTGAGACAGATCTATTGATAATTTTGGGAGATGAGAAGCTACTATTTGCTTCTATTTCATCGTTTAGTATCATGTTCTGTAAATGCTTCCTACTTATTGAAGTATTTGATGTAACACCTATTTGAGGTACTGTAGGCGTTACACTTGTTTCAAGTGCAACGTCTGAACCTTGTTGCAATGGAGGGGACAATGTCGGTATTGGCAAATTAAGACTCTTGATATGCGCTTTCCTTTCAGCAGATCTTGGGGGTAACACAAATGATTGATCGTTAACGTATGAATCTCTTGAGTCATTTTGAACTTGCTCAAGCACAACTTCTAAGGAAGCTTCTCTGTTTTTTTGTAACATATCAATAACCTTTTCCAAACTCTCAATTTCAGTTTCATATTCTTGGACTTGTAGCTTTAGCTTAATGTTTTCCGTAAAAATTTCATCATAGGACGGATTTCTTTCTTTTCCTGAACATGTTCCTTTTTCTATATGTTCTATAGATTTGTCCTTTTTGGATCTATGATCATTGTACTGCGCCAACAATTCAAGGGTGGTACTACCACCATGAGTTGTGGTCAAATTATCTGTCATTGCGTGCTGTTAGTTGAGTGTGAGTTTATTCTAGAATATACACACAGATACTCCTAGCAGCCAGTGTTTCAACAAACGTGATGTTGTATATGCCTGATGTAATCACGAACTCGAACAAAAGGCAAAATGGTAGAAGGCAAGGACAAAGAAGAAAAGAGAAAAAACTTCCAGATACAAAGCTAACACACAAAGGTAAACGGTGATTAAAATGGATATATCGTTGATGTATTTAACAATCTTGAAAAATTCCGTTTAAAAAACATACCAATACGCGCAATAAAAACGGTTCTTATCTGGTACTTTACCTAGTCAGACGATTATTGTTCTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:335882-337205

TGGTATAAAGAGCAATGCATATACGTATGTAATCCTAATTGAAATGCTATCTTTGTAACATAATGAATGGTTCAGTTGAGCACATACTTACCATCACCTCCCTCGACAAATATGTCCTGCACATTCTCGAGTGTGATGAGTGTCTGCTTTATGACCATGTCGGCAACTGTGCTGCCGATATGTGGCAAAGCTGTAACATCCCATCTGCGAAGTAACTCTTGCTTAACGCGTGTTTCCTCATTTTTAAACACATCGAGACCACAGCTTGCCACTTTTCCAGATTCAAGAGCGTCTAGTAGCACATCTTCATCTATGCATGTGCCTCTCCCAACGTTAACTATCCTGACACCATCTTTACACCAGGCCAAACTTTTACGATTGATAATATTGTTTGTAGAGGCCGTACTGGGCAAGGCCAAAATGATCAAATCCGCATTCTTCCAAGTATTTGGATCATCTAGATCAGAATGGTACTTAGCGTTGTAATCAAGTAGACTCTTTTGGACGGGACCGGTCCTTTTGTAGTATTCAATGCTCATGTTGAACACTTTGTGCAAGTTAGACCCTATATTTTGTCCGATGGAGCCAAACCCCAATATTAGAACTTTTTTATTCATTGGAGATTCCATTTTTTTCCCGCCAACCGTGTACTTTTCTGCTAAATGTACCACTTTCCTATCCTTGTTAGGCTTGCATTTGTCTGTTCGAGAGGGAAATTTCATTTCCTGACCGTGGTAACTATCTGTAACAATTTCATACGAGTCACTAGAGATATATTTCTTACACTGTTCAACATTACCATTTTCCACGTATTTAAAACAATATTCCCAAAATGAAGTCATTCTAAAGCAGCTAATTGCTAGGAAAATAGCCAATTCTGTGACATGGTCAGCAGCATGTGGTCCAATGTTGCATAAAGTGATACCTTTCGATCTTAATAACTTACCGTCAATAAAGTCACAGCCGACCCATGGTACAAGGATTACTTTTAAAGATGCGGGGAAGAATTCAATATAACTCGAAGGGTTTCCTAACACAGTGAAAAACTCCTCAGTGAGCCAAAAGCCGTTTATTCTATGAGTTTCCAAAAATTTAACAAAATCATCCTTTGTGGACATCTCATATTTATAGAATTCTACCCTTTCTGCCAGTTTGCGATATTCAGGAAGATGACTGGCGACTTCCCATTGGGTTTTATAAGGCACCAAAATTCTTGGTTTGGCAGAATAAGTTACATCTGCTATGTCAATTGAAGTAATCATTGTTATTTAAAGGTTGCTACTTTTGTACACTCAAGTATTTTTCTGTATTTGAGAGAGAGCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:337384-338727

TTATTCGCCACATATATATGTACATATCTATATGTATACATATTTTTATATATCAATCTTTTGAAGAGCAAAGTGACCTCTTTGTTGTTATCCAAAGTTTAACCAGTCCAGTTAAGCCGGATCCCAGGGACAGAACGGCATACGTTCCCTTTGGAGTTTTTAAATTTAGAATATCTGATGTATTAGCCATGCAATCAAACGATAATCTTGCAATATCTAAATAAACAAGTGTCTTTTCATCCTTGATGGCCTTTAGTTGTTTGTGTATTAACACCTCTGCGTCGTTATTAACATTTAGGTCATTTAACAACTGTTTCCTAATTGGCGATTGTGAGCCATCGTCTTTATGGGCCTGATGCATCAGTATGGGTGAGAGTAGTAACGCGTTATTTTGAACTTTTAGTTGCACTTCCAATTCTAATTGTCTCTTCTGTAAGCTTTGCAGGTTGAGCCAATGGTCCTTCAAGCTTAAAAGAATGTCGTATTGCCATGCAAGAGACTCTTGTCTACTGACAAAGGAATAGAATGATTTATTTGTCCATATTTTCAATTTGTATAGCAAGTCTAATTCATCAAAGATACCATAATACAAGTCCAAAAATTCTCTCAATGAAGCTTCATTAAACCATATTTTCTTAATTTGGTCAATTTGAAAGTTGCACTTTCTGGTTTTATTGAATTTCCCCAAGAAACTGCACACTCGGAATGGTGTGCCGCCAAACCTTAAAATATATCTAAAAGTACTTAATTGTTGACTGATAAAATCAATTTTCTTGTCAAAATTTCTCAAAAGAGACAGGAGAAGTACTTTAATTACCGTGATTGGATGCCTTAGTGCGACTTTTACAGTCAGATTTTTCAAAATCTTGGTATAGTACGTTAATACGGAAGGGTCCAAAACAGTTAAATTTCGCTTAGACTTTTCGATAAACAGTTTTAATATATCCAGAGCGTATTTGATAATTTTGGCTAATTTGTCTCTACCAGATAGAGAATCCAATATATATTTTAAGATGGTAATATTATCCACCATCTTTGTTTTTGCTTGAGAATCCTCATCATCACTTCTCGAGGATTCAGTATGCGACTCGCTTCCACTGCCTGCACTGAACTTCTCTGCACCGGCGTCTGATGAATGTGGATGGGTATTGTCATCCTGGGCGTCCTGGTAACTTGCCCCAGAATAAGGTGGTGTTTCTGAACCGGAAACGATATCTGTCGTGCCAAACTGACTCATTGTTTTACGACCAGTTTCTATAGGTGAAGACTTACAGGGAAGTTGAGGATATCGACTCTATTTGTTACTTTCTCCAGCATACAAATTACCGATGATTCTGAGAAGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:338839-339417

AAATAAATTTAGCGCCGCTCGGTTTCGATCCGAGGACATCAGGGTTATGAGCCCTGCGCGCTTCCACTGCGCCACGGCGCTGCTAAATCATGTGAGTTTAGCGCGTACCGAGCAAATTCACCAAAATATTTACATCCAATTTGCTCCCCTCACTCTTCCCCGATGTCGGTTGTGATTACTGCTACGCATGGCGACTCTTAATTTCTTTCAGGTATAGTAACATTTACTCCTTTAAGTAATTGTCTATTTTTCCTCGACACTGTATGTAGTTACCTTTCAAGGAAGCTATTCCAATACCATCGTGAGAAAAACTCTATTGGATACTTCATCTAGCTCGTATATATGCTTTTTAAACTTTATACCAAACCGTGTAGGCAAAACTGGACCGCCCGGTAAGTTCTGCTATTAACAAATTAAATAAAATTGGCCAAACTGAGGATTGACAGTTCTGAATATCCAAGATTACTGACTTCAATTTTCTCACTTCTCATCATAATATTCCGCTGATTTTTACATACCGTATATCCAATTTACGGCCCTTCACATATAGCGGCGAAATGATGGTAAAGCTACGCATAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:339810-347519

TATATAAGCAGAGCTTGCGGCCCACTTTCTATCAAGATCTAAGACTGTTTCTCTTCTCTTGGTCTGTATATGTTTTCTCAAAGTTAGCAGAAACAACAACAACAACTATATCAATAACAATAACTACTATCAAGATGGAAACAGGACCTCATTACAACTACTACAAAAATCGCGAATTGTCCATCGTTCTGGCTCCATTCAGCGGCGGTCAGGGTAAGCTTGGTGTCGAGAAGGGCCCTAAATACATGCTTAAGCATGGTCTGCAAACAAGCATAGAGGATTTGGGCTGGTCTACGGAATTAGAGCCCTCAATGGACGAGGCCCAATTTGTGGGAAAGTTGAAAATGGAGAAGGACTCCACAACTGGGGGTTCCTCTGTTATGATAGACGGTGTCAAGGCTAAAAGAGCAGATTTGGTTGGTGAAGCCACCAAGTTGGTGTACAACTCCGTGTCGAAAGTGGTCCAGGCGAACAGATTCCCCTTGACCTTGGGTGGTGATCATTCAATAGCCATTGGTACTGTATCCGCGGTTTTGGACAAATACCCCGATGCTGGTCTTTTATGGATAGACGCCCACGCTGATATAAACACCATAGAAAGCACCCCCTCTGGAAACTTGCACGGCTGTCCCGTGTCATTCCTAATGGGTTTGAACAAGGATGTCCCACATTGTCCCGAGTCGCTCAAATGGGTTCCAGGCAACTTGAGCCCAAAAAAGATCGCGTATATTGGGTTGAGAGATGTTGATGCCGGAGAAAAGAAAATCTTGAAAGATCTGGGTATCGCCGCCTTTTCCATGTACCACGTTGACAAATACGGCATCAACGCTGTCATTGAAATGGCAATGAAAGCCGTGCACCCAGAAACAAACGGTGAAGGTCCCATTATGTGCTCCTATGACGTCGATGGTGTAGACCCATTATACATTCCTGCTACAGGTACTCCAGTGAGAGGTGGGTTGACCTTGAGAGAAGGTCTTTTCTTGGTGGAAAGATTGGCCGAATCCGGTAATTTAATTGCGCTAGACGTTGTTGAATGTAACCCTGATCTGGCTATTCATGATATCCATGTTTCAAACACCATCTCTGCAGGTTGCGCCATTGCAAGGTGTGCATTGGGTGAAACCTTATTGTAGTTTATATCATCATCCCTTTTATCAAAATAAGCATTCTCTTTTTATTTTAGTTAAGCACATGCATACATAAATTTACGAACAAAAAAAGAAAATAAATTAAAAATAAAAGTAGTGTATCTTCGTTACTTTTCATTCTTTTTGGTTAACCCACGTCTAATTGCCAATACACTATCGACGATCACGGCATCTACACCTGCTTCAATTTGTATACTGGCATTTTCGGGATCATTGTTGTCCACACCGTAAGTGACACATACCAGCCCATTAGACTTAACCACTTGCACCAACCGTGGGGCCTTTAAAATGGGTGCTGCAGCAGATACAATCCCCAATAAATTCCACTTCTTAGCAAATCTTATACCGTTTTGTAACGATGAGGCTCTCAAATCGGCCATCTGTTCACTTCCACCTTCCGTCAGGAACAAGATCGGAATAACCGGTTGCTTTAACGAAAGCATGATGCAAATATCCGGATGAAATGACGAAAAAATGATGTCCCTACCATTCGCATTGTCAAAAACTACTTTTAACACGGTGTCAACCCAATGGTTCATTTCCATCATTATTTGCCCTAACTCTTCCTCTTCTGCCTCATCAAGCATGGGAAACTTACATTCTATGTTAAACCCAACGTTGGCAGGGATTTTCTTGAATAGTTCTTTCAAGGTAACAAATGATGAAGCTATTGAATGTCCTCTAGCGTTTCCCTTAAAATTGTTCTTTTTAAATGTTTTGGTTAGCCTCATTCGATTGTCAGACCAATGAGCATTGTTGGACTTCCCATTCGGGTCGTTGTCGTGTAAATCCCAAGCTCTCCTCAATGTACTAACGTCTGAATCATCTACCGAACGCCCTCTATATTTTTGTAGTGCTGTATCTGCTCCATTTACATGATGAGGTGAGTGACCTGCTCCACGTTGAATGTGCTCTTTATCGGCATTGTTCAAATCTAAAAACTGTTCCAGCGTCAATTCATGCATGGGGATATCGACACCTGTTTCAGCTACGAGAAAATCGTGATATACCACTGGTACGTTATCCTTCGTCAACTGAACATCAAACTCTACATACGATGCTCCCAATGAGGCTGCCATGATGAAAGACTCGACTGTGTTCTCTCCAATTTGTAATGATTTATTAGGATTATTTTTACCCAGGCCTCTATGTCCTATAACACGAGTGGACACTAAGGATTTCCAGTACGTTTCTGTTCTTTCTAAGGGCAGTTGTGGATGTTCAAATGGTGTGATAATAATATATTCAAATTTCAGCGTCCCAAGTATCTCCAGTGTATGATTAGCGATGATGGGGACCGTCACGCTACCATTTAATATACTTCTATTAACTCCCACTGAGCTGTACGACTTATTCAACATGGAAACACCCCTTGCCATTACGTAATTATTGTTATTTTTTTGACAATCTATTCTATTATGGGTCTCCAACGAGCGTGTTCCATATGTTGGCACAATATCAAAATATAATGTATGAGAATAATCAACTTTGAAAGGCACTTTGAAGTCTACTGCGTCCACATTATCATCTAATGGTAAATCTAAGATTACAGAAGATTTATCAATTGAATCATTGCATGAAATTACTAACGATAATGCACAATCTGTTTCCAACCCAATAACTTTTGCTAGTGCTTCCGAGCTTAATGAAATTGAAGGGCTTTTGTTTCTTGTGTCATTACTTCCCAATGTTATTAGTATAAGTGATTCATTATTATCCAGGAATCTGTGTCCATATGACTTTATTGGTCCGGCCAGTTTTCCCAAGGACCCTTTATTACCTCCGTTTCCATTTTCATTTCTCTCATTTAATTCTCCGGCACTAATTTCGTTTAGTGGTTCTTTCTCTTCGCTACCACTGTTCAACTGTGAATGGGGATGCGTGACCAGTTCGTCTCTGATTTGAACCATATCAGCAATGTGCAAATGACCGCGCAATACCGCGTGCTCCATCGGCGTCCACCCACCTTCATCTTCAATATCAAAGTTCGCGTTGTTGGCTATCAAGAGCTTTACAATGTCCGTAAACCCTTCTGCTGCTGCAACGAAGATAGCTGTCCAGCCAAAAAGTTTTTCTCTTATTTCAAGGTCGGCTCCATTGTACAACAAACACACAGCAGCTTCGAAAAAATTTAATCTACAAGCAAGATATAGCGGTGTTTCATGTAATTCGTTGTCTTGATAATTAATATCAAACCTTTTTGATGATAGGAGAACATGTAAAAGGGGATAGTTATTCCACTCAGTGGCCAAATGTAACAAACTTGAACTTTTTAATTTCACGTTCGGATCCAAAGATTGCAATAAGACTTCTGTTGTTTTGGGATGAGCACCCAACACACATAAATGTAAAGGTGTCAATGATTCGGCATCTCCGAACGCGGAAACGTCATCAATAGGGATTTCATTCCAGATATTCCATTCTTTCATTAACTTGATAATCAACTTCGTAACTTCAGATAAGCCATACTGGCAAGAATAATGCAAGGGCGTTCTCTTGTAATTATCATGCTGAAAAAGGCATGGTCTTAAATGAATTGGTAACTCCTCTAAAATATAAGAGAGTGTACAGGCCGAACTTTTTTCCTCCTCTGTAATGCTATCTGATTCTGCCGGGGCAGATAGGGTCGTATGCAGGGTTCTTAAATCTGTTACAATTTCTCCCTCACTATTAGTATATTTTGAGGGTTGTGACTTCTTTTTCCTACTTAAAATTTCCTGTTTTCTGATTAACTTCCCGATTGCAATTATGTGATGATGGAAAAAATTTCTTCTGTTAATATCTTCCGAGTCATTTAGAGACGGAATAACCTTTAAGATAGCATCAATACATGCCAGTGATTTAGACAGTGCTGCCTTGTTTAAAACACTTATCATAATTCTTGTTGGAATCAAAGACAATTCCGAATATAGGTTTGTTAGCTCTCTAATCAATCCTTTGCTATCATCTTCTTCTATAAAAACGCAAATAATCTTAAAGAATTCTGTATTATCATTAGCATTTGCGTTCGGCGAGGTACTCCTCATTACTCTCTCGTAAGAATTTATCCTGAACGTCACTTGTTCCCAGATAGTTTTTAGCAAACTCAAATCTTTGGTAATAAGAGAATCATTAGCAAATTGTAACGGCAAGATTCTAGTTTTCATAGTTGACATTTGCTGATTTGTGCCGACTTTTTTATCCAGTTTCTTTAAAATCTTACCAAAAGCTCTCTTATTTAGTTCAGCGTACCACTTTAAGTTTCTAAATTGTTTTCTTAACTCAGCTAAGATAGACTGAATTTCAATTAAGTCATCTTTATGGTAAGATAGACGGCTGGCTTGACTTGTTCCCTTTAAAAGCATATTCATCTCTCTCGTATCCTTTGTGAGTAAGGTTTGCGCTACTGCATCTTCTTTGTTGGCATCGACCACTAATGTTGATTTTATCTCATTGAATTGATTAGAAGAAAGCAATCTCTCAAATCTTTTCTTATATTCCGCATACTGGGAATTGTAAAATGTATCAACCTTCTCAATATCCCTGTCAACTGCAAAGAAAAACGACGCCAATAACTTTTGGATTTTTGGAGAGTCCAAATAATTTTGAGCACTATTAGATGAATCTCTCATTTTTGTTGGTGGCCTGCCTTCATCATAGCTATTCTTGTTATGTGCCCTATATATGTCTTCTTGAAGTCTTGTAATTTCTTTAATCATTTTCTTCAACGACTTGTAGCCAACATATTGACTTGACCACTCTGGAATGCGATGATTGGCAAAGGTTTTTCCGAACTTCATTGATTATATTGTTTGATTATATAAAGACCTTACAGTTTCAGTAGTTTGTCACCTTAGTTGGAGATAGTGGCTATTTTTGTGTAATTTGATGAGGGTTCCCTTCTTAGTTGGGTTTAAATTTTTTGCTACCGTTGCCTTATTGTTCAATGAAGCACTAATTGCAAAACTTAAACTCTTTAATAGTCTCACTTTGTAAGACAATAATTTATTTTTTACTTCTGTCAGCCAACGCTCTCTTTTTAATATAATGTGCACGTTCTAAAAATAATTCTCTTATTCAGTTGGCGCTATTAAGTGAATTAGAAACGTTTTGACGAAATTTACTATTAAAAGAACACTACGAGTCGATAATGACAGCACTGGTCTAAATTTCAGCTAGAGCAACAGCAAATTATTATTTGTCACTTAAATAAACTTGGTCGTTTTTTTGGAGAGCTAATATGTTGGGACAGCGTGTGTAACATTGCTCCACCTGCGAACACGTGGAAGTCGCAATTATAAAAGATGCATAAAAAGAAAGAATATTAATAATTAGGACACAATTGATCAGTCCTGACAAGATCGTATATTTGCTTCATCGAGAGATGCATTAATTGACGCACTTCTAAACCAACCCATATCTTGAGCATTGATAATGTGCTTGCATCTTTCAAGAGACTTTTGGCTTCCCGCTTAAACCCGAATTCACGTAATATAGGCAGCGAACTGTTTACGAAGAGAAGTTACAAGATGTGGGTATTTTTGTTAGTAAAAGAATTTCTTTAGTAGCAATAAAAAGCAAAAAAAAGCAATAGAAAAGGGTTTTAAAAAATTGATGTTATTCTTTAAAACCGTTAATCCATGCGTAAAATACGAACCTTTCAAATAAGTCCAAGTTTGGATCTAACTGGCGTCCAATACCCTCTAGAAGTAAAATAGCGACCACCACGGAAACAAAGTCGGACTCCATTCTAACATGGTGCGACCTTACCATACTAAGCATTTGATCGAGTAAATCGCCAATTGAGACGGTTCCCAATGTAAATGTTCTTTGTTTAACTTTATCCACTAGCTTTTCTACCTTAAACGCAAATACTTCCTTATCAATAGCTGTTTCTGGAGTTCTTGATCTCTCAATCATCAACTCACCAGCTCTATAACCATCAAATCGGGCCAATGCGTTGAATAGAGCTATGAAATTAATTCTGTTTTTTTCATTCAATTCTGTAATTATTCCTGTATCGATAAAACAAATTTGGGGAGTGTAATTAGTTAATACAGACTTCAGTTTTCCAACAAAGTCCTGATCTTGGTCCTCCTCTATCTTCTTCCTCAGGTCGTGCGTTATTCTGTACGATTCAAGTTCGGAGGATATAATGTTTGTGCCGTATTTGTTCGTCTTCACAAATCTGATTATAACATTGCCTGGATGCAAATCAGCATGAACAAAATCATCAAGAATTAGCATTTGTAGAAACGCGTCAACGAAGGGATCACTGACTTTTTTACAAAGTTCAACGTCGTTAATTTGCTTCTTCGTAGATAAAAACTTTTCCATGGAAAGACCATATACATGCTCTTCGAACATAACATCCCTATTTGACAAGGGGAGAAATGGTTTAGGAAATTTCACCTGAATAGAATTTTTAAAGTTCTCATTGAATCTTTCCAGGTTTAACGCCTCAATTCTTAGATCCAACTGAATATTCATTAATATGGAAAACTGATCGACTTCGCTGGGTAAAGACAGCCATTCCATAGTCGGAATCCAATTTATTGCGTCAGCACAGAATTTCATTATTTTCAAATCTCTCCGGATCTGAGATCTTACATTTGGATGCAAGATCTTGATGGCACACCAACGATTTCCATCCTTACCAATTTGTATATTGTCATATTTATCGATGTACTTTTGGGATAGTTCACCCACGTAAACTTGTGCGATGGACCCAACTCCAATTGGTGTTCGATTAAATTCATCAAAAGCATCTTCGATCTTGTCAACCTTTAATGCTTGAGAAAGTTTTTCCAGAGTAAAGCTTAGAGAGTGAGCTGTAACGTTACTATGCAATTTACCCAACTCATGACACAGTGCGTGAGAGAATATATCGGTTCTCGATCCTGCCCATTGTCCGAGTTTAATGAAACTCGGGCCAGCCAATTCCAATGCTTTACGCAGTAGTTGACACCAAATCAATGAACCTCGAGTTTCAGTTATATTGGTGTCCGTAATTTTGAGTTTATGACCAAACCATGATATGGGGTATAATAGGAGAAGAGGTAAAAAAATAGCTGAAATTTCTAAAAACCTTAAAATCGTGCATACAGGCTCAACAATATTATCATTAAAACCGAACCAAAAGATTCTTAGATATCTTATTAATTTATTTCGTGATTCAGTGATCTTAGCAGACCTGAAAGATTTAAGCTTTTCCTGCAATTCGTTTTCTGAGGAAACGTAGAGGCCCATTTCAAAAGTATCACCTTTGGGATCCGGTTTTAGAGAATCATTGTATATCAAACAATTTTGTTTTGGAAACGAATTTTGTGTCAAATAAAAAGCAATTGACGTAGGTATTATGAACTGTCTTATAGGTATTTTATGAAAATGCCGTGTGGACTTGCTATAGTATCGCCAAGAGTTTCTATAAGCGAACTTTAAAAATGACATTGCCCAGATGGTTCTGATGTTCTTTATCTCTATTCTGTGAGGGTTTGATATTGATGAGTAGGTAGAAGATATGGTATAAGGTATTTTCTATAACATCAAACATCTTTTCTTTTTCATCAAATGAGTGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:347631-348289

TAAATTTGTATTTAATAAATTGATTCTAAGTACAGGAAGTATCAAGGGGGGGGGTTGACAGATAGAATCACACCTTGATTAATTTAGTTCCTGATGAACAAGCCAACTTGACCAATCAAACCCTTTCGCGGCACTTTTTCTCTTAGCTCTGCTTGATACATCGACTGGGAACTTCTTCTCTTTGAGCCAACTAACCTCAATCCCTTAAAGATTTTGTAAACCGCAGAAACACCTGGTTGTTTTCGCTTGTTGGCAAAGGTTAATAACACAGTAACTTTCAATCTTGTTCCGAAGTGCAGAGTGCAGTTCCCTGTGTGTTCAAGTGACATACGGCATTTGAATACACTACACTTATCGTCATGTCAAAACAAGTGTTATAGAAGCAGCGTTAATATAATATTAGTACCTGTACAGTTTTAAACTCAATTGAGTGCAAAGATCTGATGCATCCCATTTTAGTTTCTCATAAATTATTGCTTTGGTTCATAGTTCAATTGTAAGCATTATTAAAACAACTGCTTCTATTTAGACAATACAAGAACGCGATCTTTCCAGTAACTGCCTAATCTGAAATTATGTTTTTCAGTTGCGCCTGTGGCCTACACAACTTGCATAATAAGCAGTTAAAAATAACTCCTAATCTTACTAATCTTGTCGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:348474-348888

CACCAAAAATGGTGGAAAAAAACTATAGTACAGGTTTTAGGAAAGCCCACGGAGAGAAGGATCAATCAGTGACTAAGCCAATCTCGTTAGATGGTAGAACAGGTGAAGTAATTGTTAGAAAATCCACCGGGAAAACTAAAATACGTAAAGGTCAAACGGAAGAAGAGTATACACAGCAATTGCAGCACTACTTCGAAGTAGAACAAGGCCCTGTGCGGACAAAGGTAGGATGGATGGATGAGGTAGATCCCTTGGTTGAGATCCGGGAAGGCAAGTACGATATCTCCAATAAGCATCAGCGACAGGTGCTTAGTGGTTTCTGCCATCGTTTATTTTACCAATGTAAGTACAAGGAGTGTCTGGATCTCAGCACCTATTTTCTGGGGCTCTTTGAACCGTTCAACGTGAAGAATAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:349072-352368

GGGTGCATGAAACCGTCATTAGATAGAGACGTGATCAAAAGTAGAAAATGATAAGAAATCAGGGATGGTCATTACTTTACAGAATTTATCCGGTGCGGAGGTTCACAAGATACTCCAGAGTAGATATGACTTTTGAAGGAAACACTCAAGATATCTCTACTTCTGTCGAAGAAAGAATGACCACTGTTTTTGGAGGACGCTTAAAGGGTGAACCACCAAGATCCACAAGTAGAGTGCTTAGCGGCGGAACGAAGAAAATAGCAGGTGTCCAAGTGCCTGCAAAACCACAAGAACCCGATAACTGTTGCATGTCAGGTTGCGTTAACTGTGTCTGGGAGATATATAGCGAGGATTTAAGAGACTGGAAACATAGAAGGAAAGAGGCTGCGGAAAAGATCGCAGGAACTAAGGAGAAGTGGCCTAAAGACTGGAATCCACCTTTGGGATTGTTACATATGGAAAATGTCCCTGTTGAGTTACGTGAAAAGAAGCTGGAAACCGATAGCAAAAAAGCAGAACAACCTCATGATTTATCTGCTATCAGAAGTTTGTTCCCTAAAAGAAAAGGGCCTCTGCCCAAGAGTGTATTGGCAGCCAAGAGGAAAAATATTGCTTTGAGACACAATTACGAACAGAAAGATGGAGGAGACCAATCAGTCAGTGAATCAGATGCTGATGAAGGCTGGGAAGATATTCCTGTCTACGTTAAAGCCTTTGCAGAGTTTGAATCAAAGAAAAGATTACAAAAAATTCGCCGACAGGAAGAAATAAAAAAGAGGACAGCTTTGGTTTGAAGCAAATATATATTATTGAAAAGCCTATGTACAATATTTGCGGTCTTCTTTGATCTTGGTAGACTTTATGGATGGAGAATAATAAACATACATATATTTCACTTAGAGGGTTTAGGAGACTAATGCGTGAATACGCGCTGGCATGTCCCCATTCATGCATACATATATTCGTAAACATACACATATTCATAAAAATTTTCAGTTATATTATATTATAATCTTTTTTTAACTATACAGAGAAGATATTAAAAAAAATGTATCCAAAGTGAGTTAAAAAAATCGGAAAAAACAATAAAGATCCTTTTCTAGTTACTTTGCTGCATTAACATTAGTCCATGTCAACATCACCTTCAGTGTCCTTCTTTTCTTCCTTCTTTTCAGCTTCTGCCTTTCTTTGAGCAGCCAACTTTTCAGCCATAGCAGCCATTTGGGATGCTTCTTGCTTAGATCTTATAGCTTGCTTCTTTTCTTCTTCTTTAGCCAAGTATCTACCTCTAATAATGTTACCTAGAGAAGCCAATTCTTCGTATTTGGCAATGTACTTAGCTTTGATGGAATCGAAACCTTCATCGTATAACCACTCTTCGGCCTTGTTTAACATACCTTGTAACTTCGTCTTTTCAGCATCGGAAGCAAATGGAGCATACTCTTCTTCCAACTTACCACGCAATGTGTAGATGTACTCTTCAAGAGTGTTCTTACGGTCTTCTGTCTCAGCAACTAGCTTATCTTGAGCAAGCATTTCATTTTCTTTTTCAATTAATTCATTCAACTTTTTAGCGTCTAGGCCAAAGGTGTGTGCAACGATGGTTAAGTCATCCTTCTTTACAGTTTTAGTAACCTTCTTAAATTCTTGCTCAGCATCTTCTGGAGCATCTTCTGGTAATGGAATAGGTTCTTCAACTTCAATATCTTCAATAGTGTAAGCCTCTTCAATTGTGTGTAAACCAGAGGGGTCGCATCTCAACTTTAACTTAACAGGAACAGAGTCTTGACCTTCTGGTAATTGAACACCAGTGATCTCCCAGTTAGCGATTTGTTCTGGAGTGTTTGGTGGTAACTGTGTGATGTCAGTGTAGCTAGCAGCCATTGAAAAGTCACCCGTACGGTTCAAAGTGATCAATTTAGTAGATGGGAAGGATGAACCAGCTGGGAAAACTTCCATGTGGTCTTCGTCCTCAACTTGCTTGTCCCAAGAGTAAGAGACAGAGTAAGGATGGATATCCTCAAACTTGAATGGTCTAACTCTTAGAGTTGGAGAGTGAATGGCGCAAATAAAGGCGGCACCCTTGGCGATGGCTTCATCTTGGTTCAAAGTGGTGGACAATGGCTTGCCGAAGGCTTCAGAAATGGATTGTTTCAATGTTGGGATACGAGTAGTACCACCAATAATTTCAACAAAATCAACTTCTTCAGCAGATAATTTGGCTTGAGCTAAAGCTTTGGTAACTGGTTCAGTAACACGTTCCAACAATGGCTTGACCAATTCTTCTAATTCTTCACGAGATAATTGAGAGGAAACATCAACGTCGTTCATGACGGATTCAACAGAGAATGGGGCATTAGTATTAGCAGACAAAACTTTCTTCAACTTTTCAGCAGCAGTTAGAATTCTGTTGTAAGCCTTTGGATTTTCTCTGATGTCAATCTTGTATTTAGTTTTGAACTCATCGGCGAAATGTTCTGTTATAGCCAAATCGAAGTCCCTACCACCAAAATGCTTGTCGCAGGCAGTTCCTAAGACTTTCAATTGACCCTTCTTGAAGGCCATGATAGAACAGGTGTAGGAAGAGTGACCAATATCAACAAAGGCAACAATTCTTGGCTTTTCTTCGCCTTCAGGCAAATCAGTCTTGAAGATACCGTAAGAAACACCGGCAGCAGTAACGTCGTTGACAATTCTAACAGGGTTCAAACCAGCAATTCTAGCAGCATCAGCAATGTTGTAACGTTGTTCTTCGGTGTACCAAGGTGGGACAGCAATACAAACATCGGTAATATTTGCCTTTGTGTCCTGCTTGACGGTGTCCTTGACTTTGTCGATGAACATGGCAGCTAGTTGAGTAGCTGAAAAAACATGTTTCTCACCAGCGAATCTAACTTCGGCACCAGTCTTCTTGTCATCCAATTCAACCAACTTAGAGGTGAAGTGCTTAGATTCTTGCTCGAAATCTGGATGGTGGTAATCCAAACCAATAATTCTTTTCAAGTTGGCGACAGTGTTCTTGATGTTGGAAGTCTGCTTGTTCTTACCAGTTTCACCCAAGTATCTGTTCTTTGGACCAAAACCAACAACAGATGGGGTGGAACGGTTAGAGACTTCATTAACGACAATGTCGATACCTCTGTTTCTAGCAACGGCAAGGACAGAGTTATTGTTACCTAAATCTAAACCAAATGGAGTACTCATCTTTTAAAGAAATGTTGTTTGTCAATGTACTTTTTGCTTATGGCTATCGAGGTTAAAAATAAGAATCAGAACTAACTGAGTTATAAGAAGAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:352615-355468

ATACGTTCTGCAATTTGAAAAATGTGCTTACCTTTCTCAATTCATGTGGCTTCAAACATTTAATCGATATACTAGCTATAGGTAGTTTGCACACGCTAACATATTATTGTAGCGTTCTTAGTACTGTTATTAGTTATCAAGATATTTAATTTCAATTAATTATACAAATAGATGGGAGTTATACTAGTTAATACATTGAATAGAAGATATACACGCGTAGTAAACAACTACTATGGAACAAAAAGGCTTCAAAATCTTTTTCCTTTCTTTTTACCAACAACTTGAAATTCCCAGTCTTCGGAACTGCCTTCAGGCATAGCTAATACTTCACTCCAGCTCAAGGGGTCATTAATTTCTTCTTCGCATTCTAGACGTTTTTTGATGAAATCAGTGGCAAATCTCCTACCGTCCATTGTTGAACTGTAGGAATATATGGTATCTGCGATAATTTCCTTGGATTCTGAACCTGGGGGCAAGCTAAGTAGCATTTCTAAAACATTATCGGGCTGAACACCCGTATTTAGTTTTAATTGGGATCGGCACCATCTCAAAAATTCTTGACGCTTAGAGACAGAAGCGTTACCGGGATAGGCAGGGATGCGAGACGGTTTAACTTGACGGGCCTTTAAAGTCGGGATACTAGTGGATGAGCCAATTTGTTTACTCTTATCGCTCATTTTAGTTTTTGTTGCGGTAGATAACCCCCCAGAAGAACGCAGTGTGTCCAAACTGATATATGACTTTGACTGGTTACCAGCGACAGGCATGGTGGAAGCGATGTGGGTTGTGCTCTTAGAAGAAACCGTGGTCCACGCATTGCTAGTATTCGAAGAGTTCAATGCCGAAGAAGATGGGGAAGGCGTTCTTGAAATGAAATCATCGAGTGAAGAAGCGCGGTTGAATTTCTTTGTTTTCTTTTGAACTTGTTCCCACAGCTTTTTCTGCTCTTCAATAAAAGTGGAATCTGGTTTAATATCACCATTGTTGGCCTTGTTAATTTTAGACTGACTGTTAATTTTGGTACTGTCTTTCATCAATTCTCCTTTAATATCAACTTTGATCGGTTGCTGTGGCTTTATACCCCAGGCAGAACCAGTTTGAGTTTTCGGAATTTGCGCCGAGCTTAATATTTCTTTCTGTAGTTTTAATGCCTGCTCACGATCTAACTGAGTACGATTAGGTTTTTTTTCTTTCTTGGACGAGTTCTCCTTCTTCAAATCTTCAAGAGCAGATGAAATCTGATTATAAACAGCACCCTCGGGTTTCTTGTTAGCCCAAGGCGCCAAATTAGTGGTTATGGAAGTTGCGGTGTTTTCGGAAGATGGAGTTTCTGTATCTCCAGTTAAAATGTTATTTAGCAATTCTTTTTGCTTTTCTTTCTCTAATTTTCCTTCTTCCTTCTTCTTCTTTTTTAACTTCTCTTCTTCCTTTTTCTGCTTTTGCTTCAATTTTTTCTCCTTCTTTAATTTGCGCTGTTCTTCTCTTCTCTTTTTTTCTTCTTCTTGTCTTTGTTGTTCTTCCAATAATTTTTGTGCCATCAGTTCTGCCTTTGCAAACCTTTTCTGCTCTTCAGAAGTCATTTGCGGCGTATCTTTGCTTTTCGGCTCATCAGCAGTGGATATTACATCCTTACGGTCTACCTCTTCAATCTCTGGTTGAACTTGATCCAATATATTTTGCTCTTTCTCGCTTCCTCGAGATTCTTCCTCCTGCTTAGTAGGATTTTTGACAATAGATTCCTCTTCATTTGTTATGTTAGAAACAGTTCTGCCCTCTTCTGAAAAAACCTCTTGCTCCTCTGGAGAAGCTTCCTCGTGGGAAGGAACCTTCTCTTCATGGGAAGAAGTGGTTTTATTAGATCTACTAGAAGTCGTGGATAGAGGAGCGGTATATGCAGATATCTTTGGTATGCGATCTACCTTTGTGATATGACGGCCGTCAACCGGAACCCAAACCTGAGTTTCATGATAGTAACTTCCATCTTCAAATTTAAGGCCAAGGATTTCTTCATACGTAAAATCATCACTATGCACATCAGCAACAGGTATCAAATCTCTTGACTCAACTTTTTGCTTTTCTGATGAAGTTGGTGCAACAAGTGGAACAGCATTCAAAGCTCTAATAACAATGAAATCAAAGGCGACAAAAGGGTCTTGATAATTATTCACCAGAGTAGTCAATTCACCTAGTCTAATAAACCGATCATTTACACCAAATGGCTCAGGAGATGTTGCTAATCTACAGATTTGCAAAGTTGGAGTAAAATAACCTCCTTGATACCACTGTGACATATTATTGGTACCAAAAGGCCCCTGAATGTTACCATTAGAGTCAATGTATTTCCACTGAGATTCTATCCCCGGTGGTGGGGGTTGATTACCAACGTTGGGGGCAGGCCCTGTTGCGTTGTAGAGATAAGGAGCTACATTTGGAAATGTGCTCGAGGGTTTATTGAGAACGGAAGGGCTGCTGGCGTTCATATGCAGGTTGGATGATGCTGCACTAAATGCACTATTGTTTTCCTGATTAGCAGATATTTGTAGCGGAGATCCAGTAATTTCAGCGTCATATGCATTGAAGGGAACAGTACTGGCTCCACTAATCGCATTACTCCCTGGCACAAAAGGAGATGGAACTCTTTGGACGCCAATAGAATCCATAATGGAGGAGGGCCTTTGCAAAAGAGCCGCATTGTTCATGGTTGGAGTATTGCTATTTGATAATGCAGCAGTGTCTGAGTTCGCGTCTGCAAGTTTAACACTGTGAAGGTCAAACGCTAGAGAGTTGATAGGATTCATCACTTACTGCCACTGCCAATCTTGTGCAAGCTGTGGCAAAATCGACCTTCTCCATG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:355623-359457

TATTCATGTTTTCTTAACATTTTGATTCAGTTGAGTGCATGCTTTTTTGAAAAGACTAAACATTACAAGTTTTAATCATGTTGGCCCGTTCCAGGGTGTGCTTGCAGACAATCACTAGACGGTTGGCAGACTTTCCAGAAGCCAATGCTATTAAGAAAAAATTTCTCTTTAGGAAGGACACCTCGACCATCAAACAGTTAAAAGGACTGTCTAGCGGCCAGAAAATAGTACTCAATGGATGGATAGAGCAGAAGCCAAAAAGAGTTGGGAAAAATTTGATCTTCGGACTTTTAAGGGACTCTAACGGTGACATTATCCAGTTGGTTGATAACAAATCGTTGTTGAAAGGCTTTACTTTAGAGGATGTGGTTCAAGCCGTAGGTATACTCTCTTTGAAGAGGAAGCTATCAAATGAGGACGCAGATGAGTACGAAGTGCAATTGGAGGATATTACTGTGTTAAATGCATCTAATAAAAAACCAGCGCAAATGCAGGATTTTAAATTGTCAGCCATATACCCACCTGAGTTCCGCTATTTGCAATTGAGAAATCCCAAATATCAAGATTTTTTAAAGAAGAGGTCATCTATCTCTAAGGAAATAAGAAACTCCTTCAACAATTTTGATTTTACGGAGGTCGAGACCCCAATGTTATTTAAAGCTACCCCAGAAGGCGCAAGAGAGTTTCTGGTTCCAACAAGGACAAAGAGATCCGATGGTAAACCATCGTTTTATGCTCTAGATCAGAGCCCTCAACAATACAAGCAACTCTTAATGGCTAGTGGTGTCAACAAATATTATCAAATGGCAAGGTGCTTTAGAGATGAAGATTTAAGAGCAGACAGGCAGCCTGAGTTTACACAGGTTGATATGGAAATGGCCTTTGCTAATTCTGAAGATGTCATGAAAATCATAGAAAAGACAGTTTCTGGGGTATGGAGTAAATTTTCCAAAAAACGAGGATTATTGACTTTAGACAGTAAGGGTACATTAGTGCCTGCGAAAAAGGAAAACGGCACAGTATCTATCTTTCGTATGACCTACGAACAAGCCATGACCTCATATGGTATTGACAAGCCAGATTTGAGAGCGCCAGATTTGAAGATTATCAATTTAGGCGAGTTCAATGCCTTTAGTCATTTGAACAAAAAATTTCCCGTTTTTGAAGTAATTATTCTAAGAAGTGCCTTTTCAAATATGGAAGAGTACAAAGAACGATGGTCGTTTCTGACAAATAACAGTAATTACAATTATAGAGTTCCAATAGTGCTACCAATTGAAAATGACGAACAAGCTAATTCAAATTGGTTTGAGAATTTTCATGCAATTGCCACGTTTGAAAACCCACATCTAATAACCAAATTTCTGAAACTGAAAAAAGGTGACATTGTATGCGGTTGTACGAGAGAGCCAAACCATTCCATTTTCGAGAATCCTACTCCCCTGGGAAGATTGAGACAGTTGGTGCTACAAAGTGAGCATGGGAAAAATATCTATCATGCTGTCAATAAGGATGTTGCCTCATGGATTGTGGATTTCCCGTTATTTTCTCCCGTTATAATTGAAGATAAGTCTGGTAAAAAAGAAAAGCTTGCATATCCGGAGTACGAAAAGGATAGACTATGTTCCACGCATCATCCTTTTACTATGGTGAAGCTTAAAGACTACGAAAAATTAGAAAAGACGCCGGAAAAGTGCTTGGGTCGGCATTATGACCTCGTAGTTAACGGTGTGGAACTTGGTGGTGGCTCAACAAGAATTCACGATCCAAGATTACAAGACTATATTTTCGAAGATATCCTCAAAATAGATAATGCATATGAACTATTTGGCCATTTACTGAATGCTTTTGATATGGGAACACCGCCACACGCTGGATTTGCTATTGGTTTTGATCGTATGTGCGCTATGATCTGTGAAACTGAGAGTATAAGGGACGTAATCGCCTTCCCAAAAAGTATTACCGGGGCTGATTTGGTTGTCAAGAGTCCAAGTGTGATACCTGAAAGCATTCTGGAACCTTACAATATCAAGTATAGTAATTCAAAAAAATGAGCAGAAGTTGATGTTACCTAGATGTGAGAGAATCTTAGTGTGGCTGCAGTATGTAGGTTTTTCTTGTAAATATTATACCTATTTTGTTTGCCTTGTATATGAAGAGATGAAATAACAAATCGATATCCATTACTTGAATTGATTTTTTATCAACATTAATTGTAATTTCTTTATAACATCTTATTGGATATCATACGAATGTTTTTAAATTACAAAATCATTAAATCATAAAATGTTCAGTGAGTACAATCTCCCAAAGTCTACGTTTACTGTAATTTATCGCTATTTACAGGGACGCTGCAGCTTAAATATTAGCGCCTAAGTTAGTCGAAGCATTCTGTCTTGCCCAATTCTGGACAGTAGCAGCGGTCTTTAAACCCACCCCACTCGGCCAACATTTCTAATTTTTCCTTTGGCTCTAAGAAATATTCTCCGCTTAATACAAAGGTCCCCCAATGAACGCCTAATACATTTCGAGCTTCTAGATCTTTCATAATCTTGAGAACCTCTTGAGGATTAATATGTCGTGGTTTTTGGTGCCACTCAGGGCAATACTGACCACATGGAAGCAGCGCTAATTTACAACCTTTGCCAAAGCGTTCTTTAATTCTAACGAATAAATCTTTCACATATCCAGTGTCACCAGCATGAAAAAGTATGGGATTACCATGGTGTGTTAATAAAAAGGAGCACCATAGAGACTTGTTCGTATCTAAGAGCGATCTCCCAGACCAATGCATGGCAGGAGTAGCCGATATGTGGTATATCTCATTGTTTTTCTTTACTTGCAAAGTTTCCCACCAAGATAATTCTAGGACATTATCACAGCCGTTACTTGTCATATAAGATTTCATTCCTTTAGGTACTATCCATAAGGGAGAGTCTTTGCCACTCCAGTATTCCAAGCTTTCTAAATCCAGGTGATCGGGGTGATTATGGGATACAAGGATGATATCTGGTTTGGGCACCTCTGTAATTTGAGATGGCATTTGAGTAATTCTTTTAGGACCCAGGGTCTTGTGGATAAGAAAGTCACTGAACAGAGGATCAGTAAGTATCCTCAATCCATTATAAACCGTGTAGTTACAGGACTGGCCCAGCCATGTGTTATAGACTGGGCACTTTGATCCTTCATTTTCTTCTACTGCAGTCGGTATGTGCAATTCGTCTAACACTTTGCATTCTAGCGGCAATGCCGTTTCCTCTGCGGGGTCGACGTCCACTAAGTTAGGCCCCCATGTTGGCTTGTGTACAGGCATTAACTTATTCATTTGGTGTACATCACGTGGAATACCTCCCCTATTTCTTTCAAATAATTCGAACACTCTATTTGCAAAGAATTCAAAAACGGTCTGAATCCTGTATTCTTCGAACGGGTTCTCAAATCTGCCTAAAACTTCCAAAGGGCTATATTTTAGCAAGGATCCCTTATAAGTGACCTCGTTATTATTCTCCTCTAATCTTTGACACATTTCGTTTCTTAAATCAATTTGCTTCACTGTAGCCAATGATACATAAAACGCATATCCTGTGTAAGGTACCAAAACAGACAACAGAAGTATACGTGCGTATTTTCTCGAGCATTTTTGTATAGGGCGTGTCTTTTGCGAAGCATGTCTTTTGAAAGTTGACAATGATGTCTGGGGTCTAAACAGCTCTGATTCTCGTAAACGCACTAGTCTCCTTTGGAGAAGAAGCCTCATCTGAACATGGCAGGTAACAAAATTCATTTGCAACACAAGCAGGCATGCAATCCTTCAGTAATTGGAGTGCTACTGTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:360141-361659

TAGTTTAGAGATGAGGTGCAGAGAACAACATTGTATAACAAATTCGGCTCCCAAATATCGCATGTACCATGTCATTTCGTAAAAGAGGTGAAATACTGAACGATAGAGGTAGCGGGCTAAGAGGTCCACTGTTAAGAGGTCCTCCACGAACTTCCTCAACGCCATTGAGGACAGGCAACAGAAGAGCCCCTGGAAATGTGCCCTTGTCTGACACTACAGCGAGATTAAAGAAGTTGAATATTGCGGACGAATCCAAGACAAAAATGGGGCTGGATAGCTCCCATGTGGGCGTTAGACCTTCTCCTGCAACCTCTCAGCCGACGACATCAACTGGGAGTGCTGACCTGGACAGTATACTAGGCCATATGGGGCTGCCGCTGGGAAACTCTGTACTAGTAGAGGAGCAGAGCACGACAGAATTTCACTCTATTCTCGGTAAACTGTTTGCCGCACAGGGTATCGTTCATAATAGAATTTCAGATAGCAGTGCTGATAAAACTAGAAACGGCGACACTCATGTCATTGTCTTGTCATTGAACCAAATGTTTGCAAAGGAGCTACCTGGTATCTACAAGGGATCACGTAAACAAATGAAGAAAAACCTAATCTCTGAAGAAGAATCAAAAGTTACTGTTCAAAATTTGAACGAGACCCAGAGATCGACGCCTTCCAGGTACAAAGACCTGAAAATTGCATGGAAATATAAACTGGCAGATGAAAAGAGATTGGGTTCTCCGGATCGAGATGACATCCAACAAAATTCTGAGTACAAGGACTACAATCATCAGTTTGATATTACAACGCGTCTGATGCCCGCTCCCATAGCATCTGAACTGACATTTATCGCCCCAACTCAACCTGTCTCCACTATTTTGAGCCAAATAGAACAGACTATTAAAAGGAATGACAAGAAACTGATAAGAATTGTTATTCCTTCCCTTCTACATCCGGCAATGTATCCGCCCAAAATGTTTGAATCATCTGAAATAATAGGTTTAATGCACGGTGTGAGGAGTCTTGTCAAGAAATACTATGAGCGGGTTGTACTGTTTGCTTCCATATCCATAGACATTATCACTCCCCCATTACTGGTATTGCTGAGAAACATGTTCGATTCTGTTATCAATCTAGAACCCTTTAACCAGGAGATGACTGAGTTCTTAGAACGTGTTTATAAATCGCAACCGGGGAAGATTCAACATGGGCTAGTCCACATATTGAAATTACCAGTTTTCACGGACCGTGGAGAGATGAGAGTTTTAAAGTCTGAATGGGCATTTAAGAATGGCAGAAAAAAGTTTGAAATAGAACAATGGGGCATACCCGTGGATGATGCTGAAGGTTCAGCTGCCTCGGAACAGTCACATTCACACTCGCACTCGGATGAAATCTCACATAATATACCTGCAAAGAAGACCAAGATATCTTTAGACTATTAAGAATATGGTTCAATTTATGGGAAATATACGGCATGCTTTTTAACAAGCGTGGTGAATGTATTATTTTTTTATCTGTTATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:361792-364102

AGCGTGAGCTGCAGAAAGAATTTGACCAACAAAAGACAATTCCACTCCTTTGGATTTGAAATAGACAGATAGAAAAGGATATGAAAGTATTACAATTCAATCAAGATGCAACGTGCTGTGTGGTGGCCGCGTCATCGCATCAGATTTCGATTTTTAACTGCGACCCCTTTGGTAAATGTTTTGAAATTGACACTAAGAATTCCAAGAAGAAGACTTCAAACAATAACGGTTCAGCTTCAAACTCAGAATCACGGAATAATGAGGAGAGCATATTAATAACTAATGGCTCCCGCGATCGTACTGATGCAGAAGAAGAGGAAGATAATGAAGATAATGCCCTCGTTACAGGAAATATACTGAAAGAAGGGGAGTTTGTCATTGAAATGTTGTTTTCAACTAGTCTTATTGCTATTGCAGATAGAGGACAAGGTCTAAACAAAGGAAAAAAGCTGAAGATTGTCAATACAAAGAGAAAATGTACTATTTGTGAAATAGTTTTCCCACATGAAATTGTTGATGTGGTCATGAATAGAAAAAGAATGTGCGTACTTCTTGAAAGTGACCAGATATTCATTTATGATATATCTTGTATGAAACCCTTAGAAACTATCGATCTTTGGGAAGATCATTATAAGAGGTCCCAAGCCAATTCGTTCTCAAATGCGTCAAATACTGGTACTTTGGAGGGAGATTCTGCAAATTTGAACAGGGTGGCTACCAATTTACTAGCAAATGCCACTCAAAAAAGTGTGAATGGATCTAATCCTAGTGTAAGAACCAGAAGAAACTCTCTAAGAAGTAAAATAAGGCCAAGAATGGTTTTAAGTAACGATGATAGAAGTATACTGTGTTTTACTGCGTATAGCTCGCCCAAGAAGAATAAGCCCAATTCAGAAGCACTATATGATGTAGTGATTTATGACACATTAAATGTGACGCCAGTTAATTACTTGAATTCCGTTCATAAGGGGAATGTTGCATGTTTAGCAGTAAGTCACGATGGTAAACTGCTTGCTACTGCCTCAGATAAGGGGACCATAATAAGGGTGTTTCATACGGGGGTAGATTCGGACTATATGTCTTCAAGGTCACTGTTTAAAGAATTTAGACGGGGTACCAGATTGTGCAATTTGTATCAGCTAGCTTTCGATAAGAGTATGACTATGATTGGATGTGTAGGTGATACGGACACTATTCATCTTTTCAAACTTGATGACGCCTCTAATAGCCTCCCTGGAGATAATTCTAGCAATGGCCACTGGAATGAAGAGGAATATATACTAGCATCAAATTCAAATCCCAGTATGGGAACTCCAAAGGAAATACCTCTCTCGAAACCAAGAATTGCGAATTACTTCTCGAAAAAAATAAAATCTTCAATACCAAACCAGAACCTGAGCCGTAACTTTGCTTATATAACAGTTAATGAATCGAACAGGAGTTGCTTAGGGTTTCCAGACGAATTTCCCAACCAAGTCTATATTGCCTCTGATGATGGAACCTTCAGTATATATAGTATTCCGTCAAAACCTGGTGAATGTGTGCTGACTAAAAATAATAAATTTACATAATGCATATGTGCAGTTTTCATAATCTTAATAGATATTGTACGTATTCACGTGTGAATTGCTAAAGAGGGTAGAAATCTTCAAAACAAGCAATTTGAAAATATTTACATAGGCAATGGTACATTCTAGAAACACGAAAAGCCAACAAGATAACTAATTCTCACCAAAACCATCTCCTATACCAAGGCTTCATATGTGTTGATTCATTACTGCCCTTTCCCCTACTAGTATTGTGGGTTTTATCCTGTACAATTAACTCATTTAATTGGTGTTCCAGGATTTCTACCTCTTTCTTTAGCTGACTTTCTCTCTCCTCATGCTCTAGTTTCCACCAAGAGAAGTGAAGCAGTAAATAAACGGAAGATCCCATTAGAATGAACATCCAAAGAGGCCTAATAAATCTTTTTACAGGGATCTCATGTCCTGATTCTTCCTCTTGCGAGAATTTTTTGAGCATATCTAACTCCTTTTTGATATTTAATTTTGTAGTATGCTCATTAATCAAATCGCGTATCAGTTCAGTATCAACACCATCCAAAGAATCCAAATTAGCCAAGTCTTCTAGGCTCTTGATTTCTTTCTTCGGTGACGTTGAAACAGCTCTTCGTTGTTGGTTGAGGAGGCGCCTGTGGTAATAGGCAACGGTTGTTATGGGAAACAATTTAGTTCTACTCAAAGTAATGAGAGCATTAGAGCGTCTTTTTAACATATTGTCTATTATATGCTTTGGTTCCCATTTCCTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:364203-364777

ATATTAGACATTTCCCACGTATACAAATATATTAAGTAAATAAGCCTCGTCGTGATGAACTTAAATACATGGTATTGAGAGAGTTATAAACAGGTAGATAGATATCTTAAATAAAAATAAGCAGATAAGTAACAATGTTTAAGAAAACGATGGGGAAGCGTAAATATATGCAAAATTTCCCCCTCAGTCCTTACGTATACCGTATTTGGCACGAAGCTTCCACATTTCCAGTCTTGCCTGTTGCTGTAGGTTCAGGTTAGGATGGGACATTGGACTACTTTCACTATCACTTCTGATTATAGACCCGATGGACATAAATAGCCCAAAGGTACCCGCTGAACCAGCAATGTATTTCCCTAGTGTTCTAACTACACCATCAGGACCTGGGCCTTGAGTTGCGATGGCAAATCCACCAAATAGGATGCCTGTGCAGACACCGACGGTAGTACCCATCATCAACCCCATTTTGAATTTGTCCCAATTCGAAGGCTGCTGTTGCGCATAATTTTGTGGAAGAGGAGGCATTATATCTTAATATTGGACTTGAAGCTGTTGCGCTATTTGTGCTATATGAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:364867-369531

ATAAAAAGTGGTTGGCTCATAATGTTAAGAAAGAATTTCCAGTTTCCGATTGAACACAGCAATCTACAGGTAGACATTGTGAATCATGCTCGAATTACGAAGTTGTAGTAATTTGGTCAATAGTAGTAGGAGACTTGTGCCTCTGGTGACTTATTCCGGACTAAGTGCAATAACATTGCCTAAATCTCGATTTTATTCACAGCCTAGTGCTTTAGAAGTACAGGGCACATCGGATTCTCGAAGCGATAATATTTTAGACGAACTCAAACAAAGGGGTCTAGTGTCCCAGGTCTCACAGCCAGAGAGTTTCCTTCGGACGAAGTTGAACGGTAACGATAAGATCAAATTATACTGCGGGGTGGATCCCACAGCTCAGTCACTTCATTTGGGAAATCTAGTTCCACTAATGGTTTTATTACACTTTTACGTAAAAGGTCACGACATTGTCACTGTGATAGGTGGAGCTACAGGGAAAGTTGGGGACCCAAGTGGTAGGAAAACAGAAAGAGACGTTATGGAGAACGATATTAGGCAAAGCAATGTGGCATCCATCTCGCAGCAATTACAAAGGTTTTTCAAAAATGGCCTAGAATATTACAGAAACCGATGTGCTCTCACTGAAGATGTACCTTCCGGAAAATATACACCAAGGAATAATTTCAACTGGTGGAAAGACATCAAAATGTTGGATTTCTTAGCTGATTTTGGTAGGCACATTCGGGTACAATCTATGTTGGCGAGGGATTCAATTTCTTCGAGGCTTCAAACCAAAAATGGTCTGGGATTTAACGAATTTACTTACCAAGTTTTACAAGCGTACGATTTTTACCATTTGTATAAGGAAGAGAATGTGACTATACAAGTAGGTGGTAACGACCAATGGGGAAATATAACAGCCGGTATCGATCTCATCAATAGGATACAGCCTATAAAGAATAAGGGTTTGCCATTTGGTATCACTGTGCCCTTGTTGACGACGGCTACAGGAGAGAAATTTGGGAAAAGTGCAGGCAATGCTGTTTTTATTGACCCCTCAATCAATACGGCGTATGATGTTTACCAGTTCTTTTATAATACTTTGGATGCTGATGTACCCAAGTTCTTGAAGATCTTTACGTTTTTAAACTCAAGTGAAATCAAAAAAATTGTGGAAACGCATATCAAATCACCCAGTCTACGTTATGGCCAAACTTTATTGGCTAAAGAAGTCACAGATATGTTATATGGAGTTGGCTCCGGATCGGATTCAGAAGCGCTTTCTAATATTATTTTTGGACGTTATGACGGAACTTTATCTGCTGCGAAGTTAGTTGATCTATGTAAAAAAGCCAGAATTTTGCAGTATGCTGATAGAGAGATTGACTTAATAAAGTTAATTTGTAAACTAGTAAATTGTTCAGTATCAGAAGCCAGAAGAAAACTTTCCCAGGGAAGCGTGTATCTGCATCATTCAAAATCTAAAGTAAACGAAAATATTTCTAACTTGGCTCCTTTCCTGATAGATGATCGAGTACTGATCTTGAGGATAGGAAAGCAGAAGTGTTTTATAATAGAAATGCGTTAAAAAAAAGGGAGGTATATAAAGTACATGTATAAAATAGGCATGCGTGAGGTGATATTATATCATTTTATGCACTGACTTGTAAATAAGATTATAAACGATTATTCATCTTTACTACTTGCGAACATTTCACTGTCACACCAGGCTATGAGGGCCCACAGCCAGAGAGTCGCAGGGCATAGCAGTAATACACACCAGTAGTGCAGGAAAGAGTCATTGTTGCGTAACCAGTAAAATGTAGCAAGACTAATTAGGAGTACCGAGTAAGTAAACCCTAAAACCAAAAAGCCTTGGTCACGTGGTCTCATGCGCTTATAAATTCTCAATCATGTAATTGAAACAGTCCTGTTGCCTAGTTTCAACTGTTCTATGCTTCTTGATGTTTTCGAAACTTTGCGTAGTGTAATCTTCCTTGTATTGTAGCGAAGAAAAAAGGATGCGTTGGGAACAGATATAGAAGACGTAAAACAACCTGAAGAAGGTAACAGGTGGAGTAGCAATGGGAGAGGTATACGAAAAAAATAACATAGATTTTGATTCAATAGCCAAAATGTTGTTAATTAAGTATAAGGATTTCATACTGTCTAAATTCAAGAAAGCTGCACCTGTAGAGAATATAAGGTTTCAGAATTTAGTCCATACAAATCAATTCGCACAAGGAGTCCTAGGTCAGAGTCAACATCTCTGTACAGTCTATGACAATCCTTCATGGCATTCTATAGTCCTGGAGACATTGGATCTGGATCTAATATATAAAAATGTTGATAAGGAATTTGCCAAAGATGGGCATGCAGAGGGGGAAAATATATACACGGATTATCTAGTAAAGGAGCTGCTTCGCTACTTCAAACAAGATTTTTTCAAATGGTGCAATAAACCAGATTGTAATCATTGTGGCCAGAACACTTCAGAAAATATGACACCTCTGGGCAGTCAAGGGCCCAATGGAGAGGAATCTAAATTCAATTGCGGAACTGTTGAGATCTATAAATGCAACCGATGCGGAAATATCACTAGATTTCCTCGTTATAACGATCCAATTAAGTTGCTGGAAACTAGAAAGGGAAGATGCGGTGAATGGTGCAATTTATTTACTTTGATTTTGAAGTCGTTTGGGTTAGATGTTCGCTACGTCTGGAATAGAGAAGATCATGTTTGGTGTGAATATTTTTCAAATTTTTTGAATAGGTGGGTTCATGTCGACTCCTGTGAGCAATCATTCGACCAACCATATATCTATTCAATTAACTGGAACAAGAAAATGAGTTACTGTATTGCGTTCGGTAAAGATGGCGTTGTTGACGTTAGTAAACGCTATATCCTCCAAAACGAGCTGCCCAGAGATCAAATCAAGGAAGAAGATTTAAAATTCCTTTGTCAATTTATAACGAAGAGGTTGAGGTATTCGTTAAATGATGACGAGATATACCAACTTGCATGTCGCGATGAGCAGGAACAGATAGAGCTGATTAGAGGAAAGACACAAGAAACGAAATCCGAAAGCGTCAGTGCCGCTTCGAAATCATCTAATCGTGGTAGAGAAAGTGGATCGGCGGATTGGAAAGCACAGCGTGGGGAGGATGGTAAATAGAGAAATAAAAGAACAGATTATTATGTGTAAGGAATTTTATCTAAGAACATATTTATAAAACTAACTCATCAAAGCTGCCCAAGAACTCGGCAGCTTGCTTTGTTAACCAGGAATTACTTTCATTGTCGAGATAAGCCAAATGTCCACCCAAGTCAGTCTCGCATAACAACACACAAGGATTTTCTCTAGCTTGTTTGTACGGAATTACGTTTTCACCTGTAACTGGATCATCCGTTGCGTTGATTATTAAAGTTGGGATTTTGATATTAGGCAATCTATTTATCGAACTGGCCTTTCTATAATATGTTAACCCGTCCGGCAGGCCCATCGATGGGGCAGTGAAAAGATTATCGAATTCTAATATGTCTGTAAATTTTTCAGCCTTTTCCAAATTTTCTCTGGTATACGTATAAAAGACTGGTTTCTCAACTGTCGGTTTGTGCGAAACCTCAAAATTCTCTGGTACCTGCAACTCATTCATATTAACCTTGACAGTCCTTGTTAGAAATTGTGTTAAAGTTCTAGAAAAAATATGGTTGGACCACCAATCATGAGCCAACTTGTCCCAAGTGTGTACGAAATCCCATGGGTTTGAGAGAGCGACTGCAGCATTTAATGGACAGTTATCTCCTTCTTCACCTAAGTAGTTCGTTAGCATGGCTGCTCCAAATGATGTTCCGACTGCATATATTTTTCTTTGCGGAAATAGAGCTTTTTGGTGGTTCAAAAATTCTCTCACATCACCTGTGTGTAATGCGGTAAAGATTCTACGGGTGGTGACTTTAGATCTTGAGCAACCTCTAGCATTAAGGACTACCACTTGGAATTTACCGTCACCGACTTTTGATAGATCTTCAGATAATGCCCTGATGAGAGGCTCATGGCTTCCCCCTGCAAGACCATGAAGTACTACCACTAAAGGGTAAGAATAACCCTTAGAATGACATTTTTCAAGTTCCTCAGAGGATAGATATCTAGTTCTCGGGTGAAGACGAGGCCAACCCTTTGGATGGGTGGCCTTTTCATCGTTCGAAAATTGTTTCTCGTTAAAACTAGCCTTTTCAGCATTTAATGAATATGTTTGCTCCCATTCAGGCATAACCCAATCTGCAGTGCAGACCCCTCCATCAGAAAATTTTATAATCTCTCTTCCATAAAATACCTGAAATTTTTTGGAAAAATCACCGGCTGACAAATAAAGGGTCTGTAAGTAACCTGTGAAAAGCAAGCTGTTTAACCTAAAATTTGCACCATCTTTGAGTGTAGGCACGTGTTTGGTTACGAATTCATGAAGAGGAATTTGGCGCTTAGAATCTCTGAAAGCCAAAGACTTGGTTCCTTTCTCTCCCAGTACATGTTTGACGGTGCCGTTATAGCCCCAATGGCTAGGAGTGACAGTTGGATAGTAACCCGAGCGAAACATTAAAATGACAAATATGAAAATACTTGATATCTTGATCTTTTTGCTAATCTTCAAAAATACCGAAAACTAAGTAGGCAACCAGATGCAGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:369710-370688

CTATAAGCGATGAAGCAACCAGATGGTAGCGCTTTGGTGCCGGTTCTCTTGAAGGTTTGTACATGTGCGAGTTCATGAGGTTACAATATAGAAGGTTTATACAGTAGAGCTATACAGGATAATGGAAGTTCAGTTTTGTTCGGCTTTTTCATTGATGGCTTTCTTCTTATTGCTTTCTCTCTTGGCTTGTTTCTTCTTCATTCTTTTCAGTTTCTTTTTGTAACTATAAGTATCCTTCTCACCAAAACCGTAAAGTGGCTTAAAACTCTCTAGTACACCGCAATCTTCGAACAGGTTGGGAAAGATCCAGAACCCACCAACATCTTTGTAGACAATTAATGACAAAACATATAATATCAATCTCAGGATAGCGACAGCAAAGAAGCCTGCTAAGATGCCGAAGGCACCCAGAGACACATAATAGGAGCCGCGTCTCATGGAGCGCGGCCACAATGGGTAGCATACGAGCGCCAATATGATGGACACGACACCAATGACGATCAAGTAATCCATGTAGGTTCTAGGGTTATAGTTCCAAACAAAGTATTCATCGGCTTCCAATTGTGCTTTATTCGAAACAATCAAGTGCGGAAAGTCCTTGCTTGGCTTCAATCCATGCTCTTTGCATTCTTGACTATGCAATTTTTTCACTGGGATCACCATTTGTGCCTTTATAAGTTGAATAAAGATTTCACGTGACTTAAGCTGGTCTTCGATCTTGTTAGAAGGTATAGTTGGATATATCTCTGGCTGTCTTGCAGATTTGTTGGCATACTCCTCAGAATGCAGTGCCCTAACAAATCTCTTGTAACGGAAGAAGTCTGTCTGCTTGGCCTGGAATAAACCCTGCCTTTGCTTCAACTCCTTATGGTTGCGTAAAAGAGTAGCAATGGCTGTAGCAGATCCGCCATTGACACTAGCACCTGCATTGCTACCTGGACCTACGGCTGACATGTTCTCCTGTGTTTGCTCGGCTACC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:370888-373114

AAGAATACACTTCAGATTTAGGAGTTGCAGCGTTTATAAAAAAGTAAGTGTACCCTCCAAAAGCAAACACATCTCCCTCCTATACCGAAGATGCAACTTTCATGGAAGGATATCCCTACTGTCGCTCCAGCAAATGATTTGCTGGATATTGTCTTGAACAGAACCCAGAGAAAGACACCAACTGTGATCAGACCTGGTTTCAAGATTACAAGAATCAGAGCGTTCTATATGCGTAAAGTTAAATACACAGGTGAAGGTTTCGTGGAAAAATTTGAGGACATTTTAAAGGGTTTTCCTAACATCAATGACGTGCATCCTTTCCATAGAGATTTGATGGACACCCTATACGAAAAGAATCATTACAAGATATCTTTGGCAGCTATATCTCGTGCGAAGTCCCTTGTGGAACAAGTCGCCAGAGATTATGTCAGATTGCTAAAATTCGGTCAATCTTTATTTCAATGTAAACAATTGAAAAGGGCCGCTTTAGGTAGAATGGCAACTATAGTCAAGAAATTGAGGGACCCATTGGCCTATTTGGAACAAGTCAGACAGCACATTGGTAGATTACCATCGATCGACCCAAATACCAGAACCTTGCTGATCTGTGGTTATCCAAATGTCGGTAAGTCCTCGTTTTTGAGATGCATTACCAAATCAGACGTCGATGTTCAACCATATGCTTTCACAACCAAGAGTTTATACGTTGGTCATTTTGACTACAAATACTTGAGATTTCAAGCTATTGACACCCCTGGTATCCTAGATAGACCCACTGAAGAAATGAACAACATTGAAATGCAATCGATTTATGCCATTGCCCATTTACGTTCTTGTGTTTTGTACTTCATGGATCTTTCCGAACAATGTGGTTTCACCATCGAAGCTCAAGTTAAACTATTCCACTCCATCAAGCCTCTATTCGCCAACAAGTCTGTCATGGTTGTTATCAACAAAACCGACATTATCAGACCGGAGGATTTAGACGAAGAGCGTGCACAATTACTGGAATCTGTTAAGGAGGTTCCAGGTGTTGAAATCATGACTTCTTCATGCCAACTGGAAGAAAACGTTATGGAAGTTAGAAACAAAGCATGTGAAAAACTATTGGCTTCTAGAATTGAGAATAAGTTGAAATCTCAGTCTAGAATCAACAATGTTCTGAACAAGATTCATGTTGCTCAACCTCAAGCAAGAGATGATGTCAAGAGAACACCATTTATCCCAGAATCTGTCAAGAATTTGAAGAAATACGACCCTGAAGATCCAAACAGGAGAAAGTTGGCCAGAGACATCGAAGCTGAAAATGGTGGTGCTGGTGTCTTCAATGTTAACTTGAAGGACAAGTACCTATTAGAAGATGATGAGTGGAAGAATGACATCATGCCAGAAATCTTGGATGGTAAGAATGTTTATGATTTCTTGGACCCTGAAATCGCTGCTAAACTGCAGGCTCTTGAAGAAGAAGAAGAAAAATTGGAGAACGAAGGGTTCTACAATTCTGACGATGAGGAAGAAATCTACGACGGTTTCGAAGCATCCGAAGTAGATGATATCAAGGAGAAAGCTGCATGGATTAGAAATAGACAAAAGACGATGATTGCTGAAGCAAGAAATAGGAAGTCCTTGAAGAACAAAGCTATCATGCCACGTTCTAAACTAACTAAGTCCTTTGGTAAAATGGAAGAACACATGTCCACTTTGGGCCATGACATGTCAGCCTTACAAGATAAACAGAACCGTGCTGCTCGTAAGAACCGTTATGTTGAAAGAGGTTCTGATGTTGTTTTTGGCGACCAAGATGCTTTGACAGCTTCCACTGAAAACGGTGTCAAGTTGAGACAAACCGATAGACTGTTGGATGGTGTTGCTGATGGCTCCATGAGATCCAAGGCCGACAGGATGGCCAAGATGGAAAGAAGAGAAAGAAATAGACATGCCAAGCAAGGTGAATCTGATAGACACAATGCTGTTTCCTTATCAAAGCATTTATTCAGTGGTAAGCGTGGTGTCGGTAAGACAGATTTCCGTTGATTTCTCTACTTCTTATTCTTTCTTTTGCATGTACTTTAAAAAAAATATGAATATAAAATGTGGATGTACGTACACGACATTCTAATCTTTTTGGGCTGGTAGGATTACCATTTACATTTGATTATCTCTCTCACTATTAGTGGTTTCTTTTTCTTTCTTTCTCACTTTTTCTGTATCTTTTTTTTAAAAAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:373548-375000

CTCACTTTGCTTATTTTACCTATTTAACTAGAGGTTCTAAAAGAATAGCCAACCAGCGTGTAGTTCTTATTTCTAATCCTTGTCTTGTTAAGTTGAAACTTGTGATATTGGCTGAACAAATTCTCCGCATTTAGACAACACACAAATTACAGCTTTCCCCTAGTAACGATTGTTGATTGAGCTCAGACAATACGCGCAATTTAAAAACGTTTTATAGTGTAAGAGAAGACAAGTACAAGAAAAAAATGGTTGCCAATTGGGTACTTGCTCTTACGAGGCAGTTTGACCCCTTCATGTTTATGATGGTCATGGGTGTCGGCATTTCATCGAATATTCTATATAGCTTCCCATATCCTGCAAGGTGGCTAAGAATATGCTCCTACATCATGTTTGCTATCGCTTGCCTTATTTTCATTGCTGTGCAGGCACTACAAATATTACATTTGATTGTCTATATTAAGGAGAAAAGCTTCAGAGAATATTTTAATGACTTTTTCAGAAATATGAAGCACAATTTATTTTGGGGTACTTATCCCATGGGGTTAGTTACAATTATAAATTTCTTAGGAGCACTCTCGAAAGCGAACACGACGAAGAGCCCCACTAATGCCAGAAATTTGATGATATTTGTTTACGTCTTGTGGTGGTATGATCTCGCAGTCTGTCTAGTAATAGCGTGGGGTATCTCGTTTCTCATCTGGCATGACTATTACCCTTTGGAAGGGATTGGGAATTATCCTTCATATAATATCAAAATGGCATCCGAAAACATGAAAAGTGTATTGCTACTGGATATCATTCCGCTGGTTGTCGTCGCTTCAAGTTGTGGAACATTCACAATGTCAGAAATATTCTTCCATGCGTTTAATAGAAACATTCAACTGATAACGTTGGTCATATGTGCCTTAACGTGGCTGCATGCCATTATCTTCGTCTTCATACTGATTGCGATATACTTCTGGAGTCTTTATATTAATAAGATACCACCAATGACACAGGTTTTCACCTTATTCCTGCTTTTGGGCCCGATGGGCCAAGGAAGTTTTGGAGTCTTATTGCTTACAGATAATATAAAAAAATATGCGGGCAAATATTACCCAACAGATAACATTACAAGAGAACAAGAGATATTGACTATTGCAGTTCCATGGTGTTTCAAAATTCTAGGCATGGTTTCTGCTATGGCATTGCTCGCTATGGGCTATTTTTTCACCGTGATTTCTGTCGTTTCAATCCTGTCGTACTACAATAAAAAAGAGATTGAAAACGAGACAGGAAAAGTGAAGAGAGTTTATACCTTCCACAAAGGTTTTTGGGGGATGACTTTCCCGATGGGTACTATGTCTTTAGGAAACGAAGAGTTATATGTGCAGTATAACCAGTACGTTCCCTTATATGCATTTAGAGTCCTAGGAACCATATACGGCGGTGTTTGCGTTTGTTGGTCAATTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:375348-378768

CGGAGCTTTCCATTTGGAATCTACTATTAAAATCAGTCTAAAAAAGTATAAGAAACACTTCTGGTTTTTCTCATGCGCTTCTCACTCTCAGTATATTTTGCTGCTTTCCTTCATATGTATATATATCTATTTACATATTAGTTTACAGAACTTTATGCTTTCTGCAACCAAACAAACATTTAGAAGTCTACAGATAAGAACTATGTCCACGAACACCAAGCATTACGATTACCTCGTCATCGGGGGTGGCTCAGGGGGTGTTGCTTCCGCAAGAAGAGCTGCATCTTATGGTGCGAAGACATTACTAGTTGAAGCTAAGGCTCTTGGTGGTACCTGTGTTAACGTGGGTTGTGTTCCGAAGAAAGTCATGTGGTATGCTTCTGACCTCGCTACTAGAGTATCCCATGCAAATGAATATGGATTATATCAGAATCTTCCATTAGATAAAGAGCATTTGACTTTTAATTGGCCAGAATTTAAGCAGAAAAGGGATGCTTATGTCCATAGGTTGAACGGTATATACCAGAAGAATTTAGAAAAAGAAAAAGTGGATGTTGTATTTGGATGGGCTAGATTCAATAAGGACGGTAATGTTGAAGTTCAGAAAAGGGATAATACTACTGAAGTTTACTCCGCTAACCATATTTTAGTTGCGACCGGTGGAAAGGCTATTTTCCCCGAAAACATTCCAGGTTTCGAATTAGGTACTGATTCTGATGGGTTCTTTAGATTGGAAGAACAACCTAAGAAAGTTGTTGTTGTTGGCGCTGGTTATATTGGTATTGAGCTAGCAGGTGTGTTCCATGGGCTGGGATCCGAAACGCACTTGGTAATTAGAGGTGAAACTGTCTTGAGAAAATTTGATGAATGCATCCAGAACACTATTACTGACCATTACGTAAAGGAAGGCATCAACGTTCATAAACTATCCAAAATTGTTAAGGTGGAGAAAAATGTAGAAACTGACAAACTGAAAATACATATGAATGACTCAAAGTCCATCGATGACGTTGACGAATTAATTTGGACAATTGGACGTAAATCCCATCTAGGTATGGGTTCAGAAAATGTAGGTATAAAGCTGAACTCTCATGACCAAATAATTGCTGATGAATATCAGAACACCAATGTTCCAAACATTTATTCTCTAGGTGACGTTGTTGGAAAAGTTGAATTGACACCTGTCGCTATTGCAGCGGGCAGAAAGCTGTCTAATAGACTGTTTGGTCCAGAGAAATTCCGTAATGACAAACTAGATTACGAGAACGTCCCCAGCGTAATTTTCTCACATCCTGAAGCCGGTTCCATTGGTATTTCTGAGAAGGAAGCCATTGAAAAGTACGGTAAGGAGAATATAAAGGTCTACAATTCCAAATTTACCGCCATGTACTATGCTATGTTGAGTGAGAAATCACCCACAAGATATAAAATTGTTTGTGCGGGACCAAATGAAAAGGTTGTCGGTCTGCACATTGTTGGTGATTCCTCTGCAGAAATCTTGCAAGGGTTCGGTGTTGCTATAAAGATGGGTGCCACTAAGGCTGATTTCGATAATTGTGTTGCTATTCATCCGACTAGCGCAGAAGAATTGGTTACTATGAGATGAAGCAACGAAACTAGACGTCCAATCTGCTGTTGCTATACTGGACTTTTGTACTCTTGTAAACAATCTTATATAGCATCCTGAAATACGTAGTAATTTTGTCATTTCTGTTCAAGGACAAGGGTTCCTTTTTTTTTCAGACTATTAGCTACTGTGGACTCGCTTGGATATTCAGTTGAGGATACATTCCGACTCTCGTTTACAATACATATGATTATTTTTCTTTTTGTTAATTATATAAAAAATAAAGTTATTTGATTTTAAGCTTAAAAATACACAAAATACAGAATAAGAAAGGAGTTTTTGAACAAAAGAATTTATCTTTTACTGCTTTCTAACTTTAAGCCTTCAAAGAAGAAGCTCTTCTCTTTCTGATTTCAGCCTTCTCAGCCTTTCTTTCAGACAATCTCTTAGCCAACAATTGAGCGTATTCGGCAGCAGCTTCTCTTTGAGCTTGAGCGTTTCTGACCTTCAAAGCTCTTTGGTGTCTCTTTCTTTGCAATCTTTGAGGAGTAACCAATCTTTGGATCTTTGGAGCCTTGGTGTAAGTCTTTTCACCCTTGGTGACTTCTCTTCTGATGACGAAATCACGAACGTCATCTTCCTTGGACAAACCGAAGAACTTTCTGATGTTGTTAGCTCTCTTTGGACCCAATCTCTTTGGAACAGTAGTGTCAGTTAGACCTTCCAATTCTTGCTCACCCTTCTTGACAATGACCAAAGCCAAGACAGCCAAATCTGGACCAACAATGGCACCTCTGACGGACTTTCTCTTTCTTTCACCATCACGTCTTGGTCTGTAACAAGAAACGTTCTTGGTCAACAACAACTTGATTCTAGTTGGCAACAAAACACCTTGCTTCATTGGGAAACCTTGTTTGTCGTTACCACCAGAGATCTTGAAGACGTAACCCTTGAATTCGTCACCAACGGCTTCACCATCGACTTCTTGACCGATTCTCTTGTCGAAGAAAACACGAATACGGTGTTCATCATCAATTTCGAAGGTCTTTTGAGACCCGTTAACTGGGTAAGAAATGTTCAACTATTTTAAATTTTCAACAGGTTATTAAGAAAATTTGTTAGTATACTATTGCAAAATTAATGTTTGAATAGGGTGAAGTTTATTACTCTAGAGAAATTATTAAGTGGAAGATGAAAAAGCTTGTCTTTTATTGACTATACTCCAAGTATATGAACTGCTTCAATTTCACGGTTTGTAGTAACAGTATATGTAAACCCGCTCTGTTTGTTTAAAAATAACGCCACAAACGCATCAATTAGTATATGGTAGTCTTCCTGCTTCTTTCCATAAAAAATTTCTAAAATCTTTACGACGTCTGGTTCTGTTTAGTTCTTTCTCACTTTCAAACTTTCATGCCATTTTTCCACATATAAAGTTCTCTGTTGCCCCTCAATAATAGTATCATAAATCATACCTTCATGATGTATAGTCTGTCTTCACTCTTTTGTCACTTCTCTTAAGCAAATATAAAAATTCAATGACGAATAAGCATTAACCACTTTATCCTTGGTAACACTGTATATGAAATTTCAAAGAAACTGCAGCATCATGATGTTCCTAGACGTCGGTACTGGAATTCCCACCCAGTAGACTTACCTAGGTAGCGGCATTCCTCCAACGCTTACCAGGAGAGATAACTTTCCCGCTAGAATCGATAGAGGAGCGTGGAATTACGCCAATCTTCCAAGTGGGAACGGGCAGAGTGTCCAGTGGCTTCCTGCCTACAGAATGCACGGCCCCAGTGGGATTGGTGCAATCGCGCACGTTCCAACTTTCCGATGCTCCGGCGCGTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:378871-381414

TTGTCTTCTTCCGGCTTCTGCTTACATCAAACTCCAGGCCAGGCGGCAATTCATTTTAGTTGCTAATGCACAAAAGAGTACTTAAATACTATCATTATTCAGAAAATGCAATTGAGTTTTTCGTTTTTCTTCCTTGTTTGGGTTATTCACTACGTAAATATGTGCATTTACAATAATATAAATATAAATTTTTTAAATGAAAAGAAGTTTCTTATGCTTGGAATATTCATACTGGTCAAATTTTTTGGTTTATATTTTGCTTGAATTTTTTTCTCCTGAAATATCAGTCGAAAAATTAAAGAATTTAGTGCCTAGTGGTGTTTGAGCAGTATTTATGTATGGAGTCAGCCCGGTATTTCCATTATATGCGGTGGCAGCAGCATCATATGTACTTGAGTTGGACTGATTGTTCGAGTCACCATCGGTAGTATGTTCTGAAATAGCAGCTCCATTTACGGGTGCATCTTCATTATTACTATAGTAACTGTTATTGCTATTGTTACTGTTATTGTCGTTGCCGTTGTTGCTGTTGTTGTTGCTGCTGTTGTTGTTGTTATTGTTGTTGTTGTTGTTAGTGTTGTTAGTGCTGCTGATATTGCTGGAGTTGCCGTTGTTTACGGCCGTCTGTACGGGAGGGAAAGTACCAGGATTGTTTGTGTTTCCCGGCTTGGCACTGTTGGGTCCCATTGACCAGTCTGGAAACATCGATATAGAAGAAACATTTGGAGAATTACTCATCAAATCATGTACGAACTTCGATGGCAGTGAACCAGTTGGAGGGCCATTGCTGGTTTCAGGGCCGGAAAAAGTTGAAGGGGGGCGTCCGGTTAATGTTGTAGTTAATGGTACTGTTTGGCTCTGTTTTTTGAAAGACATTTGTTGGTATTGCTGGGTTTGTCTTTGAGCTAAAAAAGATGTATTTTGTTGGAAAGGTCCGCCAGGAATATTCGATGGTTGCAAGGGAGTGGCAATGTATGGCTGTGTTGCAGAAAAAAGAGGTGAAGACCCACTTCCGAAAGGATAAGGGTGATTGTTATTGTTACTGCCATTACCATTGTTAGAACCGTTAGGCGCATTTGCATTTGGCAATTTTATTACCATTCTGCCATTATTACCTTTTTGGAGAGTTAAGGGGCCTGAGGCAGATGCGGATAGTGGAGAAATTTTGCTAGACCTACTTGTTTTGTTTTCTTTCATTATCTGCGAAGAGCCCATACTATTGCCGTTGGCCGATGTGGAGGAGGCAGAGGAGGGTTCACTTGGAATAGCGGAATTACTGCTGAAATTGTTGTTCGGAATTCTCACACGAAGTACCGGTCTGGCGGACAATTTCCTTCTTGCTTTGACAGTCTGCTGAATAGAGTCTTCCAAAGAATTAGATGGTGACTGAGTGTAGTTGCTGTTGTCATTATTATTGCTGCCACTATTGTTAATTTTGTGCTCCTGTTTAGGGGTCCTTGAGGATGCATTTGTAAATGGCTTACTGAACTTGTTCGGTGAAATGGAAATGGGTGGAGGACGACCATTAAAGGAAGAGTTTTGAAAGCTTGGTAATTTTGGAAAATCCATCGTGGAAGGAGAAGATGAACTGGATGAAGGCTGGTTAAGATTGTACATGCTACTATGGTATGGTCTCGATATATTTTGCTGCTGTTGCTGTTGCGGAGTTCTACTTATTTGCAAAGGATCCGGTTTCAATCTTTTCAAATGTTGTAAAGGCGGCAGCGCGTTCTCAGGATGACGTTTATTTTGCTCACTACCATCCATCTTTGAAATGAGTGCGGTCGGGGATAACAACTTCATGTGTGCACTCGGTATATTTTTATCAGAGGCTTTTTTATTCGAATGCATATTTGAATTCCTCTCAAAATTGCCATGATCATCGTCGTCCTCATCATTGTTCTCATCATCATCATTTTCTGACTGGTTCATTCCTTTAACATTTGATTTCGAAGGCTTATTTGACATAGACGACCTGAGTAGGTCTTGATTTATGTTAACGGATGCACTTTTGTGAAAGTCTCCATAATCGGAAGGATCTTTCACTTCGTGAAGCAAGTTTTTGTCATTTTGGTAGTGATAGATTAAATCATTCGTATCCACAGAGGAAAACTCATAGAACGTGTTATTGGACCCCAGTATAATGACGGCTATGTCTACTTGACAAAGAACGGATAGTTCATGGGCCTTCTTAAAAAGGCCAGCTTTACGTTTTATAAACGTGACAGCCCTATTTCTGTCATCAGAAATTCTCTGGATTTCAATCTTCCGTCTACCCATGTTGTATCTATAGTATAGTTTTGCGACACTTTAATATTTAAGTTTTTTTCACGCTTCAGCCTGTTTGCTCCGGGGGATATTAACCTCACAACGTGATAGAAACCTTGAAAAAAAAAAAGAATAATTCTGCTTGCCAGCTTTCAATTACTTTAACGAGTCAAAAGTTGAGTTGGCTATCAGGAGTAGGCAGTTCTAATTGAATCAGTCGTTGAACACTTTAGAACAGGCTCGCTTCTTTCTTACGTTTCTTTTTGTCTGTCCTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:381733-383012

AGGAACGGGAGATAACTCGGCCGCTTGGTTTGAATTTGTTTCCCTTCGATTTTGTTTTCATTGCTTGAGTAAAAGAAGCTAAGCTAACATCTGCCTTATTCTTCTCAGCCTTTTCGTATATATATATATATATATATATATATTAGGACCCAGAGAACAAGGTATCATATATTAATTGTCTTGCCAACTATGTAATTTGGCTGTTACGGAAGACCCACATCAGGCGGCAGAAATGGTTTTAGTTAAGCAGGTAAGACTCGGTAACTCAGGTCTTAAGATATCACCGATAGTGATAGGATGTATGTCATACGGGTCCAAGAAATGGGCGGACTGGGTCATAGAGGACAAGACCCAAATTTTCAAGATTATGAAGCATTGTTACGATAAAGGTCTTCGTACTTTTGACACAGCAGATTTTTATTCTAATGGTTTGAGTGAAAGAATAATTAAGGAGTTTCTGGAGTACTACAGTATAAAGAGAGAAACGGTGGTGATTATGACCAAAATTTACTTCCCAGTTGATGAAACGCTTGATTTGCATCATAACTTCACTTTAAATGAATTTGAAGAATTGGACTTGTCCAACCAGCGGGGTTTATCCAGAAAGCATATAATTGCTGGTGTCGAGAACTCTGTGAAAAGACTGGGCACATATATAGACCTTTTACAAATTCACAGATTAGATCATGAAACGCCAATGAAAGAGATCATGAAGGCATTGAATGATGTTGTTGAAGCGGGCCACGTTAGATACATTGGGGCTTCGAGTATGTTGGCAACTGAATTTGCAGAACTGCAGTTCACAGCCGATAAATATGGCTGGTTTCAGTTCATTTCTTCGCAGTCTTACTACAATTTGCTCTATCGTGAAGATGAACGCGAATTGATTCCTTTTGCCAAAAGACACAATATTGGTTTACTTCCATGGTCTCCTAACGCACGAGGCATGTTGACTCGTCCTCTGAACCAAAGCACGGACAGGATTAAGAGTGATCCAACTTTCAAGTCGTTACATTTGGATAATCTCGAAGAAGAACAAAAGGAAATTATAAATCGTGTGGAAAAGGTGTCGAAGGACAAAAAAGTCTCGATGGCTATGCTCTCCATTGCATGGGTTTTGCATAAAGGATGTCACCCTATTGTGGGATTGAACACTACAGCAAGAGTAGACGAAGCGATTGCCGCACTACAAGTAACTCTAACAGAAGAAGAGATAAAGTACCTCGAGGAGCCCTACAAACCCCAGAGGCAAAGATGTTAAGTTAGATTTTCATGGGCCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:383300-386556

ATCTTTGAATATTTGCTAATAGTGAAAAAAAAAAAGGAAATAACTATCTGGTTTATCTGCATTGTTCTTCGTTTTTCAATTCAAGAATTTAAGCAAAAGGATATATCATAGAACCTAGTGAATTTTTAAGAAAGTAAGATAAAGAAAAAAATCAAATGCTGTTCAGCTGGCCTTATCCAGAAGCCCCGATTGAAGGTTATTGGGGCAAGCCAACTTCTCTGATTGATTGGTGCGAGGAGAATTATGTCGTATCCCCCTATATTGCAGAATGGTCAAATACTATTACCAATAGTATATTCTTAATGACCGCCTTCTATTCTACATATAGCGCTTGGCGTAATAAGTTAGAAACAAGGTATATATTGATAGGAATGGGGTTCTCGCTGGTTGGTATTGGTTCGTGGTTATTTCATATGACTTTACAGTATCGTTATCAATTGCTAGACGAACTACCAATGCTGTATGCGACCATCATCCCATCGTGGAGTATTTTTGCAGAAACTCAAGAAATCTTGATTAAGGATGAGAAGAAAAGGAAGGAAAGCTCATTTAGAATCCAAATGGTCATTTCTTTTATCATGTGTGGTATAGTCACCATTTTAACCTGGATTTACGTTGTCGTCCAAAAGCCAGCAATTTTCCAAGTCCTTTATGGTATATTGACGCTTCTAGTTGTGGTTCTTTCTGGCTGGCTGACCTACTATCACGTTCATGATTCATTTGCAAAGAAAAATCTTTTTATTACTATGGTTATGGGCATGATTCCTTTTGTCATTGGGTTCATTTGCTGGCAACTAGATATTCACCTGTGTTCTTTTTGGATCTATATCCGGAGAACATATTTGGCCCTGCCATTAGGTGTTCTATTGGAACTGCATGCTTGGTGGCATCTTTTGACCGGTACTGGTGTCTATATCTTCGTCGTGTATTTGCAATATTTGAGAATATTAACCCATGGAAATCCAAATGACTTCTTATTTATATGGAGGTGGGGATTTTTCCCTGAGCTGGTAAGAAAGGGCTTACCGATTGGTACTTCTTATTCACTGGAGTATCTGGGGCCAATTGTAAATACACAGGTAGATGATGAAACAAAAAAGAATAACTAAGGAGTGATTTTGTGCCATCCATTTGAATCTTCAAAATATATGTACGTATATGTTATGTATGTATATAAATTGTTGTACGTGCAATTGACCGAACGTGTATATTTGTATATAGATATGTGACAAACTAAAGAGCTTACACTTCGTTCCTTCCCTTCTGTTCACCTTTTTTTATTATGCCTGACTATTCTAAAATTTATGTTTATGTGGCGTAAAATATCTTTCTTCTGAAAACACATGCAGCAGTTACTCCCATCATAAAAGGAATTAATAAATGAATAGTATAAACAATTATTTACTTAAATATATTTAAATTTCTGCTTGGAAAACCGGCCATGTCGGCGGCACATAAAAGTTCTATTTACCTTTAAATTCTTTTCGACATGTATGGACCGTCTAGTTCATATCCTAGTTTACCATAGTAATTTCTTACACCAACACCAGAAATAACAGAAATTTTCTCTGAACCATGCTCTTCCTTGGCGATTCTTTCCGCTTCTTCCATCAATAGAGTACCAAACCCTTGATGCTGGAATTTACGAGGATCTCTTGAATGAAGTGGAACCACAGAACCATAAACATGCAATTCTCTAACAATAGAAGTCCTCTGGGAGGTGAATTCTTTTCTATATGTATATTTCTTTGAAGCCTTTCTCAATCTCAGCAAACCAATCAGTATATCTTTCTTTGGATCTTCATATGATAAAAAGGTTTCCCAACCACCATTTGCATAGTAATCCCTTCTGATAAGCTCGACCTGATCTGGTTGAACTTTATGATGCACTTCTTGGATACCCACTTCCCTAGTACGAACATCCCTACAAGTTGTACCCAAGTCCTTCATTCTAGCTAATGCCAATTCTCTCAAGTTACCATTGTCAACACCTGAGGTAACCAAGGGCATTGGAATGTCTCTTTGGACACGGTAGATTCTTGTCCATGGGGGCACTAGGGCCAAGATTCTAGCAACTAAGTCCACTAAGGCGTTGGCACTATAAGACTTATACCTGCCCGTTTTCCAAAGTTCGTATAAACCTGTACCCCTAATGACTAAAGTTGGATAGATTTTCAACCCATCAGTCCTAAAATCAGGATTTTCAAAATACTCTTTGAACTGTTCAATATCTCTTTCCATCCCAACATTTGGTAAATCTGGCATCATGTGAGAAACAACCTTATAACCAGCATCTTTAGACACAGCAAAAGTTTCACAAACAGACCTAACGGTGTGTCCTCTATTAGTATCACGAGCAACGTCTTCGTACAAGGACTGAACACCAATTTCTAATCTGGTACAGCCATATTTTAACATATCGTCCAAATGTGTTTGCGTACAATAATCAGGCCTAGTTTCGATTGTTATACCAACACACTTCGTTAAACTTTGTTGCGAATAAAGAATAGCTTCATCAATATCATTACCATTGAACCCAGAAAGTGCATTATGCAATTTCACAATAAAATCTTCACGATATTCTTTTGGTAATGACATAAATGTACCACCCATCAGAACATATTCGACTTTATCGATGGAGTGACCTAACTGTTTCAATTGTTCCACCCTACCACGTGCTTGTTCATAAGGGTCATAACGAGCTCTGATGGCACGCATTGAAGTTGGTTCATAGCCTGTGTAAGATTGTGTAGAATACTCAAAATCTGAATCTGGACCACCTGGACAATAAACACAAATATTACCTGTATATGCAATGTGAGGACAACGATGTGGTTTACACATAACGGCTACCACTGCAATACCCGATGCTGTTCTTACTGGCTTAGCCTTCAATTTGGGTAATAAATATTTTTTGTATTGGTCTGGAATAGAATTAATGATATCGGTTAACCTTGGTTGTTGCTTTAGTTTATATTTCTTTGAATATTTAGTAATCAAACCATTCAGATTAATTTCTCTTGTTGTTCCCGAGGTTAAAGAATCTGTTAACTCTAATGTGATATCAGCACAACATTGTATAAACCTTTCCTTTTCAGGTGCTAGCTTTTTTTTGTTAGTTTTTGGGCCTTTTCCATGACGAGCCATCTTTGTCAGGGTGTTCTTCGATTTTCCTTAGGTGCTTTTAGGACTTGTTTATTTCAAAACTTTGCACTGGATAATTTGAGATGAGCTAACTAAATTTCAAAATTTTTTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:386882-404236

AAAGGTTAATTGGCAGGTTACACAAGATTTTGGTCATTGAATATTTGCAGCCCTCCTGCTTGAGAAACTGGACAACAACTGTTATCAATATTCCCTTTTCAAAATAGTGGTATTTAACTGGCCATAACCAAGGAAACCGTTGTACCTATTATTTTGTATAGTCTTCATTTAATAACGTGTTAAGAATGACACCTGAAGCCAAGAAAAGGAAAAACCAAAAGAAGAAGTTGAAGCAAAAGCAAAAAAAAGCTGCTGAGAAAGCTGCTAGCCACAGTGAAGAACCACTTGAATTACCAGAAAGTACGATTAACAGCAGCTTCAACGACGACTCGGTGAACCGTACAGAATCTGACATAGCTTCAAAATCTGATGTTCCTCCGGTCTCATCATCTACCAATATCTCTCCGGCTAATGAAACACAACTAGAAATACCTGATACTCAAGAATTGCATCATAAACTGCTCAACGACTCTGATCAACATGATATTACCGCGGACTCAAATGATTTGCCAGACAACTCAATCGTTGAACATGACTCTGTTATTACCCAAACAAAACCAGCCATGTCTCAAGAATACGAAGAGACTGCCGCTCACTTATCTTCGAGAAATCCATCGCTCGATGTAGTCGCGGGAGAACTTCACAATAATAATGAACATACCCAGAAAATTGCCGTATCCGCTGTGGAAGAGGATTCTTTCAATGAAGAAGAGGGTGAAAATCACGACAGCATAATAATTTCATCATTAAACGATGCTACCCCTTCTCAATATAATCATTTTCTCCCATCCGATGGCAATCTTCTTTCTCCAGAATTATCTTCTGGTGATACGCCAACTCACAATGTTCCTCTAGGCACAAAAGACAATGAAATAAATGACGATGAGTATTGTAATGATAAGGAAATTAGTTTGAACGCAAATAATGTGCTTCCTGATGAACTTTCAAAGGAAGAAGATGAAAGATTAAAACTAGAAACGCATGTATCAACCGAAGAAAAGAAACAGGATATCGCTGATCAGGAAACTGCAGAAAACTTATTTACGTCTAGTACAGAACCATCTGAGAATAAAATAAGAAATTCTGGTGATGATACCTCCATGTTGTTTCAAGATGACGAAAGTGATCAGAAGGTTCCATGGGAGGAAGATGTGAAGAAAGATTTTCATAATGAGAACACAAATAATACTCAAGAATCGGCACCGAACACAGATGATCGTGATAAGGGTTATGAAGGAAACGAAGCTTTGAAAAAGTCCGAAAGTTGTACAGCCGCGGACGAGAGGTCGTACTCTGAAGAAACTTCAGAAGATATCTTTCACGGACACGACAAACAGGTAGTTGAAGGCCAAAATGATTTCACTGGGAAAAATATTGAGAATGAAAGCCAGAAATTAATGGGGGAAGGGAATCATAAGTTACCGTTGTCTGCCGAAGCTGACATTATAGAACCTGGTAAGGATATTCAAGATCAAGCCGAGGATTTGTTTACGCAGAGCAGCGGAGACTTGGGAGAAGTTTTGCCATGGGAATCTACTGATAAAAACGCTGATGTAACGAGCAAATCCCAAGAGAAACATGAAGATTTATTTGCTGCTTCTGGAAACGATGAGAAACTTCCTTGGGAAGTTTCTGACGGTGAAGTATCATCGGGAAAGACGGAAAACAGCATGCAGACTAGTACTGAGAAAATAGCTGAGCAAAAGTTTTCGTTTTTGGAAAACGACGACGACCTTTTGGACGACGACGACAGCTTTTTGGCTTCTTCTGAGGAAGAAGACACAGTACCTAATACCGATAATACAACGAATTTAACCTCAAAACCAGTTGAAGAAAAAAAGGCTTCAAGATATAAACCTATTATCGAGGAGGAAGCAGGAATGCGTCAAGAGCAAGTTCATTTTACCAATACTACTGGCATTGTAACACCGCAGCAGTTCCACGGTTTGACTAAAACTGGACTAGGCACCCCCAACCAACAAGTCAGTGTACCAAATATAGTTAGTCCTAAGCCTCCTGTGGTAAAAGACAATCGTTCAAATTTTAAGATAAATGAGGAGAAAAAGAAGTCTGATGCTTACGATTTTCCACTGGAAATTATTTCAGAAAGTTCCAAGAAGGGTCACGCAAAGCCGGTTGCCGTTCCTACTCAAAGGTTTGGCTCAGGGAATTCTTTTAGTTCTTTGGACAAACCAATTCCACAGAGCAGGAAAGGCTCTAATAACTCAAATAGGCCACCCGTGATCCCATTGGGGACGCAGGAGCCTCGATCTTCGAGAACTAACTCAGCGATCTCGCAATCTCCCGTTAATTATGCTTTCCCTAACCCATACAAAATTCAACAACTACAACAGGCTCCTATCCAATCAGGTATGCCTTTACCAAATACCAACATACCTCCCCCAGCATTAAAAGTGGAAACCACCGTTTCTGCTCCTCCAATTCGGGCAAGAGGGGTCAGCAATGCCTCCGTGGGAAGTTCAGCGTCTTTTGGTGCTAGACATGCAACACAGTACGGCCTCAATAACGGGGTACCTCCGGTTTCGCCATATGGTCAAGCTACCATAAATTTGCCAACTGCGAATAAGTATGCCCCCGTCTCTCCTACAGTTCAGCAGAAGCAATATCCATCAGTTGTGCAAAACCTTGGCGCTTCGGCCGTAAATACCCCCAATTTTGTAAAGACCCATAGAGGCCATACAAGCTCTATTAGTTCGTATACACCAAACCAGAATGAACACGCCTCTAGATACGCACCCAACTATCAACAATCTTATCAGGTGCCATATACCTCACAACCTGTTGGTCCTGTAGCTGGGAATTCAAGCTATCAAAGCCAAACCCGAAGTTCTTATGCAGTTCCTATGATGCCCCAGGCTCAAACTTCAGCAAGTATTCAGCCTCACGCGAACATTCAACCGCCTACTGGCATTTTACCTTTAGCCCCCTTACGACCTCTAGACCCCTTACAAGCCGCTACGAACTTGCAACCCCGTGCAAGCAACATAACGGCTGCAAATTCACTACCTCTTGCAAATTTGCCACTTGCTGAAAACATACTGCCAGAAATTATCACGCATCGAGCTACAAGTAGTGTTGCACCACCACGACAGGAAAATAATCCAATTAAAATAGACAACGAGGCTTTATTACGCCGTCAATTTCCGATTTTTCATTGGAGTGCTGCAAACAAGGTCGTGTACGCAGTCCCCCCTATCCCTGACCAATCGCAGTACATGATTTCATCAAGCATTGTACAGGAAATAAAAGTGACACCAATTGACCAGATAATTAAACCGAACGATATGCTCAAAAGCTTCCCAGGTCCTTTGGGTAGTGCCAAATTAAAAAAAAAGGATTTAACCAAATGGATGGAAACCACTATTAAATCCATATCTGAAAATGAATCATCCACTGATATGACTATATGGCAACTATTGGAAATGAAACTAAACGATAAAGTTAACTGGAAAAATATTTCAAAACTACTATACAATTCTGACGAACTTTTAATGTACCTATCTCAGCCCTTTCCAAACGGTGACATGATTCCAAATGCATATAGACTGGATATAAATTGTCAGATGAGAGTCCTGGCGTTCTTACAAACGGGAAATCACGATGAGGCACTTCGCTTAGCTTTAAGCAAGAGGGATTATGCCATTGCACTATTGGTTGGCAGTTTAATGGGTAAAGACAGATGGTCTGAAGTCATTCAGAAATATTTATATGAAGGGTTTACTGCGGGGCCAAACGACCAAAAAGAATTGGCACACTTTCTGCTCCTTATCTTTCAAGTATTTGTTGGTAACTCCAAAATGGCCATAAAAAGTTTCTACACTAATAATGAGACCAGTCAATGGGCATCCGAAAACTGGAAGAGTATCGTTGCAGCTGTTCTGATTAATATCCCAGAAAATAATGAAGATCCACTACTTATACCACCTGTTGTCCTTGAATTTTTGATAGAGTTCGGTATATTCCTCACCAAAAAGGGCTTGACAGCCGCAGCTAGTACATTATTTATTATTGGTAACGTACCACTTTCTAATGAGCCAGTAATGGCAGATTCAGACGTTATATTTGAAAGTATTGGAAACATGAATACTTTTGAAAGCATTCTATGGGATGAAATCTACGAGTATATATTCTCGTATGACCCTAAATTCAAAGGATTTTCATCTATTTTGCCCCAGAAGATATACCATGCATCTCTTTTACAAGAACAAGGTTTGAACAGCCTGGGGACAAAGTATACTGATTACCTCAGTTCCTCAGTTCGAAAACTGCCTAAGAAAGATATTTTAACAATAAACCTCACTCGTGAATTGAGTGAGGTGGCTAGTAGGCTTTCCGAGTCTAATACAGGATGGCTTGCAAAACCAAAACTAAGCAGCGTATGGGGTCAATTAGATAAATCCTTCAATAAATATATTGGTGGCGATGATATTGATGCATTGAATAAAAAAAATGATAAAAAGAAAGTTTTTGATGGGTTCACACCGGGATCTTCTGCCAATTCGTCAACTGTGGATCTCACCCAAACATTCACACCTTTCCAAGCTCAAGTTACTTCGCAAAGCTATGTGGATACTACAGCTCTTTTGCATAATGCCCATAATGTACCAAGCCATAGTGTGCTGCATTCAAAGCCTTCCAATGTGTCAAAGGGGTTAGTTGAAGCAAACTTACCGTATACGCATAGGATCGGTGATAGTTTGCAGGGATCTCCTCAGCGCATTCATAATACACAGTTCGCTGCTGCTGAGCCTCAAATGGCTTCTTTGAGAAGAGTTAGAACAGACCAGCATACAAACGAAAAGGCTTTGAAGAGTCAGCAGATTTTAGAGAAAAAGTCTACGGCCTACACTCCACAATTTGGACAGAACCATAGCGTTCCAATGGAAAAGTCTAATTCGAATGTGCCATCTTTATTTGCCGACTTCCCTGCTCCACCCAAACTTGGAACAGTGCCGTCTAATTATGTGTCTAGTCCTGACTTAGTAAGAAGGGAGTCTATCATATCTACCGGATCAGAATTTCTTCCTCCTCCCAAAATTGGGGTACCTACTAAAGCTAATTCCTCGCAGGGATCGCTTATGTACTCACCAAGTGTGGAAGCTTTGCCTATCGACCCTGTCGTCCCGCAAGTTCATGAGACGGGATACAATGATTTTGGTAACAAACATTCTCAAAAAAGTATGCCTGAAGATGAATCTCACACATCACATGATAATAGCAATGCTGATCAAAATACATTAAAAGACTCTGCAGATGTTACAGATGAAACAATGGATATTGAAGGACCTGGCTTCAACGATGTGAAGAATCTTCTTCCTATGGAGCCCAACCACCAGCCTACGTCTACAGTAAATCCTATACAAACTATTAGTGACGATATCCAACCGATTCTTCAAACTAACGTGGAGGTCCGGGGTACTGATGCATCGAAAATGGAAAATTCACTTCCCTCCATTGAAAATGAAAGAAGTAGCGAGGAGCAGCCAGAAAACATTTCAAAATCAGCATCATCAGCATATTTACCATCAACTGGTGGATTGTCACTCGAAAACAGACCGCTAACTCAGGATGAAAACAGTATCTCAGAGACAGTTCAATCCACATACTTGCCAGCAGGAAGTATTTCAATGGAAGCTAAACCAATTTCTCAAGTGCAAGATGTTCCAAGAAATGTTAATAATAAAGCATCCAAACTTGTGGAGCAACATATGGCACCACCAAAGCCAAAAAGTACTGACGCAACCAAAATGAACTACTCACCATACGTGCCTCAATCAACTGCCGCTAGTGCAGATGGCGATGAATCAACGATTCTGAAAACATCGCCTGCTATATATGCAAGAACTCACCAAGCACATGCATCCAATCCATCACAATACTTTCCTTTGGTCAACCAAGCAAATGAAACTGCTTCATTCGAATTATCTGAATCAACATCCCAGGCACAAAGTAATGGAAATGTTGCTTCAGAAAATAGATTCAGCCCAATAAAGAAAGCCGAAGTCGTCGAGAAAGACACTTTTCAACCTACTATTAGGAAGGCTTCAACTAACCAATACAGGGCTTTTAAACCGTTGGAATCAGATGCGGATAAATACAATGACGTTATTGAAGATGAATCCGATGACGACAATATGTCTACTGATGAGGCAAAGAACAGAAAGGAAGAAAAAAAGAATGTGAATATGAAAAAGGAAACAAAACCAAGTAACAAGGACATAGATGACAAGTCTAATGGTTGGTTTGGTTGGTTGAAGAAAGATACTGGCGACAAAAAAGTGTATAAGGCCAAGCTAGGTCATAAAAACACACTATACTATGATGAAAAATTGAAACGTTGGGTGAATAAGGACGCAACCGAAGAGGAAAAACAAAAAATTATTGAAAGTTCGGCACCACCACCTCCTCCAATCGTGAAACGTAAAGATGGCGGCCCAAAGACAAAGCCACGTTCAGGCCCCATCAATAATTCCCTACCTCCAGTACATGCCACATCAGTTATTCCGAACAATCCAATCACTGGTGAGCCTTTGCCGATCAAAACATCCCCTTCTCCTACAGGACCCAATCCAAACAATTCTCCATCACCATCCTCTCCCATATCAAGGATTTCTGGCGTAAACTTGACTAGCAAAAAGGCAAACGGTTTGGATGATTTATTGAGTTTGGCAGGAGGACCCAAACCAGCAAGTACGAGAAGGAAGAAGAAAACAGCGAGAGGCTATGTTAATGTAATGGATAACATACAATAATTATAGTAATACGTTTTTCTTTCATGGTACCCTTATGCCTTCCCTTTTCTTGATGTATATTATATACTTATAAAAACCGTAGTAAATTTTATTAAAACAATGATTACAGGAATCCGTATTTAGGTTATGCATCGTTGTCAGTAAGAAATCAGATGAATGCGATCTGAAACTTTGCTTATACTAATATTATTCTATCATACCTCATTTTCTTGCTTCGATTAATGCAGGACGCCGGTTCCGGGTTAGGATCACCGAGAAACAGAAAGCAAGCAAGGCTTCAGTTACAATTCGAAGAAGTACTAAGGGGGTTGTCGTGGAAAAATCTTGAATCAGAAAGCGGCTGACTGGAGCATTACTAGGTTCATTACTCACTGGTTCTACTCATGAAACCTTACTTATTTGACCTAAAGCTAAAAGACACAGAGAAGCTGGATTGGAAAAAAGGCCTCTCCTCATATCTCAAGAAATCATACGGCTCCTCACAATGGAGAACATTTTATGATGAGAAAGCTACTTCAGAACTGGATCACTTAAGGAATAATGCAAATGGAGAACTAGCACCTTCTTCATTGTCGGAACAAAATCTAAAATATTACTCATTTTTGGAGCATCTTTATTTTCGCCTGGGTAGCAAAGGATCAAGATTAAAAATGGATTTCACTTGGTATGACGCAGAATACTCATCGGCCCAGAAAGGATTGAAATACACGCAACATACGTTAGCATTTGAAAAGTCTTGTACTTTGTTCAACATTGCTGTAATCTTTACCCAAATTGCGAGGGAGAATATCAATGAGGACTACAAAAACTCAATCGCAAATTTGACAAAAGCTTTTTCCTGTTTTGAATATCTATCAGAAAATTTTTTGAACTCACCTTCAGTCGATCTTCAGTCAGAAAACACTAGGTTTCTGGCTAATATTTGCCATGCAGAAGCTCAAGAATTGTTTGTCTTGAAATTATTAAATGATCAAATATCATCCAAGCAATATACATTAATCAGTAAACTTTCTAGAGCCACGTGTAACCTCTTTCAGAAATGTCACGATTTTATGAAAGAAATAGATGACGATGTGGCCATTTATGGTGAACCCAAATGGAAAACGACAGTTACTTGCAAACTGCATTTCTACAAATCGTTAAGCGCTTATTATCACGGTTTACACCTTGAAGAAGAAAATAGAGTTGGCGAAGCAATTGCTTTTCTCGATTTTTCTATGCAACAATTGATTTCATCCCTTCCATTCAAAACGTGGTTAGTGGAATTTATAGACTTTGATGGGTTTAAAGAAACTTTAGAAAAGAAACAAAAGGAGTTGATTAAAGATAACGATTTTATATATCATGAAAGCGTTCCAGCCGTTGTGCAGGTTGATTCCATTAAGGCGCTCGATGCAATAAAATCTCCAACATGGGAGAAGATATTAGAACCATATATGCAAGATGTTGCAAATAAATGTGACTCTTTGTACAGAGGAATTATTCCCCTAGATGTCTATGAAAAGGAAAGTATTTACTCAGAAGAAAAAGCGACGCTGTTGAGAAAGCAAGTTGAAGAAACTGAGACAGCAAATTTGGAATATTCTTCCTTCATCGAATTTACAAATCTACCCAGGCTCTTGAGTGATTTGGAAAAACAATTTAGTGACGGAAATATTTTCTCGAATACGGATACACAGGGACAATTGATGAGGGACCAAATTCAGACATGGTGTAAATTTATCCAAACAAATGAATTTAGGGATATAGAAGAACAGATGAACAAAATTGTTTTCAAAAGGAAACAAATTTTAGAAATCCTTTCTGCCTTACCCAATGATCAAAAAGAAAATGTTACAAAACTAAAATCTTCTTTAGTAGCTGCTTCAAACTCAGACGAAAAATTGTTCGCATGCGTAAAACCACATATTGTCGAGATCAATCTATTGAATGACAATGGAAAAATATGGAAGAAGTTTGACGAATTTAATCGCAATACGCCTCCACAACCTAGCCTATTGGATATCGATGATACCAAAAACGACAAGATATTAGAGTTGTTAAAACAAGTAAAGGGCCATGCGGAAGACTTAAGAACATTGAAAGAGGAACGTTCGAGAAATTTGTCTGAACTAAGAGACGAAATCAACAACGATGATATCACAAAATTATTAATTATTAATAAGGGGAAATCCGATGTTGAGCTCAAAGATTTATTCGAGGTGGAACTGGAGAAATTCGAGCCTTTGAGCACAAGAATAGAGGCGACAATTTACAAACAATCTTCAATGATAGATGACATCAAAGCCAAGCTAGATGAAATTTTTCACCTTTCAAATTTCAAGGATAAATCTTCTGGGGAAGAAAAATTTTTAGAAGATCGTAAGAATTTTTTTGATAAGCTGCAAGAAGCAGTGAAATCATTCAGTATTTTTGCATCCGACTTGCCAAAAGGAATAGAGTTCTATGATTCATTATTCAATATGAGTAGAGACTTAGCAGAAAGAGTGAGAGTTGCAAAGCAGACCGAGGATTCAACAGCTAATTCTCCCGCTCCTCCCCTCCCTCCACTTGATTCTAAAGCGTCTGTCGTTGGGGGTCCTCCATTACTGCCCCAAAAAAGTGCAGCCTTTCAGTCATTATCTAGACAAGGGCTCAATTTAGGGGACCAATTTCAAAATCTCAAAATAAGTGCCGGCAGTGATTTACCTCAAGGACCCGGTATTCCACCAAGAACTTATGAAGCTTCGCCATATGCTGCAACGCCTACTATGGCAGCCCCACCAGTACCACCGAAACAATCGCAAGAGGATATGTACGACTTGAGAAGACGTAAAGCAGTTGAAAACGAAGAACGTGAACTGCAAGAGAATCCTACGTCCTTTTACAATAGACCCTCTGTTTTTGATGAAAATATGTACTCCAAATACAGCAGTTAGGTGCATTTCTTATTTCTTAATTTTATTGTAGCTTTTTTTTTTCAACTAATATGATAATTATATATATACCGGATTTGTTGAAAGCCAGTTTTGCAAGGATAAAGAAACTGCGATTTAGCAAAAGTCCCTTTAATGCTTCTTCCATCTTTGATCTACTTTCTTTTGAGTATTAGGTGTATACCATACACTTTCAGATCCAAAATCAGCCTCGGACATTTTTACAAACGAAATAAGGCCATTATCCATAATAGCGATAATAAAGCTCCGATATCCCGTCTTCAATCTACGATTTTGCTGTATGTGAGGTGGGTACGCCTTTCTCTTCTTTTTCGTGCTAGACTGTGCAGTTTTTTTTTGAAAACTTGCTTTCATAGACGACTCACTTTTTTCAGTTTGAGATTTCGCGCTCCTCTTATGAATATATTCCTTTCGTGGGATATCTTCAACGTAGGAGTTTGTCTCCCAATCGTCATCATCCTCGATTTCGCTTAAAAATTCGAATTTATAATCAAGTGAGGAAAACATAGATCGCAGCTCTTTATAGGTAGGAAAATGCTGAAGATCGTCATTTTTATTGTAAACGAAAACTTGGAAATCAGGAAGACCGGGGTCTCTTTTCTTGAAATTAGAATGGGGTTTCCATACTTTAAATGTCAAGGGAATATCCTTTACCTTTTGAAATTCCCTATCAGATTGTGCATCCAATAGCTCTTTTTTATTCTTTGGTACAGCCACGGAACGAACAAGCCTATTTAAACCCTGGTATAACTGTGGTGAAGTCGTATATTTACGAAAAAAAAAATTCCACTTAGAATAGAAGAAACCACTAAACAGCGATAACTCTTGTATTTTAAACAATGAAAGTAATCTCCAAGTGATTGCTTGTAAATTACTTCGTTGCTTTTTCAATGGGAAAAAGGAAGTCTTGACTGCTGCTTCTTGATTGCTGGGTTTTAGAATAAAACCCAACCTTTTTAAATGAGCAAACACAAAATATTGGTCCATTTCCTGTTGCGATGAAAACAGCGAATACAAATCCTCCATACTGAGTAAAATCTCTGTTTCGTGCTTTGAGCTTTTGTTAGAGCCTGCTTCTAATCTATAATAAGGAAGAATAGTGCCTCTCTCTGCCAAATAAACAAACTCATGGAAGTCAAGCCAGAGTTCGCCTGTGCTATCAGCCCTTCCCATCGTTTGCATAAAGCTGCCTTTGGGTTTAAGTAGAACGGCTTGATGTTTATGGGGAACATAGTATCCTCTTACTTCAGATTTTACTGTTGTGCCTCTTATTGAGTCTGATATGGTATCAAACATGGCTTTACTTGCATTATAGAGAAGCAGATCTTGCAAATTAGTCCCATCTGGTTCATAGTCTTTTTCACCCCTCTTTGGAAGTGAAAGAGCAGCATTTTTGCTAACGAGCGATGCGAGTTGCGACCAATCTTGTTGTAGTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCAAAGCCCGGATTAGATGTGGTCACTTGATCAGTTTTCTTCCCAGCGAATTGCATTTAAATTGGCAGAAGAACAGAGGTTTTATGTATGTTTATATCCAAACGTTTCGATAGCTCAAATGAATAATTTTTCATACTGAGATGAAGCTCTGCAGAGTTCGACTAAACTGTTTCTAGTTTCCCTTTGGCGCAACTTAACTATGAAAAATAATAAAATAAAAAAAAAGTCCAAGCCATAATCAATAGACAGCTAATAACCTGAATTTTAACAAGAGAATATGAAAACATTATCAATACTGATTTGAATATACCCGTAAATTCTATAAGACTCCATTAATATACCGTATTATATTACAAGTTGATAATACATAAATGCGTTAAATAAAACAAAAATGACCTTGTATACGCGTCATTCCAATGCAAGAATTTGTTTATCGTAAAGTTTTGATGAAGGTGTCTAAATTATACTCCTCCTCGTATTGAGATGGGTCCCATAGCTCTTTCAATTCACCGAGGGCCTCTTTGGCTTTGCCAGTTAAACCAGTCTCGTTGGCAATATCTTCCATGCCCTTGGCTGCTTGGGAATCGCCATTATTCTTTTCCTCATTGTCCTGTGAGGTAACGTTATCGGGGTCGAAGAGATCAAGCAGCTGATGTGTATCCATGGATGCTAATCCACTGTTTTGCTGATTAACAACTGTAGAAGCTATATTCATTTTGAATTTCTGCAAACCCATGATTTTTTCTTCAAGCGTACCTTTCGTAATAATTCTGTAAACATTAACAACCTTTTTCTGACCAATTCTATGTGCTCTGTCCATTGCCTGTAGATCATTCATTGGATTCCAGTCATGCTCTACAAAAATGACGGTGTCTGCACCAGTTAAATTCAGACCCAGCCCTCCGACCTTGGTGGTCAACAGTAGGCAATCAATAGAGGGATCTTCGTTAAATTTCCGAACAACTTTTTGTCTGTCTCTTGGGTCAATGCTTCCATCTAGCCTCATATAGGTTACGGAGGGCATATACTTTTTAAACAAGTCATTTTCAACCATGTCTAGCATATCTTTTAGTTGGCAGAAAATCAGGGCTCTGTGTTGTGATATGACATTTTGAATAGGAAAATTCTGATCTTGGCTTGCTTTTTTGTCGATATCTTCTTCACCTATACCACATTCAAAGAGTAATGTTCTCAATGCGCTCAGTTTTGGAGCGTTGATAATATCGTGTAAATCTAGACCAGTTTGCTTTAAATAGTCTTGTACTTGCGCTAATTGCGGGTGATTTGGTGAAAGGACCAAAGCTGGATGATTACACAATTTTCTCATGTATTGTAAAGCTTGGAAAATATGTTGCTTGCCATCAGCAATCTCAGAATTTTCAATATCTTTCTCAACTACATTTTTTTGTTTTTTAGTAAAATCCATGTATAGTTGTTTTTGTAAATCACCTAATTCACAGTAGTAATCCTGAATAATTTTAGGTGGTAAATCAGATAGAACGTCTTCCTTCAATCTTCTCAGCATGAAAGGTAGAACTTGCTTATGTAGTGCCTCCAAAGCCAGTACACCTGCTTCCTGCTCCTTAGATGATGTTTTACTATTTCTTGACGCAGCGATTGGCTTTGCGAACCTTTCCTGGAACATCTTTTCCGTTCCCAAAAATCCCGGCATTAAGAAGTCAAACAGAGACCACAATTCTAAAACGTTGTTTTGGATGGGAGTTCCGGTTAAAATTAATCTATGGTTTGCAGTAATTTCTTTAACAGCCTTAGCAAGTTTTGATTGAGAGTTTTTAATTATATGTCCTTCATCCAAAACACAATAATTATATTCAGTTTTGTTTAGGACTGCGAGATCATTTCTAGCTACGTCATATGATGTTACAATAATATCAGCATCACTTAACTGTGGTCTCAGAGTTAATCTGACAGTTGGGCCACCGGCATACACAACAACCTTTAAAAAGGGAGCATACTGGTCAAACTCGTTTTCCCAATGGCCAGTTAAAGATGGGGGGCATATTATGAGAGATGGTAAGGCTCTACTTTCAACAGAACGCGTTTTTTCATAATCTTCCTTCCTCAAATATTGATCGCTTGCGATAATGCAGATGGTTTGTAATGTTTTACCCAAACCCATATCGTCACACAATATTCCATGTAGATGATATTTGTTCAGGAATGCCAACCAGTTAACACCATCTTGCTGATATTTTCTTAAAGTCGCCTTGATGGCAATGGGTAATTTAAATGGCTTAGCTTTAGAAGGATCCATCATTTGTTGGATAAAATCACGCTCCCTCTCTCTGCTTGCCACTAGTTCTTCTGGGAGTCCTTTTGGATCGGCGATACCAGCTTCTAAAGGAACTAATTTGATGATAGAAGCAAATGTTGTTGTAGCTAAATTCCTCACATCTTCGTTCGAATCACTCATGCGACCCAAAAGTGGAACTATTAAGAAAATGACGTAAGGTAGAACATCGGTTTCCATAGAAAGTGATAAATGATAAATAAGCTCCGTGGACCCTTGACGATCGGATAGAGAACCAGCGCTATTCATTAAAGGCAAAATCTCACGTATGGTGTAAGCCATTACCTCCACGGAGGAAATTTTAGCCAGATCAGCAAAAGTTCTTGCAGCTGAATAACGAAAAACAGATAAGTTTGATCTTAAGAACGTTAATAAAACAGGGAAACGGGTAAAAACCTCACTAGAACGTAGCGAATCAGACATAAATGGGAATAGAGCTCTTAGTACACCAAATGAGTCGACTATTTTTTGACCTTGCTCGTTGTCAACTTTACTTGCTTCCTCATTTTCATGATCAGATAATGAATCAAATAAAATCGATCTAAGCTGAGGTAGTTTCTGTAATATAGAAGGCCCAAGAACTTCAAATAGTATTTTTAACGTAATCAACCCACCCTTCCTTTTTAGTTGAGCCTCTTCCGACATCTTTGCGAGATTAATGTCATCTTGTGCGGCAATCGAATTAGATTCTTTTATTAACGTCAATATTTTTTCTTTATATTCTGCATTTACGGAGAAATCAGGAACTTCTGAAGTATCAACGCATAAAAATCCGCAGAGATTTTTGACTATCTTACCAGACACATTAACTTTATTATTTTCTAACAGTTGCTGAATCAAATGTACGACCGATTCTCCGGCCATCGTTTGTAACTTTTCATTCCTTTCTTCTTTAACACTGTCCATTAGCGACCTGATAATGGGGTTTAATTTAAGAGGTAGACCATCAAATAACAAGATGGATGATGCGTAATTAGCGAGAATGCTGCCTGTACGAAGTTTTGCGGATTCTTTGGCTGAATTGATTGCCATCAACACGCGATGCTTAGAATCTTCTAATGGCTTCTTGGCCAATAGTTTGTAAGAGTTGTTCATGGATTTGAACATTTTATCATAGTATTCGCCGTACACTTTTTCTGCTGTTTCAACACCAAACGCATGTGGACCGGCTTCTGTTTCGCCTTGAACCACAATTGCTACGTTGGGTAGTTTGTACTGAGGTAACATACCTACATCCACAAAGGTAGCCAGTAGGCTTTGACATTGAGTCCTCAGAGCTTTTAAGCTAGGTACTAGCTCCCTAAATACAGGAAATTCATCGCGATTCAGTAACTGTTTATTCATCACAGGACTGAAAATCTCTGATACAAAAGAAGGTAATTTTTCCCCTTCTGGATGCTTTTGTAACCACGAGGAGCAAAACTGTGAAACAATAATGCCTGCCAACATACGTGGAGTTGAGAATGGCAGCTCTAAACAACGAACCAGAACGTTTGTGAAGAAGGATTGAAGCGTGGAATCTTGAAACATTGACAATGTCAAAGCAAATGCCTTTGCTCCCATTATTCTAGTGTTCAATATTACGTCCAATCCTAGCAAAGTAATATCTCCAGCAATCATAGGTGCATCGATATTGATATGTTCATTATTTTTTGGTATTGGAATGTCAGAATCTGTTGTGGTTTCAGATATAGAACGTTTTTTTTCTGGATGTAATTGATAGTGCTGGGAAGGCTTTAGAATATATTGTGATTCCATGGCATAATTCTTTCCCTTTTCCCCTACTGGCGTATTTAGAAGATGTAGTATTGGCTGCAAATGTTTACTGAAAACATGATCTAAAGTTTTTTCGGTATGCTTAACTTTATAATGCTCCAATAACGCAACATAAACATCAAAAGACAGTTGCAATAGTTCCGGGTTTTGCTCCAGTAAAATATTCTGAAAAACTAGACGGAATACCTTGCCGTTTAACCAGTTTTTAGTAGAATCATCCTTTATTGATAAGAATGCAATCAGTAGATTCAAAACAGCCCTCCTCACAGAAGAAATCGAATGGCGTAAAAAGGGATACAATTTCGGTACCAGTGACTTGAATGACCACTCTGAAGGATGCTCTAAAGCCTTGTTCTTTAAAATATCTAGTACTTCTTGGTGGTCGCACAACTTTGCCAATAGATCCATTATAGAACCTACGCTTGAAGATATATCATCATCTAAACGAGCTAGTAATGACCATATCGTGGTCACCAAAATTTCTATGGTAGAGTTGTTTAATTTGACAAATTCGCTGGTTATTGGGGTTAAAATTGAGGCTGCTACGCTTTGAACGTCATCATCACTTTGGTTTAAACCATATAGCACTATACGGACAACGTTTTCTAAAAGGCCATGGGCAAATAGGAAATTTGTCTTTATGCTGACGAAGTAACGAATCCCTAAAAGCCCTCCATGGGTAGCTTCCCATATTTTGTTCGGTAGACCTGTTTGTAGTGGATCTTGTAGAACCAGTTGTTCTAAACAATTAAATATTTTAATTGATAAGGTACTGTCTAGGTGAATTAATAACGCAGCTAGAGTTTGCGCAACTGACTCTCGTACAGGGGCCACAACTGTATCATAAACATAATCACCAAATCTATCCAATGCAAATACTGTAAGTAGACGGGACGCCAAGTCTTCTAAGCTTCTAGAATTCCTCAGGTTGTTCTCCTCTCGGGTATTCCCCTTAACCCTGCTGACTCCATAAGCATGTTTTTTTACCAATTCTCGAAGACCCAACGCAGCTCCATGCCTTATTTCCCAATTTTCGCTCATTAGATTATCTAAAAGTAGTTCATAAATGCCTTGGAATTGCCAAACTAGGCCAGCAACAATTTCGTGTTGTTCTAGCAATGGCCTTACTGTGGATTCTATCATTAGTTTACTTTCATCGGCTTGTTCAGTAATCTCCAGTTTGGGATTTAGCTGGTTACTGGTGGGAGAAGTGGCTAGCGATGCAGCAGAATTGGTCATATTTTTTCCATTTAATAAAGTCTTGGAAACTGAACTTTCCGTTATATCTACAGGATGTTTGGGAGTATTCTTAGCACTCATTTTCTTTTTTCGCCTTGCCATAGCAAGCATCCTTGCTGACTTCTTGTTAGCATTACTTTTATTTTCATTCGCCTTATCAGACGCATTTAGCATAGATGTTTCCTGTTTTATATCATCAGTTTTAGCTTGTTTTCTTATATTATCGTCAGCCTTACCAAGAACATTGTAATCATTCATACTCGACGCCAGGAGCACTTTACCTGACTTTAAAATTTCGTTCAATTTCCAATCAGACAGAGAACTGAGGTGATGGTCCTCCTGTAAGAGATTCAACTGATTGTTCTGAGTAGCCTCTTCCAATTTTATTTTCATTTCATGTTCCAACTTCACCTGAGCATTATCCAATGGAGAACCTTCATTTGTACCACCTACCAAGTCAGATTCATTCGGATCCCAAGAAGGAGCATGGGCAACTATGCCACCCACAGCTCTTGCTGCAGTAACACGCGTTTCCCATTTCTTCACTAGTAAAAAGGGGTAAACTCTGGACAGCAACGAAAGAATGTCTTCGGGGTGCTGTTTGGCCAAGTCTCCCATTTGATCGGCAGCCATGTTCCGGACTACTTGGGTGGAACCGGTCTCTATTAATATTACCTGCCGGTCCAGCCTCGAAACTCGTGACGTCATTTGAGGTGCTGTGTGTGTTGTGATACTTTTGTTCGTTAATATTGGAATACGATCGCTACTTATATTTTATGTTCTGAAGGACTCTAAAAGCAAATCAAAATAACCGCCGAGCTGTGTGTTCAGAGCTATAATAGCAGAATGGTGGTTTTTTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:404381-408954

TCTTTGCGCCTGGGGCCCGCCGTCCAACGTGCGGGTACCGTACCCTGCAGTGTTGCAATCGTGTACTTGCCTTATAGTGTCAGCTATTGATCAAGGCCACATGCAAAATAGGGAAGGGGGGCATTGGCACAAAAGAGTGGTTAGACGCTCACAGGGGTGACTACGGTTACAAGTCTAAATATTTTAAGCCCATCATTACCGGCAATGCCCTCTGTACAGGAGTTATAAGAAAGATTATTCAATTTCGCGCTTGCATTATGAAAGAGGTTGCATTCTTCAATATCAGGTGAAATGTGTCTTGCCTAGACAATCTAAAAAAGGCTGCACACCCATGCATCATTCTAAAAAAATTATTTTTTTTCTTTTCATTTACTTTTCGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCAGTTCGATTTCTTGGTCGGACGCGATGGCAAATTTTTCATCGAGAGATTATCGTTATAAAGGCCTGTTGATTTTCAAAGAGATAGAAATCTTCTCTTTTAAGTATTCTTTTTTTAATTAATAAAAACACAAGAAAACTAATACAGCAACAGAAATACAAAAGTATACAACATGCCAAGTACGTCGTTAATCTTCTCCTTTTAAGGGGTTGAGAATATTTTTATTAAAAAATCATACTTGCTATGATTTTGAGGATCGGGTCCTCATAAATATTTTGAAGAGCCTTTGTTGAATTTTTTTCTTTTCGTTTTGTTCAATAATGGACGGTTCTTCATAGAATACTTTTTTTTTCGGAGAAAACCTTTACACTGAACTCCCGACACTTCAGGTAAAGCGTTCCGAAGTAATTCAACATTAGAAGAGGAACATTTCCCCAGTTCTGATTATGTCTGTTGAAGATAACTCAAGTATTCTAGGCTTAATACAGAAATGTGTTAGGTTTGAGAACTCCATCATGGATTATGCATATTCGTCAGTGACGTGCACAATTCTTTTGAAGATAGGAAGAACAAAACTTCAATAATTGCTTTAATAATATTTATGTAGTGATCTTGATCCTCGCATTCGTTTGAAAAAGAGAGCGCTCACTAACAATGGTTGTAATTATCTTGTAAAACAGGAGCCCCAAGAACATATTCCAAGACTTACTCTACCCCAAAGAGACCTTACGAATCTTCTCGTTTGGACGCAGAATTGAAGTTGGCCGGTGAATTCGGTTTGAAGAACAAGAAGGAAATTTACAGAATTTCCTTCCAGTTATCTAAGATTCGTCGTGCTGCAAGAGACTTGTTGACAAGAGACGAAAAGGACCCAAAGAGATTGTTCGAAGGTAATGCTTTGATTAGGAGACTAGTTAGAGTCGGTGTTTTATCCGAAGATAAGAAGAAGTTAGATTATGTTTTAGCCTTGAAGGTCGAAGATTTCTTGGAAAGAAGATTGCAAACTCAAGTCTACAAGCTAGGTTTAGCCAAGTCTGTCCACCATGCAAGAGTTTTAATCACTCAAAGGCACATTGCTGTTGGTAAGCAAATTGTCAACATCCCCTCTTTCATGGTCAGATTGGACTCTGAGAAGCACATTGACTTTGCTCCAACATCTCCATTCGGTGGTGCTAGACCAGGCAGAGTTGCTAGAAGAAATGCTGCAAGGAAGGCGGAAGCTTCTGGTGAAGCTGCTGATGAAGCTGATGAGGCCGATGAAGAATAATTGTGCTGATTTTTATTTCTTAATTACGTGTTGAAATCACGATACTGGCATCCGATAGGGGAGTTGTATTCACAATACTATCGATTTTGTAAAATAGGACGAAGAACTTTTTATATACGAGCATTTCCTAATTAGTAGGAAGCGGAAAATAATAATATAAGAAAGTAAACGCAAAAGATAGGCTGACTGCCTTCATTCGACTAGGAGGTGAGGCGACATATTTGTCACCATTCAAGTTACCGAGATGGTAGAGAGGTGGATGGCTCGGGTGAGCTTGATTGTACACTGCAGCAACGATGCTTTTTCTACCCATTTTATGAAGTTTAACATCCGTACCTTTCCACCTCCAAACATTTTTTGTAACTTCGTCCTTTGAAAAATCAAGAAGTAATAGGTGTGCAGTATAGGGCCGCTTGAGCGCGCAATATCGGTGAGTGAGGTAAGATCCATCCATACCTTAGCAAATATGGTAGTGAGGAGGCCAACTGTATTGCGTTAAAGGCAAAAGGATTGGTATATACGAATGATTGGTAATTTGAAAAGTAGGTTTCGAATCAAAGAAACTGAGACAGTCAAGGACACTAAACAAAAATGGGTAAATCGTATGTCCATATAACTTCAAAATGAAAATATAGCAGTTGAAACATATCAATTAAATCATTATACATCTCCAATAAACATGTATGCAAGAGGAAAGCGTAAATATCTTCGATTTCGACAATACTTTGCTACTGAACTAAAAATGAAAATGAAGTTGAATTCTCAAAGGAATGTGATGCAAGTTCGTTAATTAATATGGTTTTTAGTGGAATTATCATAGTTTGTGATAGATACACACGAGGAGTAGTGAGCAAAGCAAGTGCAACAGCAATGATATGTTAGCAGGAAATAATATTATAAATTGGATATTGTGTGTTTTTTTGATATATGTTTGTCGAAGCTAATACAGAATGATTACTAACTGGAATTTAAAAGCACAATCATGCTCTTGGATGATTGATCTATTAAAAAATTATAAAACAGACATGGTTACAGATCTCGTACACGTTACATGTTCCAACGTGACTTCAGAAAGCATGGTGCCGTTCACATGTCCACCTACTTGAAGATCTACAAGGTTGGTGACATTGTCGACATCAAAGCCAATGGTTCTATCCAAAAGGGTATGCCACACAAGTTCTACCAAGGTAAGACCGGTGTCGTCTACAACGTTACCAAGTCTTCTGTTGGTGTTATCATCAACAAGATGGTCGGTAACAGATACTTGGAAAAGAGATTGAACTTGAGAGTTGAACACATCAAGCACTCTAAATGTAGACAAGAATTTTTGGAAAGAGTTAAGGCCAATGCTGCTAAGCGTGCTGAAGCCAAGGCCCAAGGTGTTGCTGTCCAATTGAAGAGACAACCAGCTCAACCAAGAGAATCCCGTATTGTCTCTACTGAAGGTAACGTTCCTCAAACTTTAGCTCCAGTTCCATACGAAACCTTCATTTAATCTACCTCGTTTGGTATATTTATCGAAGTTATCACATTCCTATATATTGTATCCTTTACATAAGAATTGCGTATAGATAGATACTATAACAATTTACATGATATTATTTGATTAAGGTGCATATTACCATCTTCTCAGCAGGTATTCAAACATATCTGCCAATGTATGACCTTGACATATGTGAAGAGATTACTGTGGAGAAGAATAGATGTAGCATTGTGCGCACTTATTAAATCTACTACTTAAAAAAATGTGTGAAGTATAAAGTGAATCTAAGAATATTTGTAGTATTTAAAACATCAATGTCTGTACAAGAAGAGATATATAACCTGAGCATCCTTTTTCAGATAGTGCACTTCATCGTTATCAAACTGAACTCATAAGGCGCCATTTTTTTAATTTTTTGCCTTTCCGTATTGTTTTTCTTTTCCTTTCCTTTTCTTTCATTCTTGTCGCAGTTACTGTTGTGATTACTTCAATTTAGAAAGCAATTGTTCAATTTCAGATATAGACTGTTGCAAAACTTTCTCTTGGAATTTTGGATTACCCAATTCTGACTGAACTCTGGAGATGACAGATTTTGCTAGTTGCCTTTGTTCCAATTGACGCAAGGAAGCTTCATATCTAACCCACGAATCTAAGACTGCCTTTGCTTCGTGAGCTAATTCTACCTTTTGTTTCAATTCAAAGGCTTCGCTTTCAAGTTCAACAGTTTCCTTGGAAACATCAAACAAAACCTTTGTAGTTTCAGCAACATTTTGTAGTTGAGAGACAGAGTCGATTCTATCTTTAACAGCTTCGACATGCTTGTTTCTCGAGGCATTTAAAACGTCGGAGACTTTCTTCATTCTTGCATCGGCAAAATCTTTATATGCTGGCGCCAAATACTTTGCCACTAAACCAGTGAAACCCAAAAAAGTCAGCAATAAAATACTTTCATCGTTGATAACGTACAATTCATTGGAAATGGCATAAATGACAGCGGCAGCAGAAGTCCCCAAAACCCCCGTCTTTGTCAAAATATTATTACCTGGAATGGCATTGATGATAGAGTTAGCCTTTGCTTTTGGATCTGTCTGTTTTTCTGGAGTGGAAGACATATAACGGGCTCCAATCACCATCGAAGGACAACGAACACCTTGGCTAAATAATGTTTTAGAAACGGACCTTAACGCTAGGCCACGGACACCCATACTCATGCTCATTTTATCTCTTGCGCACTTAGGAGGTACTGAATTCTCGTCAGTCTTTTAATAAAATATAACCCTTCCTAGCACAGTATAAACTTGTCAACATAAACTGCTAACTGCAATTATAATCCCTTGCTATTTTAATTACCCAAACCTGTGGTGAAGGTCCGAATGAGCGGTGAAGAGAAAAAGCGTCGTGATTGGTTCAATATTGATGTCGATTAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:409016-420526

CTGAATTATATTTATCTTTTATCTACGTATGTGCCATTGTCACAGCACATTTCTAATTCTGTGTGAGGAACTAATTTAGCCATGGACAGTTTCTCATGCGTGGAAGACCTGTTATGCTGTATAGTACTGCGCCGCGTTAAAAAATATTCATGCTTGTAGAGTAGAATATTCCTATCTTTACCGGACCGTATTTCATCTGGGAGTTGCAGTTGCGTCACAACACAGTTTATGGCTATTTTATTTTGAAAATTAAGCATATATGACATAATTAGAGCACTCCTATGTGGGAATTCTTACACTTTTAATGTAGAATCTCTTGGTGATTGTTACTATCAGTTGTGTTTTGGCCCTACTATTGTAATTCCCTTATAGTGTTCACCAGCTCTTGAATGTACTTTCCTTCTTCAGGATCAACGGTTGGTCCATTTGGATTTCTAATTGCGCTGCTACTATGCATGTTGTTGCTTGTAGCTTCATCTCCGACGGATTTTCCTGTTGGTGATGGCGTTCTAGTCATCATGGCAGCAGCGGTTGCGACCGCCACTTCACGACGTTGTTCCTCTTCTATTTTAGCATTGCGGTCCCTCAAGACTTGAAGTAGTTTACTATGTGCTTGCCTTAATTGCATCAGTTTGTTCTCGAACCCTGGAGGAAACTGATCATACAATTCTGTTGCCTGCGCCTGTCTTTTAACGTCATCTAGGGCATCTATTTCTCTCCACAAATAGTCTTGTCTGTCGATTATAGGCCGTACTTCCAGTCTGTTATGTGTCTGTAGCGGTATATCTACGCTATTTCTCCGGAATTTGGCAACTCCGTTATAGCTAACACTATCGGTATCTATTGTGTCATTACCAACTGTGTTAGCACTTGAACGGTTATAATAGTTATTGAATAGACTCCTTGTCGAAGGAATTTGGGAAGAATAAGATGGCCTAAATCCTGAATTTCTAATATAGGGATTTACATTTGGTATTGTCCTGGGAAGGTCATGGATGCTGTCCTCCCCATACCGTTCATCGTCTTCATTCGTGATTTGCCTTCGTACTGAGCTTTTTTTCTGGAGATCTTTCATGAAGATAGTGAATTGTAAATTTTTGGTTAGGTTTTTCAAAAACAATGTCAATTACATGTCAGCGAAGGCCAGGTAGTAGGTGTCCGTGGCTATTGATTATCTTGATATCCGAACTTGAGACCACTTCGCGGCTACTAAATTTATGAACTAAAAATGAAAATTTCAACTTTCCATTACCTCTTCGCTTTAAACCAATTTAAAGGTACAATCACACTTTAAGTATTGTTGTTAGACGGTGGTGAATATAATCAGAGGCATCCAAACTTTCTGTTGCAGGTCCATTATCCTCTCAATTTTCGTATGACCTTAAAGAGACTTCATAGTTTATATTTGGTTATTTTCAATAGGTACAATGACAAGATCTCCCTGGAAGCGCCTACTATGGTTGAAACAGGAGTACCCAGATAATTATACAGATCCAAGTTTTATTGAGTTGAGAGCAAGACAAAAGGCTGAGAGTAACCAGAAGTCTGATAGAAAATTATCAGAAGCTGCTCGCGCTCAAATTAGGTTGGATTTTATAAGTTTCTACCAAACCATATTGAACACTTCTTTCATTTACATCACTTTTACATATATTTACTATTATGGCTTCGATCCTATTCCGCCAACTATTTTCCTTTCATTTATAACATTGATTATATCAAGGACGAAAGTCGACCCTCTATTGTCCTCATTCATGGACGTAAAGTCTTCGCTGATTATCACATTTGCAATGTTGACTCTCTCTCCAGTCCTCAAATCTCTTTCTAAAACAACTGCATCTGATTCCATATGGACATTGTCTTTTTGGCTGACCCTATGGTACATTTTCGTTATTTCGTCAACAAAGTCCAAAGATAAACCCTCTAACCTTTCCACCAATATACTTGTCGCCCTTGTTGCTGTCCTATCATCGAGGCTTTCGACCACAATCGACGTATTCTGTTTTCTTTTAATTTGTATTCAGTTGAATATCATTCTACCCACTTATTTATCGGTGACGAATAAGGTAGTACCAATAATTTCAAATATTATTGTATACTCATTTTTGAATGTTGCTCTAGGTTGGATTTATATGCTGTTGATTTTCTTTGCTTCAGTATTTTATATTACTGTTTTACCTAAGTGGTTCATCTACTGGAAAATCAATTATCATAAACGGGATAACGATCTACTAAGTACATGGGATGCAAGAACACCAATATTGGATTAGCGCAATCAAGAACATGATTTCCTTCGGATAAGCAAGGGAGGGGTACGACTTCTGCCCGCAGGGGCTTATTGCCTGTCCTCTTCCTCGACCCCACGGTATTTCATTATATATAGAGTCACTGTAATAATAATTATCATGAAACCTGACAAGCAAAGGCGTCGGGCAATTACCAAAGGGCAGTTCGGTCGATTAAGTTTGCTTCACTACAGATTATTCACATATCATACGACAACTTTAAAATTGAACATTCAGGAGATTTTTGAATGCATTGATGGGCCCTTGCACCTTAACCGGGTCCCAATATTAGAGAAACGCCCCCTTAAACTGAACACAAGACAATACTACCTGGCCAATAGGGTACAATTTGCGGCCGTGTTAAACAGGCGTTTCAGCGTCTACCGCTCCTAATTTAAAGTCACTTGTTTCTTGGTAGCAGCAGCTTCCTGTTTTCTTCTTTTTGGCACTTGGTTATGTGATAATATCACCCGGATGAGAAACCTTTAAAATAAGCGTTTGGGAGGGGAAAAAGTGCAGTAACTGTCACAAATTTAACAAACAATTTGTTCACAAGTTTTGCCTTATCGTTCATCACATGTTATTTTTTTCAATCTAGCCAAAGTATCTAAAGAAGAATTTTCGTCTCTCTTGTGCCTTCTCATAATGTTCAATTAAGATGCAGACGGCTTTGACATGTCATTAATTTACTGAATTTCTGACACTTCCCCACGATATTTATCATTTTTTACGTAATTAAGATTTAAACTCCGTACACCCGGCTTCCACAAATGTAGAATTTTCCGGAGCTTCGAACTTCTTGTTTCACGAATTAAAAGCATCCAACGTAGAACCACCCAACTCATCTTCCTAATGCTGAAGCTTCATCGGTAAACAAACCACAGTTAATAGCGAGAAAGTCGGCAAGTGACAAACGACGGTTATATTTAATTGGCCTTTGATATATATTGAAAATGGTATGGTATGATCATAACACGCATTCTGAAAATGTTATCTGGGAGGTTTTCGATGGGTATGGAGTTTTCCTTGATTCTCACTTATTATCCCTTGTATTGTAATTGATCCTTCAGTAATATTTGCAGCCTTTCACAACTATCCTTTTTTTCATTGCTTATTACTATTGAACCTTTTTTAGGAGTTGCCTGCTTATGCAATATAATTTGCTGACAAGTAGTAAATTACCAGCACAATATTAAGATTAAAAAAGAAATTAGCCAAGAGCTTGATATATTATCTTATACACAAACCTTTCCGACCTACTTGATAAAGCCACATACCTCTACCTCTTCTATTAGAAATAGAAAAGTACAAAAATAGCAAAAGGAAATAATTTCTTTAAAATAACATTGTGTGAGGTTCCAACTATGGATTATTAATAGAGTAACGCAAACTTAAGGAAAGGAAGTGCTTTACAATTAAGTATTTATAAGAACGAATTTATCCCCCAAAAAAAAGCACCTATACTTAATAAAAGGAGGGGAATAGCTATCAATTGAGTGTTGTCTGCGTCTGTCTGCGTACAAGAGGATGAATTTTCTGACTCAGGCTATGTCAGAAACTTTTCAAGGGACAAATAACAGGATAAAACGTAATGTCAGGACACAAAGTGTGCCATCAACTTCCTATAATAATGGCAAAGAATCATATGGACCAAATACTAACCAATTAAATGCCCTACTTTCTCAATTGGAACAGCAAACAAGTGTTGATAGTACCAGCACGAGCTCAAACTTTTATTCCATTGCACAATATATTTTACAATCATACTTCAAGGTCAATGTAGATTCTCTAAACTCTCTGAAATTGGTGGATTTGATAGTGGACCAAACTTACCCTGATTCTTTGACGCTGCGAAAGCTGAATGAAGGAGCAACGGGACAACCATACGATTATTTCAATACAGTTTCTCGTGATGCTGATATCTCCAAGTGTCCAATTTTTGCGTTGACCATATTTTTTGTTATACGATGGAGCCACCCAAACCCTCCAATTTCAATTGAGAATTTTACTACAGTACCGTTGCTAGATTCAAACTTTATTTCTCTAAATTCCAATCCTTTACTATATATTCAAAATCAAAACCCAAACAGCAATTCAAGTGTTAAAGTTTCAAGGTCACAAACGTTTGAACCTTCTAAAGAGTTGATCGATTTGGTATTTCCATGGCTGTCTTATTTGAAGCAGGATATGCTTCTTATTGATAGGACGAATTACAAGCTTTATTCTCTCTGTGAACTATTTGAATTTATGGGCAGGGTTGCCATTCAGGATCTCCGATATCTGAGTCAACATCCCTTATTACTACCCAATATCGTAACATTCATTTCAAAATTTATTCCTGAGTTATTCCAAAACGAAGAGTTTAAAGGAATCGGTTCAATTAAAAATTCAAACAATAATGCCCTGAACAATGTTACAGGAATAGAAACCCAATTTTTAAATCCATCTACCGAGGAAGTGAGTCAAAAAGTTGATTCTTACTTTATGGAATTATCAAAAAAATTAACTACAGAAAATATCAGGTTAAGTCAAGAAATAACACAACTAAAAGCAGATATGAACTCCGTAGGCAATGTTTGTAACCAAATTTTGCTGTTGCAGAGACAATTGCTTTCAGGAAATCAGGCGATCGGATCAAAGTCCGAAAATATTGTGTCTTCCACAGGTGGGGGGATATTAATACTAGATAAAAATAGCATCAATTCGAACGTACTGAGTAATTTGGTTCAGTCGATAGATCCTAATCACTCCAAGCCCAACGGACAAGCCCAAACACATCAAAGGGGTCCGAAAGGACAATCACATGCACAGGTTCAAAGTACTAATAGCCCTGCGCTAGCGCCAATTAACATGTTCCCGAGCTTAAGTAATTCTATACAGCCGATGCTTGGCACCTTGGCTCCGCAACCGCAAGATATAGTACAGAAGAGGAAGCTACCGTTACCAGGTTCAATAGCCTCTGCAGCAACAGGCAGTCCTTTTTCTCCATCACCCGTTGGTGAGTCTCCCTATAGCAAACGCTTTAAACTAGACGATAAACCAACTCCGTCTCAGACGGCTCTTGATTCCTTACTTACAAAATCCATTTCAAGCCCTAGATTACCCCTTTCGACGTTGGCTAACACAGCTGTCACGGAATCTTTTCGCTCACCTCAGCAGTTTCAGCATTCTCCAGATTTTGTAGTTGGTGGTAGCTCAAGTTCAACAACGGAAAATAACTCTAAGAAGGTAAATGAAGATTCTCCATCATCTTCTTCAAAACTAGCTGAACGACCTCGTCTTCCAAACAACGACTCCACTACTAGCATGCCTGAAAGTCCCACCGAGGTAGCTGGTGATGATGTTGATAGGGAGAAACCGCCAGAGTCAAGTAAGTCGGAGCCCAATGATAACAGCCCAGAATCGAAAGATCCTGAGAAAAATGGTAAAAACAGTAATCCGCTTGGTACGGATGCTGACAAACCAGTACCAATTTCTAATATTCATAATTCTACTGAGGCTGCAAATTCAAGTGGTACAGTGACAAAGACAGCTCCATCATTTCCGCAGAGTTCTTCTAAGTTTGAAATTATAAATAAAAAGGATACGAAGGCGGGGCCAAACGAGGCAATCAAATACAAGCTGTCCAGAGAAAATAAAACAATATGGGACCTATATGCGGAGTGGTATATTGGTCTGAACGGTAAATCTTCAATAAAAAAATTGATTGAAAATTATGGCTGGCGAAGGTGGAAGGTTAGCGAAGATTCACATTTTTTTCCTACTAGAAGAATTATTATGGATTATATTGAAACGGAATGTGATCGTGGCATAAAACTCGGCAGGTTTACTAATCCTCAACAACCGAGGGAGGATATACGGAAGATTTTAGTAGGGGACCTAGAAAAGTTCAGGATAAATAACGGTCTGACTCTGAATTCTCTATCATTGTACTTTAGAAATTTAACGAAAAATAACAAGGAAATTTGTATTTTTGAAAACTTTAAAAATTGGAACGTTAGATCAATGACAGAAGAAGAGAAATTAAAGTATTGCAAAAGGCGACATAATACACCATCTTAAGTTTATTGAGGTTGTCCGCGACAATAGTTCCTTCAACAAAATAACGAAGCGACGATAACGAGAAATGTCATTAGGTTATTACTACCTTTATAGAAAATATATATACTTATTTAATATTTATATAGATTTATGTGTGTACATACCTATGCGGATGTATGCCTATGTGGGAATTCCTAAATGTCTTTCCATCAACGACTAAATATATATTCTCATGACTGACTATATGGGTTACGAAAACTTAATTTTTTTGTCAAAGACCCTGGCGAATTGAGAAAACCCGCTGGATAGATGGGCTATCCGAAATTTTGAAAGATGGAAAAAACATTAATCTCATTAGCAAAAGAGGTAAGACCCTGGGTGAAGAAAAGTCCGAGGAGGGAACACAAAAAAGTCTAGGATAATGGCACATGAAAAGTTTAGTATACCTGAGAACTTCACATTAGCGCAGTCTTTGCAATTGCTTTACTCTGTTGTCAAAAATCAATATAAAAACCTAGCAGACCTAATAATCAATAGCAAAGGTAATAAGGACACAGTAACGTATGGGAAAATCCACAAAAACTTAGACACTTTACTGGTATACGTCAATGAAGGTCTACGAAAAATTGAAAAGACTTATACCTTAAAGAAAGGGTTAGGAAATCTTGTAGTTGATCATCCTGAATTGAGGAGCATCATTGAGGATTTCCAAATTCTTGGCCAGGATATAAGGATCGCACGTCGTAAAGCAGAAACGCTTATGGCCGAAGGAAACGGTAGTCCCTCTTTGTCATCCTCCTCTTCCGTTTTGGGCCTTGGGACAGGAAATGGTTTGCGTTTTCCAAAACTTTGGAGAATGGGTTCCAAAAGAGATAAATTGAAAGAAGCTGACGAAAAGGAGGCTAAAATCAACAAACAGGCTGATAATATCAGACGTGCTAGGAAATTAGAAGAAGAGAAAAAGTTAGGAGCAAAACTTCAGTATGAGAGGGACTTAGAACTTCAAAGGGAAAAATTGATCGAGTTAAAGGTTAAAGAAAAGGTCGAATTTGAAGTGGCCCAAAAGTTGGAGGAGGAGAGAGTTAAGAGAGAGGAAGAAGAACGCAAACATAGAGAACAAGCGGAGAAAAAACGTATATCAACCCTGAAACATGAGAGGAAAACAAATTACAAATCAAGGGCTAGCCTCGACAACTTCTCTTCCAGTAGCAAATCTTCTGGAAAGATTGACAACTCCCTAATTAAAAGAAGATCACTTGACGTTGTACGGACTTCAGGCGAAAGAGTACGAACGCCAGTAAGAAAATCAATGGAGGCAGCAGAAATAGGTATGGCTGCGCAGTTAGCCTGGTCTCAGTATCAAAACGGGGCAAATCATTCAAAAGTGAGTAACAACGGATCGCATTCAAATGAACTTCAGATACGTTATAAGCCAACACCACCTTTGAAAAAAAGGTATGACTACAAAAAGCCAACAGTTAATCGACCGATTATAAAATCACCTACTCTTAACAGGCAAAACAGCAAGTCTTCACGGAATATACCCACAAATAGCAAGCTGAAGGCTAGTAAATCCAATACTAACAAAGTTTCTCGTAGGAATGAGCAAAATTTGGAGCCTAGTTCACCAGTACTCGTTTCAGCGACAGCGGTACCTGCTGAATCCAAACCCATGCGTTCTAAAAGTGGTACACCCGATAAGGAAAGCTCTGCTAGTTCATCCCTCGATTCCAGAAAGGAGGATATATTAAAATCAGTGCAGGGAGTAGATCGAAACGCTTGTGAACAGATACTTAATGAAATTCTTGTTACGGATGAAAAAGTTTATTGGGAGGATATCGCAGGCTTACGGAATGCGAAGAATTCTTTGAAAGAAGCAGTGGTTTACCCATTTCTGCGGCCTGACTTATTCAAAGGGCTAAGAGAACCTGTTAGAGGTATGCTTTTGTTCGGCCCACCAGGTACAGGTAAGACAATGATTGCTAAGGCGGTTGCGACAGAGTCCAATTCCACATTTTTTAGTGTAAGTGCATCTTCTTTGCTATCGAAATACCTCGGTGAATCTGAGAAGCTGGTTAGAGCATTGTTTTACATGGCCAAAAAATTGTCACCCTCAATTATTTTCATAGATGAGATTGACTCTATGTTAACAGCTCGCTCTGATAATGAAAATGAGTCCTCGAGGAGAATTAAAACAGAACTTCTTATTCAGTGGTCCTCCCTATCTAGTGCTACTGCACAATCGGAAGACCGAAATAATACGCTTGACAGCAGAGTACTTGTCTTAGGAGCAACGAATTTGCCATGGGCGATTGATGATGCAGCAAGAAGACGATTTTCACGGAAACTATACATTCCTTTACCAGATTATGAAACTAGACTATATCATTTGAAGAGATTAATGGCCAAGCAGAAAAATAGCCTGCAAGATTTAGACTATGAATTAATAACAGAAATGACCGAGGGGTTTTCTGGTTCTGATCTTACGTCATTAGCCAAAGAAGCGGCAATGGAACCTATTAGAGATTTAGGAGATAAGTTGATGTTTGCGGATTTTGATAAAATCAGAGGAATTGAAATAAAAGATTTTCAGAATGCTCTGTTGACAATAAAAAAGAGCGTGTCGTCAGAATCTCTACAAAAATATGAGGAGTGGTCTAGTAAATTCGGTAGTAATGGTTCCTGAACGAGAGGGAGCGTCTTAATGGCAAAGAAAGGTATGAGAAGGAATTTTCCCCTTTCAACTTCTTGCTTCTGATCTAATTTTATTACCTATGTACTTTCTATGTATTATCAAAGAAAAACTAACTTCGGTTCCCTTATGATTTGATATTTTTCTTTCTTATTTACAATTAGTTTTCTCAGAACGATATTCAATACAGTTCTCCGGATTTTTGCTTACTATATTGGCCCCAAAAAAATGAAATAAAAAAAGAAAACAAAATAATATACTTGGGTGAAATAAAAAAAATAAATCAATAGCACCCAGTTAACCTAGATTCAAAGTTTCTTCTTCAATCTCAATTTATATACACGTTTGAGTTAATGGGAAAGCAAAGTCCAGCTATAAAACACTTGACCGTTAGCGCCATACCCTCCAACAACTAATTGGACCTTCTCCTTCTGCCCAAACAGTATATGCAAGGTACAGCAGTTACTACAAGCACAATATGTCTTGGATAAAAAATGTAACAGAATCTCCGACTTCACTGATTAAAAAAGTTTCATGTGGTTTGATAATTGCTGCTTCTCTATATGCCATTGCACCCAGCCTAAGTGCGCTAGTCTTTGGGGATTCTAAGCAGAGTATTGGGAAGTACACGACAGTGGGCTTAATTAATCGTGGGAATGATTGCTTCATAACATCATCTTTGCAAGGCCTGGCTGGAATACCTCGATTTGTAGAATATTTGAAACGGATAAGAACGGTCCTTCTAGAATTAGAAACTAAGCTGTCAAATAATGCAAAAGGCGACAATCCTACAGTTGATAACACTACAAGGCATAGTCGACTTGAAAACTCGTCTAATTCACTTGCCCCCTTACACGAAAGTCTTACCAGTTTAATTTTGGATTTGATATCTGTAAAAGATCGTAAGACGTCAATTTCTCCGAAAATAGTGATAAACACATTAGAGTCCATCTTTAAATCAAAGATCTCATCCAAACAAAATGATGCACATGAATTTACATTAATATTACTACAAACATTACAGGAAGAACGATCAAAATTGATCGATTACAGTAAACAGATATGTAATTTGAATATACCAAAGTTTCCATTTGAGGGCGAGACTTCCAAGTTTCTAGTATGCCTTAAATGCAAGGGTCTATCAGAACCATCATACAAACAGACTTTCATCCGCGAACTGTCCGTACCACAACAAACATCAGAGAATCTATCCAATATTCTAGCACACGATGAAACAGAAATCATAGACGACTATTCATGCCTGATCTGCCAAATAAGAGCAATCTTAAACCATGAAGAATATAGAAATTTCAAGGACTGTACCCCGGATGAAATTTTAATGTTGGACAGATTGAAAAATTATGCCACTAAAGCCCCAATTAACGAAAATTTACCATTCGAAGTAGAACAGTACGTCAAGCGTTACTCAAAGGGCAATTTGCAGGTATCTAATATAAAGGGAAAGGTCATCAAAAAAGATGTAGTAGTACAACTGCCAGACATATTAATTGTTCACTTATCGAGATCCACATTCAATGGTATTACATATTCTAGAAATCCCTGCAATGTCAAATTTGGAGAAAGAATAACACTTTCTGAATATACATTGGCTGAGAGTGGGACAATAACAGAAAACAGGCAAGTCAAATATAATTTGAAAAGTGTTGTGAAACACACCGGTTCTCATTCGAGTGGACACTATATGTGTTACAGACGCAAGACTGAAATTCGTTTCGGGAAGGAGGATGAATCTTCCTTCAGAAGAGCACCAGTTGTCAACAATGAAGTTAACAAGAATCGCGAGCAAAACGTTGCACATAATGATTACAAAAAAAGCAGATATAAAAAAGTCAAAAACGCCCTGCGGTATCCTTATTGGCAAATATCTGATACCGCCATAAAGGAATCTACCGCTTCAACTGTCTTGAATGAACAGAAATATGCTTATATGCTATACTACGAACGTGTAAATAAATAACCGCCCTGTACATAGGTATATTATAATAATAGTAAGTTACGCATCCATATCCACATCAGTATCCACTGCCATCATTTCAACATCGGTATCAGCCTCTCCATCATAAGTGTATTTCGAAGTCATTTGATTATGGAACCACTTCCACCAGCTTAGATAAGCAATTTCCTTATAATCTACCCATTTTATTATTTGTAGCCTTTTTTCTCTCAAACGTTCCCATATTTTGTCATAAAACAAGTCATTGTCGCCGCGTTTACTTGTGGAACACTTGATGATCTCTTTCAGGACCTTATCATCAATAGCGTCTGTGAATACTATATTGTTATGAATAAGATTGTTATCATCTGCATGTCCGTTCTTGGGCCCTTTATCATTTAAGGATAAATTCTCTAAATCTATAATTAGTCTTTTTCTTTTATAATTATCAATTCCTATTGGGTCTGGAGAATGATTTCTTTTCCTAATGTGGTTGGGATTGCCATTACTTCTTGCAAACCGGGAACTCATGGAATGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:420708-423990

TTGATTTCCAGTAAAGACCCAACCAAACGCATCATTGAAGCAAAAATAGATTAAAACTTACTGTTGTTCGTCTATTGAATTTTGTTCGGATTGGTGTGGTGTTTAATATCTTGGGCAGAAAGAGAATTGGCTTTATAGACACTCATAAAATCATCATTCCCCTTAGAGCAAAAGGTATTTTTAGAAGCCAAGAAGAAGAGCAGATAAAAAAGAAGTACGCCCTCTAACAATAAAAGTCAAATGGCTAGACAATTATTCACTCCTCCGATAACCAATCCAAGGTTTGACCCTAATCAATCCATCAGGGAATCATACAAGAACACAACTGGCGGCATGCAATTTCAACAAAATCTACATGAGGATCAAAATGACAATGAGAGAAGTAGCTGTGATGGTGATGAAAACTCTACAACAGGAGAAAGGCTAGAAAACAATAAGTCTCCTATATTGACAAAACAAGAAATTGACGAAGCGTTGAACACTGTCACCAATTTACCTCCAGAATTATCAAAATTAATTGACATTTTTATTGATGACCTAAAGCAGCCAAAGTACGTACGGCCACTATCAGTACTGCAATTGTCTAGTCTTTTCCAAAGCTTTTACATAAAATTTGATAAAGCATCATTCCAGCACGTCAGTTCAGCGAATAATAATGGCTATTATTTTTCTGGCGGGGGCTCTAGTTCATTCTTGGCTGCCAAAGAAACGTTAAGTAGTGGTCTTAGCGGAATTTTTGGCAGAAGTAGGAGTAGTAGTGGAAATTCACTTATGAGGCCAAGAAGATCTTCATCGCTTTTCAGTAATGAGTCAATATCAAATTCAACTAATGCCACACAAATGTTGTCACCTGAAGAGATAAAAAAGCAATTGAAAATCAACGAATTAAACAACATGAAAATCGAAAAATATATGGAACTTTGTGAAAGAGATGTTTTTAAGAAAATTCTTATAGTAGGCACATCCGTATCTTCACCGAATAAAATGAAAACCTTCAAACCACACCAATTACAAACTTTCAAGGTTGGAAATCTATTTAGAAACAGTGTTGAATTCACAGAATACAATAAGTTGTTGAATGAAAAAATCCTCTGTTTGTCCAAACTCTCAACAATGAATAAAATCAATTTGATAAAGTTTCTGAGTCTTAATAATGGCATTGATCCGGAACCAAAGTTTGAAGAGATCAAAGATATTTTATATGAGTTTACTTATCATTCGATTTCACCATGTGAAAAGATAAAGGCCCTACTGAAACTACATGAAATCATGACATATTCCCAAGAAATGTCTAATGATGATTATCTTTCGTTGCTAATCTACTACATTATTACGATTGTTCCACGGGATATTTTCTTGAATGCCGAATTCATCAGGCTGTTCAGATATAAGAAAAAGCTGGTCGAAACAGAATCCTTTGCATTAACCAATCTAGAAGCTGCATTAGTTTTTGTTGAAGGCTTAACCAAAAATGATTTTTCAAATGAGCTACAAGATAAATTGACTGTAAATGAAAGTAAAATTTTAGAAAATTCAATCAGCAGTAGAGTCTCATTGCCATCAAAAACTGCTATAATGCATAAAAACAACGGTAATAACGGCAGTAACCTAGGTGACATCGTGACTCCTACTATCCAAAGGCCAGATGTTACAAGATCGAATTCGTATGATGGCTTCAGGACCGTTTTTGATTCATCATTAAAAAATATCATCGGAAAAATTAGGTCATATACTCCACCACATCCTAACAATACTAGCAATAATAACCTTCACAGTAGCAACAACTTAAACATACCACGAAGTTCGTCTCAATTATCCATGGAATTGAGCAATAGAGATACAACAGAGATGTCTAGGGATGGCTCACGATCAACTTCATCATCTTCACGATCTTCAGCATCTTTAGAGCACGGAAATCGCGAATTTACCGGCGATTTGACAGTAACCGCTAGCATTAACGGTGCTGATAAAAAGGAGTTTCAGAAATCGTGGAAAAAATATAAAGGCTATAAATTTGAAGATTTGACTATTTGCGAACTAAGAGATCTTTTTGAGATATATCAAAAGATGATGCAATGAAACGTATATATGAAATCGTATGTATAGATGCGAAAGAGGAGGAGAGAAGGCTTTATTTCTGACTATCTTCCTCCACTAATTTGATTGATCAATTTATTTCACAATTCGGATAAGTGGTCTATTATATATAACAATTCGTCATGTAAATTGGTGGCGGTGTCGGAATGCGAAGCCAAATCAGGTAAATACTTATTTTCATTATCATTTTTTATCATATTCACTAATTGATTAATAAAATTTTTGGTGTAGGCCAATGAATTGGTGTCGAATTCCAGTATTTGAATCAGCTTTAGTTTTATATCTTTATCACTTGTCCTCAACAGGAGAATTCTTAGAATTTCATTGTGTTGCTCAGTTTGACCTTTCGTTTTAGTGAAGTTAAGGGCGTGGACGATGGGAAAAGATAACTTCCCCTCTGTAATGTCCTCAGCAAAGCCTTTTTCGCTGGACATTTGGAAATCTTTCAAATTCAAGTAATCATCTCTAATCTGATAAATAATACCCAGAAGATTTATGAAAGGAACCAACGAATGGCCGTGGTGTGAGGAAGGAGACAGCGCTTCCATGAGTCTCAACGTTAATCTGAAAAGGCCGCCTGTTTTATTCATAACCATATTCAAATACATCTCCTGAGTAGGTATGATTTCAGGCAGAAAGTCTCTCCAGTATATATCCAAGCCTTGTCCCCTATGTAGATTGATCAATTCTTCGTTGAAAATCGTAATCAAATTATGATACAAAGGCTCTTTTGTGGTTAGCTGCGATACAAGTTGCATGGCTCTGAAATACATATAATTTGCGGTGTTTATAGTGGAGGGTACACCGAAGATTAAGTGAGAAGTGGTCTGTCCCCTTCTCAAGGGAGCATTATCTTCTATATCGTCGATTAAAAGGCTGGAATTATGCAAGAGCTCAACAATTTGCGAAACTATGGCCAGCTGGTCTTTGGGCAAATTCATAACTCTGTTAATTTGAACTATTAAATTTAGTCTAAAGTTCTTGCCAGGTTTCAAAAGGATGTGATTATAAGGTTTTGAAATCAAGCTTTCATTTTGGCTGGACCAAACAGGATCATTATTGATCAGCTCATCTATCTTGGCCTCCATTGATTTTCCAGACTCGTAAACGCTTTGTTCTCTTTCTATTAGTAGCTTCTTTGAAAATGAGCCTTACATGGTTTTGTAAGCACATCTGTCTTGACTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:424092-425138

CTGCTATGCTGGAAGCGGTGAACGTTGGATACCACTATAATAATAGAAGTTTACCTTTCAGTATGAAAATGCGGGCTTGTCCTATATCTATATGTAATATTATGGAGTGAGTAGAGATGGCGGCTATACATCGTTGTAGAGAGTTATATCTGTATTGTTAATTAAAGATTGGCCAGGCGAAGGTTGGTTCCTTTTTGCTTTAAATCTGCTTTTATGGGGCCATACCAGAGAATTATTTCTTTCTTTCAGTATTGGCTTGTCAAGCTTTTTGATAATGCTATTAAGTGTCAGCGAATTCGCCGTAGTTTGCAACGCTGTGTTGTTTGTATGGCAATTGTTATTATATACTTCCAAATTAATCAAATCTACCAGGTTAATAGAATGCAAATTCGCTATCTCATGGATGATGTCATTGTGGTAGGCAGTGCCGCTGTGACTGGGGTGGCTAAATGGAGGTTTCCTCTCAGCTAGCATTTTTTTCAATTTGTCTGAGTGCGCTTGAGAGGAGGCCTTTAATTTGGAAGTAGTGACTGGTCTTGTCTTCGAGTCACTGTTTAATTGCTCGAATGAATATAATAGGTTTACGATGTTTTGTAGGAGTTTTAGATCATTGGGCAGCCTTAACATTTCGAAATTTTTCAAGCCGGCGAGAGTCGGCTTATGTATATCTTTATAAAATAATCTTTGTTGTCTTTTGATGAGATTGGACAAATTTTTCTGAACTTCCAATACAGAGATCTTTTCGGGATCATCATCAGGTGAAGATAGGCTGGCGCTATTGTGGAATTTAGGGCGCTGCAGAGGCTTAGGTATTATTATATTTGAGGTGCCCAGTGTTGTGGTTGTGGCTCGAATAGCTGGACTAACCATGTTTTGTGCGACTACTTTACGCTTCTTAGGGACAATAATGGATGGTACCGCTGCCGTTGTGGTTGAAGGAGGATCGGACGTCTGATTTCTCCCTGAATAGTCAACCCTTTTTCTTTTCCTGAGTTGCATATGCATATTATATTGTATGTGCTTGTGTAGGTAGAAGCGTCTTTTATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:426130-429759

TGTCACGGTCATCACTGCTCCGACACTTTTTTGTGGGATGCTTTCTGTTCACCTTGGTTTTCTATGGGTATATAACAGCTGATAAAGAATCGAAGAAGTGAAAATGACGCACCCAGTTATATCACTAAAGCCAAGCTACAATTCTGTAATACGGGGCTGCCCCGGTTTACCTGATACGTTACCACGAATCGAATGCCAGTTAAGAGTGCGCTCAAACAACTCTTTGCCATTCAAATTGGTAAAGATCGAAATTGTTTTAAAGACAATTGAAATATATTTCAACAAAAACCTTTATAGCAGCAATAACAGCTCTTTCACCCCATTTAATCGTCCGTCGGACCCCTCTAATGGCCATTCTGACACCAGTAACCAGAACATCAGCATTCATTATAAGAAAAACATCGTGTTATCCCACCCTACCCATGATGGCGACGATCTCAACAATGATCTTATTGGCATAGACATACCTTTGACGATTGGGCTACCTGACGACATCAAAGAAACAAACTATAATCCGAAATTCGGCAAAACGCAGACTTTCCTGGATTGTACCGTGTTTTATACAGAGGTCGGCGGAGGAAGCTCAAATAAGAAAAGAAATTTTCTTTACCCAGTAAACGTCGAAAGGTATACATACCTACCTTCACCGTCATATTTCAGGCCAATAAACAGATCAAACATCACTTCTCCCGATCAAAAGTTCTTAATTAGTTATTCCATTGAGAATCCCTGTGTTTCTATGAATAATGACACGTTGAAACTCTCCATATCAATCAGGCTGAACCCATTTCCGAACAATGCCACAACTCCCTCTTCGAATGACTTTGATGTGTCCACGCCGACACTTTTCTCCACAAAGAAAAAGTTTAAGTCCAAGCTCAAATTGAAATCAATTACAACACAGATACTAGAATACTTGGAAATTCTGAAGAACCAATCAGAATTCTCATCCACGCAAACAACAAATATTTTGCAAACCTCTGTAAGACAGGTTGATCAAATCATCTCCATGAATTCAATGATTTTTCAATTCAACCTAAAAATATTCACTAAGGACAAAATTTTACAAAGCTTTAGATCTTCTGAGTCGAGTTGTCCCGAAACTAAAGTATTAATCAACAAAATCGACGACATTCCTCTGCAATATCATAGTTCGATAACTACGATAGGTCAACATTTTAATGTTTCTCACTATCTTTCAATAAGGTTCAAATTCAATAAAAGTCTGAAAAACTTCGAAATTAATCACCCCCTAATCATATCGTTTTGGTCAGTAAGTCAATTGCCGCTAATCGAGAACCTAATATTGCAAGAAAGACAAACTGCTAAATTTGCCAAGAAGTTTTATAAAAATTTTGGTCGAATCAAGAACACGAGCAACAACAATAACAGCTCGAACTGTCTAGAGTATCCCTCCTTGCCGCCAATAATTTATAATTTTAACGACCCAGAAACAAATAATAGATTTAATATATTATACTCGCAAAAGGACCCTAGTCGTACGGATCCTTCTAAATTGAGAAGAGTACCTGTCATACAATGAGGCAGTGATTGGCATGGTTCATATATTAAATCAACGCAGATACGTAGATCTATAAAGCTTTTGAATAATGCTAATGTATTATATATTTATATTCTTCTTGTCCCGCACTCTGGTCTTTTCAATTTTCTACATGAAGAGAAAAAAAGACTATAGCGTCCGGCAAAAAAAAAAAAGTTATGGTTTAACAATACAACGGCCCCATGGGTTTAAAATAAGGGCACTTTCATAAAGTCACTTATCACTCAAAAGCACCCATGCAAAAACACAATATAAAATTAAACCAAAACCAGGATATTTCCCAATTATTCCACGATGAAGTACCCTTATTCGACAACTCTATAACTTCAAAGGATAAAGAAGTCATTGAAACTTTATCTGAAATATATTCTATAGTAATCACACTAGACCACGTAGAGAAAGCCTACCTAAAAGACTCCATAGATGACACCCAATACACTAATACTGTTGACAAATTACTAAAGCAGTTCAAGGTCTACCTGAATTCTCAGAATAAAGAAGAGATAAACAAGCATTTCCAATCCATAGAAGCGTTCTGCGATACATACAACATCACTGCTTCGAACGCAATAACAAGACTGGAGAGGGGCATACCAATTACAGCAGAACATGCGATATCCACTACCACATCGGCTCCCTCTGGTGATAATAAACAAAGTTCTTCTAGCGACAAAAAGTTTAATGCTAAATACGTCGCTGAGGCCACTGGTAATTTCATCACTGTAATGGATGCTTTGAAACTAAACTATAATGCAAAAGATCAATTACATCCCTTATTGGCTGAACTGTTAATCAGCATAAATCGCGTCACCAGGGATGATTTTGAGAATAGATCAAAACTCATTGACTGGATTGTCAGAATAAATAAACTCTCAATTGGTGACACTTTAACTGAAACACAAATTAGAGAACTTCTGTTTGATCTAGAACTAGCCTATAAAAGTTTTTATGCTTTACTGGATTAAGAAATAAACAAATAGAAATTATGATAACATATATAAGTACACAAGCGTTTCTATTTCACTTTAGAATATTCTTGTTTTTTATTCGTTCTTGAAATTTTGACAACATTGCCAAAGTTTCCCGCTCTCTTTTATCCATTGGTTCTTCCTTGATGTTTTCTTGACTTTCCGTTTCTTTAGTGGTTGCCTCATCAACATTATCATGCAACTCCGTCTTTTCCCTAATTAGTGCCTCTTGTGGCTGATCTAAGGATGCGTCTAGTTTAATTCCTTCACTGCGACTATCATCTTTGATCCATGCTGGGAGAATCATTCTCTTTCTTGGCTTAAGCTTTTGAACATCACCATCATCATCCTCTTGCTCATCTTCATAAACCATCTTTACTTTTGCTGATTTCACAAGTTTCTTTGCCGGCTCTTGTTCTTTTTTTTCATTATCTTCCAGTCTTCTTTTTGATCCAAAGATGTCCTCAAAGAATGGTATGGTAATCTCAACATCCTTCAAAACTGCAGGATACATGAATCGTTTGACATCATTGTCACGGGAGGAAGCTTCAATTTCGCCGCCCAAGATCTCTCTAAAGATGTAAATAGATTTCCCAACAATTTTGCCAAATACATTACAATCGTTCAGTACGTGCTTAGAATCCGCCAGCACAGTTATAAACCATGTGTTCCTTCGTCTATCCCATCCCAAGAGTCCATCTCTATTGAAGCGTATACGAGGATTTTTTTCCTCAGCAACTGTACGGTACTCACCAGTACTATTTGCATTAAACATTAGCCACTGTGTTGGCTTTAACTCTTTAAATTCTCCATTGGTGAATGTGCCATCTGAGAGCATAGATAAGAACCTCTTACATGTCTCAGGGCATTCTTTAGCCCATAATTCAATGGCAATGTTCCCCTTTGTTGTATACAGTATACATTTAGCTGTTGTCTGAGGTTCTATATTACTGGACATAGCATTCTTACTTTGGTTTAAAACTCATCATACATGTTTCCTGTAATACGCTTTGAATAATAAATTATTCAATAAATTATTCTCAGGACATTTTGAACCTTTTTTTCTCTTCAGACGCTTTACAGCGGAAAAGGAAAAAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:429789-431534

TATATTCAGCAAACGAACATAACGTCAGGATTAATCGGAACGGTAATTTCTAGCATCCACTCAATTTCGTGATTAGCTTTTGGCGCATAACTGATTTTTTGCTTTAGCACATCACAGCTAGAATAAACTTCCAAAAATCACCCGCTTGCAATGCTGTCCATTTTAAGAAATTCGGTGAGACTAAATTCAAGGGCTCTTAGGGTTGTGCCATCTGCCGCCAACACCTTAACATCGGTTCAAGCATCCAGAAGACTTTTAACAAGTTATTCAAGTTTTTTACAAAAAGAAACAAAAGACGACAAGCCTAAATCCATTCTTACAGATGATATGCTGTTCAAGGCCGGTGTTGACGTCGATGAGAAGGGCCAAGGCAAAAACGAGGAAACATCAGGAGAAGGAGGAGAGGACAAGAATGAACCTTCTTCCAAAAGTGAAAAATCTAGAAGAAAAAGACAAACTTCTACAGATATTAAAAGAGAAAAGTATGCTAACTGGTTTTACATTTTTTCGTTGTCTGCGTTGACAGGTACTGCAATCTACATGGCAAGGGATTGGGAGCCTCAAGAGTCTGAAGAATTGAAGAAAGACATCGATAATGGCTACACTTTATCACTTATGTATAAAAGATTCAAGGCCAGGTTCAACTCAATGTTCACCTACTTCCAAGAGCCACCTTTCCCTGATTTACTACCTCCACCACCACCACCACCGTACCAAAGGCCATTAACTCTTGTTATCACATTGGAAGATTTTTTGGTTCATTCTGAGTGGTCTCAAAAGCATGGTTGGAGAACGGCCAAAAGACCTGGTGCTGACTACTTCTTGGGTTACCTATCGCAGTATTACGAAATTGTTTTGTTTTCATCCAACTATATGATGTACTCTGACAAAATCGCTGAAAAATTAGATCCAATCCATGCATTCGTATCTTATAATTTGTTCAAGGAACACTGTGTTTACAAAGACGGTGTGCACATTAAGGATCTGTCAAAATTGAATAGAGATTTGAGTAAAGTAATCATTATTGACACTGACCCTAACAGTTACAAATTGCAACCTGAAAATGCTATTCCAATGGAGCCATGGAATGGTGAAGCTGATGACAAATTAGTAAGATTGATTCCATTTTTGGAGTACCTTGCCACTCAACAAACCAAGGATGTTAGACCAATCTTGAACAGCTTTGAAGACAAGAAGAACCTAGCAGAAGAATTTGATCATCGTGTGAAAAAATTGAAGGATAAATTTTACGGAGATCATAAATCTGGTGGCAACTGGGCAATGACGGCACTAGGTCTCGGAAATTCCCTGGGCGGCAGCACCAAGTTCCCGCTCGATTTGATTCATGAAGAAGGACAAAAGAACTATTTAATGTTCATGAAGATGATTGAGGAAGAAAAGGAAAAAATTAGAATACAGCAGGAGCAAATGGGCGGGCAAACATTTACGCTGAAAGACTATGTTGAAGGTAACTTGCCTTCGCCAGAAGAACAAATGAAAATACAATTGGAGAAGCAGAAGGAGGTAGACGCCTTATTTGAAGAGGAAAAGAAAAAGAAGAAGATTGCTGAATCCAAATAATTTTCATGTAAACCCTCTTCTCATGTATCTACGTATCTATGTGTGTATGTAAATGTACCTGTACACTCCCCACACCCTCATTTTGTTACTGTCATGTGAATAAAACTTATGTATATTGCTAACTTACTACCACTGCACCTCCTAACATCACCATACTACGTACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:432312-444284

GGGCAAATTCGTAATAAATTCGGGGTGAGGGGGATTCAAGACAAGCAACCTTGTTAGTCAGCTCAAACAGCGATTTAACGGTTGAGTAACACATCAAAACACCGTTCGAGGTCAAGCCTGGCGTGTTTAACAAGTTCTTGATATCATATATAAATGTAATAAGAAGTTTGGTAATATTCAATTCGAAGTGTTCAGTCTTTTACTTCTCTTGTTTTATAGAAGAAAAAACATCAAGAAACATCTTTAACATACACAAACACATACTATCAGAATACAATGACTAAGCTACACTTTGACACTGCTGAACCAGTCAAGATCACACTTCCAAATGGTTTGACATACGAGCAACCAACCGGTCTATTCATTAACAACAAGTTTATGAAAGCTCAAGACGGTAAGACCTATCCCGTCGAAGATCCTTCCACTGAAAACACCGTTTGTGAGGTCTCTTCTGCCACCACTGAAGATGTTGAATATGCTATCGAATGTGCCGACCGTGCTTTCCACGACACTGAATGGGCTACCCAAGACCCAAGAGAAAGAGGCCGTCTACTAAGTAAGTTGGCTGACGAATTGGAAAGCCAAATTGACTTGGTTTCTTCCATTGAAGCTTTGGACAATGGTAAAACTTTGGCCTTAGCCCGTGGGGATGTTACCATTGCAATCAACTGTCTAAGAGATGCTGCTGCCTATGCCGACAAAGTCAACGGTAGAACAATCAACACCGGTGACGGCTACATGAACTTCACCACCTTAGAGCCAATCGGTGTCTGTGGTCAAATTATTCCATGGAACTTTCCAATAATGATGTTGGCTTGGAAGATCGCCCCAGCATTGGCCATGGGTAACGTCTGTATCTTGAAACCCGCTGCTGTCACACCTTTAAATGCCCTATACTTTGCTTCTTTATGTAAGAAGGTTGGTATTCCAGCTGGTGTCGTCAACATCGTTCCAGGTCCTGGTAGAACTGTTGGTGCTGCTTTGACCAACGACCCAAGAATCAGAAAGCTGGCTTTTACCGGTTCTACAGAAGTCGGTAAGAGTGTTGCTGTCGACTCTTCTGAATCTAACTTGAAGAAAATCACTTTGGAACTAGGTGGTAAGTCCGCCCATTTGGTCTTTGACGATGCTAACATTAAGAAGACTTTACCAAATCTAGTAAACGGTATTTTCAAGAACGCTGGTCAAATTTGTTCCTCTGGTTCTAGAATTTACGTTCAAGAAGGTATTTACGACGAACTATTGGCTGCTTTCAAGGCTTACTTGGAAACCGAAATCAAAGTTGGTAATCCATTTGACAAGGCTAACTTCCAAGGTGCTATCACTAACCGTCAACAATTCGACACAATTATGAACTACATCGATATCGGTAAGAAAGAAGGCGCCAAGATCTTAACTGGTGGCGAAAAAGTTGGTGACAAGGGTTACTTCATCAGACCAACCGTTTTCTACGATGTTAATGAAGACATGAGAATTGTTAAGGAAGAAATTTTTGGACCAGTTGTCACTGTCGCAAAGTTCAAGACTTTAGAAGAAGGTGTCGAAATGGCTAACAGCTCTGAATTCGGTCTAGGTTCTGGTATCGAAACAGAATCTTTGAGCACAGGTTTGAAGGTGGCCAAGATGTTGAAGGCCGGTACCGTCTGGATCAACACATACAACGATTTTGACTCCAGAGTTCCATTCGGTGGTGTTAAGCAATCTGGTTACGGTAGAGAAATGGGTGAAGAAGTCTACCATGCATACACTGAAGTAAAAGCTGTCAGAATTAAGTTGTAATGTACCAACCTGCATTTCTTTCCGTCATATACACAAAATACTTTCATATAAACTTACTTGGTCTTACGTCATAAATAAATATGTATACATATAAATTAAAAAATTTGGTTTTATATTTTTACAAAAAGAATCGTTTACTTCATTTCTCCCTTTTAAGCGATACAATCCATGAAAAAAGAGAAAAAGAGAGAACAGGCTTGTGCCTTCTTTAAAACATCCCACACAAAATCATATTGAATTGAATTTTACATCTTAAGCTAGTGTACAACAACTGCTATATCCAAAGAAAACTAACGTGGACCGCTTTTAGAGTTGAGAAAAAGGTTTGAAAAAAATAGCAATACAAAGACTTGTTTCATATATAAAATACAGGGAGCACATTGAGCTAATATAACATAAACACTGCGAACCAATTCCAATCAAAAGGTACACATGAGAGCATTCCCCCGAGTACTGCCATTTCGCCATCAGAGATCATATAATAACATCCTTCTTCGAACAGTAAGGCTTTTTGGTTCATCACTTTCTTCTTTTGATTTCTCTAGGCAAATGCCTAAGGTGGACCCTGACAATACCGCTGCAATGCTACTACAGAAAAACTTGATCCAAAGAAACAACATGCTCTATGGGTATGGATCAGGGACAATACGATGTACTTTGCTAGACTCAACTGGACGAGCCAAATCACCATTAGTAGAGATAAAACGTGAGGATCTAGTATCAAAACATGGCTTGTTGCCCAGAGATCTACGTAAAATTGAAAAATCAAGGAAGAATGACTTAGTCCCTAGTTTGCTCGTGCGAGAAAATTCCATACTAATCAGTTTACTTACTGTGAAAGCCCTAATTAAGCCTGATATGGTTATTATCTTCGATTCAGCCGGCAGTGGAATAACTTTAAACTCAGAAGCTCACAAGGATTTTATTAACGATATGAAATTGAGACTAAAAAATCAAGAAACAAGCGAGCTAAATAGCGATCCACTTCCTTATGAATTCAGAGCTTTAGAAACGATCTTCATTTCGGCATTATCTAACCTTACCAGTGAAATGAAGGTGTTGCTAACCATATGCAAGGGGGTGCTTCAAGATCTAGAATTTAGTATAACAAGAGATAAATTAAGGTTCTTACTGGGTCAAAACAAAAAATTGAGCAGCTTCAATAAAAAGGCTGTTCTAGTTAAAGATATGCTGGATGACTTGCTAGAGCAAGACGATATGCTTTGTGATATGTACTTAACCGACAAAAAGGCTGGAAAAATTAGAGTTCAAGATGATCATACTGAAATTGAAATGCTTCTGGAAACATATCATAACTATGTCGATGAAATAGTTCAGAAAAGCGAAAGCGCCATATCTGACGTGAAAACCACAGAAGAAATCATCAATATAATCCTAGATTCTAACAGAAACGAATTAATGCTGTTAGGGATAAGATACGCCATAGGAATGCTTTCGTTGGGAGGCGCTCTATTCCTGGGTTCTATCTATGGTATGAATCTGGAAAGTTTCATAGAAGAAAGTAATTATGCGTATTTAACTGTCACCATTTTGGGGTTAATATCTACTGTTTGGCTCTATGCGAAGGGAATCAGACATTTGCATAAATTACAACGTATGACATTATTGAGTAAAATAAAAACAGATTCCGTTCACGAACTGTTGAAGAAATAGTTATCACGAAGAGTCAATCAATCTTTTTAATACGCATTCAAATGAATAAGAACAACTTTCACTTTTTTAAGTATATAAAAAGCCGTACAGGCGAACGTATATAATTAAAATTCTTTGGAAAAAAAGAAAGCTCGCACTCAGGATCGAACTAAGGACCAACAGATTTGCAATCTGCTGCGCTACCACTGCGCCATACGAGCTTTTGTTGTATAGTTTTAAGGCAATAGAATAATAACACTTATCCACGCAACAGTAATGTGGTTAAATAATAACTTCCTGTCAGGACTTGTGGTTGATTGGTGAAAATCAAATATCATGCTGACTACTAGAAATATTAGCAGTATATTATCATATACGGTGTAAGAAGATGAGATAAGGATTGAGAAACAGTCATCAAGTTTAATGAAAGTGAAATGAAAGGATTGATTATATAATAGGATAATGAATCACAAAGTATAAAAAGAAGGAAGAAAAAATGATATCATTGAGAAATTGATGAATTTTGAGATAATTGTTGAGATTTAATTGTTGATAAAGGCAATAATATTAGGTATATAGAATATACTAGAAGTTCTCCTCGAGGATATAGAAATTTTCAAAGGGGAATCGATTTTTCTACAAATAATATTACTATTATTCCTCCTTCCGTTTTATATGTTTCATTATCCTGCTATATTATCAATCGTTGCATTAATCGTTGAATTTCAACTTACTCGAACTTCGATGACAGTTTCTCATCCCTTATGTTATCTTCTTACACTGTATGTGATAATATACTGGTAGTATGACTACTAGTTGATAGACGATAGTTGAATTTATTCCATAAATTATTTATGTAAAACTGCCGACCCCTTTTGTCGATTTCTATATTCTCGAAGAGAACTTCTAACATTTTCTGTATACCTGATATTATAGTCTTTAACAACAACGGAATCCTCACAGTTATCTACGATTCATCTATTTCTCATCAGTAACAAAGATATTTCAGTAGTTATTTTATATAATTCATGCGTTTCACACATAGAGATGGTTTCTTAAGTTTAGAATGACGTATTTAGCTATAATAAAATGTTTCATTGTGGGATAAAAACTTGTGGGCCATGACATGAGCAAATTTATTATCAATGTTGATAATTAGAGGTAAAAAATTAGTATTAATGAAGAAGTGAGTACTGATCTTCTTATACTAAATAAGAGAGGTATATAAAACACACGCCGATTGGTCATATTAATCATGACCAATATAATAGTGGTTCCGGTAGTTACTATACATTGATGTGACGACTCATATTCCTCATATATGTACCTACCATATCATGTTCAACTAATAGGTCTTTAACACAGCTTCAGTATTGTCTGAGCTTCTCGTTTAACATTCCTTCTGCAATAGGCGCAATCACACTTAAACGTATACGAGTTGTACATTAATATACGATGTAAGCATTAGATTGTTACCATAGCAACTCATGTCACTATTAATTACTCTCGTTCCAACATGCTCCCTTAAAGATATATTATTGTACTTCAACAGATATTCATTGTGTGTTTAGAACTTCATTAATTAATTATCAATAGTCTGTTGAGGCCAAAATATCCTGTGATGTTATTTTATTTTTTAATACTTGTATAAATCTTTTAAAATCAGATGCTGATACTGGTTTTGTTAGTAAATCAGCAATATTACCTTTGCCGGTAATTTTTAACAGTTTTATACTCTTCTCTTTAATTTTTTCTTTTATTATTTCAGTTTTTATCCAAGTGAATTTCTCTTTTGGTTGTTGATAGCTGCGATTTAATCCTTGAATGGCTGGCTTTGAGTCAGTGATCATGACAATGTCATTATTGTCTCCTTCTCCTAGCTCCTTTAATGTTACCTTCAACGTTTCTGAGTCTGCATAGCCTTCATAAATGGCATGAAGCTCTGCTTCTGTTGATGATACACATCTGTTTGTGCTCTTGTTAGAATAAACATTAAAAATATTCATACCGTACCATAATATAACTCCAATCCTTGATTGAGCATCATATTCTGATCCAACTGATGCATCAGTTATAGCAATAACCTTCTTGTCTTTATTACAGTCTCGGTCATAGTGTATTCCAATATCTTTATACCGAACCAAGTACTGGATTATTTTGTAAATCATATAAAAGACTCTTTCATGTGGGTAATTTACTAGTCTAGCCACTTTCTTAACAGCAAAATTAATGTCGTATCTGCATTTGTGTCTGACATAGTTTAGTTCACCTAGTAATTGTTGTAGCTTTAGAACACCTTGTCTAAACTCTTCTTCTGACATTTGCAGTACGTCTTTCTTAGGATCTATTTTATAAGTTGACATATGCGGAATTGAACTTTTTCTAATCTTTTTCAATTCCTCGTTGTATTTTTTATCCATTCTATTTATGAATGATTTTAATGTTAAATCGATAGTACCAAGTCTTTTGTTGTATACTAGATCCATTCCTAATATATCTGTATCGAGTACATCATCTATTAATGTTCCTGTAATTTTCAGTTCAAAATTACTTTTCAATTTGTTTATGAATTCATCCAATCTCTGTTCATTGCTTGCCGCAATTACGCAGTCATCAACATAGACTGCAATCATTAGATTTTTATCCTCGGTTTGGTATAATCCCGGAGTATAAGAGTTATCTTTCAGTCCAATTCCATTCAAGTATTGTCTTAGATGATCATTCCATTCTTTAGGACTCTGTTTTAGACCATATAACGCCTTATTTAGCTTGACTACACATCTCCTATCATGCGGATGTGGGATGTATATTTCTTCTTCCAATTTAGCATATAGGAATGCATGATTGATATCCAGGGTCTTCATAAACATATTTCTGTTGTTTGCAATCATTAAGAATATCTTAATATGATTGTGATTTAAAGATTCTGTAGTTATTACACTGTAAGTGTCTGGTGACTGAGTATCACCTCTGCAGACTATCCTAGCCTTATAAATCCCATTTCTTTTCTTTGTGAATATCGTGTTGGTGGGTACTATTAAATTATCAGGGATTTCTGATCTACTGTACTTCACATCGACATCAAATACCTTCATATCTTTTAAATTCTGTAATTCTTTATGATATGCCTGTTTGTATTCATGTTTTTCTTTGAGGTCAGGATTTTTTGAAATAGCTTCATTATAATATATGGCTCTAATTTTTTGTGCTGAAACTGTTTCCATATTATCTGGAATTAATTTCACTCGATTCCTTTTTGAACGCTTCTTATCTCTTTCTAATTCATAGCTTGTTAGACTATTGTTTTTATCGTGTCTTTTCCGTTTTCTTTTCATGTTCAAAGAACTGAATTCTTTGTTTAAGAAGGCACTTTTATTAACTGTTTGTACTGGTGATCCAGATGCTTCAATATTTTGTTCCAACCTTGGTGACACATTTGTTCCATTGTCAGTTGGTACATTTTTATCGGTGACTTTTAATTCTTTTAAGTTATTACCATCCTGACAGTTTGATTCCATATCAGTTTGATCACTCATATCCACAATGTCCTCAATCGGGGGCGGATGATGATTTTCCTTCTCAAACTTTTCAACTTTGTTTGTGGAATAATCATTACTATGGTGATTGTTAATGCTTTCTAAAGTTTTTATTGGTAAACTCGTATCGCCTGTTTTTAAAGAAATCTCATTGTCTGTATTTCGGAATTTTACATTTTGTTCCAATGCTCCCTTCTTTAGGAAACGAAGTTTCATGATTTGTTTTATTGAACTGCTCCTGAATTAGTTCGGGTTTTGCGTTGTGCATTGACTCATCTTTGTTAGTAATAGATTCATCGGTGATATCTACACATCTACTGAGTCCAGTGTTTAAGATACTCCCAATATTTTTACTACGAATTCTGTCGGAGATTCTGTTTTCGTCATTGATTTTAATAGTATTTTTACTTCCTACCAGTTTCTCTTGTATAATCGATGGAATTCTGTGGACTTTTTCATCATACTTATCTTCATCAATATGACTTGTATTTATTAATCCTTTCTTATCGATTTCACTGATGGATATTTCAGTCGATGCAAGTTCTGAATTAAAATCCTTGTTTGACAAAATTTTGTTTTTATCAGTTGAGATTGAAGTATTTGTCGTTGAAAGTTCAGATTCAACGTCATAATCTCCAGATTCCTCAACATCAGAAAATACGTAATCCAAGTCCCCTTCTAGGTTATTACTAGGAGATGGGTATTTTGCGTTTGAGTCTATTTGAGATAACTCTTCCTCTGTGAACAAATCTTCCAGGCGAGTAATTGGTTTATTATCATCTTCGTAGTTTTCCAAAGCTTCACATAAGTTTGTGACCGTTTCGATTTGATCTTCTTCATTATCATTATGTGAACTGAATTGATGACTCTTGTAAATATTCTGAGTATTTCTTACTCTACCGTCCATCGTATAGTTGGGAATTGTATAATTATCAGATGTGACAATTTTATTTTTGGATGGTATAAAGAATTTGTATCCATAACTATTTGGATCTTTGCATAGAATTATAGAAGGAAGTCCAGATGGTTTCAATTTTTTGTGATTATGATTCCAAATTATTCCTTTTTCGCCAAATGGTAAGAATGACATTAATCTCACTGTAACAGGTTGACGTGAGATTGCCTTCAATGGTAGTTTACCTGTACTTTTGTGTTCCAGGCAATTTCTTATATTGGTAGCAGAAGTTACTGCGTATTCCCAAAATTTTACTCTTAAGTTACTTTGTCTTAGGAGTGTTGTTGCATCAGTTACTATTGTTCTGATGTATCTTTCTGCTCTTCCATTAGCAGCATGATCTTGTGTAGAAGTAAGTATGTGATGTATTCCTTTTGAAATAAAATATTCTTCTATCTGATCATTTGTGAATTCAGTACCTCTGTCTGAATTAATTTCTCTGACTTTCCTGTCAAATTGTGTTTCCACGTACTGAATATTCTTTCTGATTTGAGCTAAAATAGTTTCAGCATTCTTATTGAAGTGTGTGGAGGTCATGCAATATCTCGTGTTGTTATCCACCATAATAAGCATGTACCTTTTAGTGTCCGCGTTTGAACTTGATACAGGGCCAAATATATCCATGCACCATGATGATCCTGGTTCATGATCAGTACTATGATTATTCATAGACCCGGTATAATGATTTCTTTTCGTGGCTTTAGAGATTTTACAGGTTTGACACCAAAATTCATTTGGTTCTTTGATTAAGTCAAGGGATTCTTCATAATGATTATGTTTTATGGAATTTTCAATTTGTTGAATTCCTGTATGGCCCATTCTTTTATGAGCATCTTCCAAGGTAATAGACCTTTTATTTAGTTTAAATCCAGGAGAAGAAGTAGGTTTTATTGCATTTATTTTTGAATCATCGGAAGGACGTTCAATTAACTCGTTCATTTTTACGTGAATGACACCATTAACTATCTTGGTTTTAATTTTTATGATTTTGTTTCCCAATCTGGTATATTTTCGACTTAAAACCATTTTGGTTTTCTTGGCTAAGTCATAACAGCTGATTATAGTGGATTCTTCTTCCGGTACATAGTAAGTCAATAAACACTTATTGTCAGTATTGTTGTGACCATTCTTGATTTTTATATAGCCATACCCTTTAACAGACACTGAACTGTTTTTCCCAATACCAAAAAATCGTGTACTGCGATTACTGTCTTCGTAATTATGCAGTAAGGTTTTGTCATTGGTAATGTTTACGCCGGAACCGGTATCAATAATTACCAGTTTTTTGCTGTTGTACACTTTGTTTGACTTTTTTTGTGTCTTGTTCCAAGACTTTTGTTCTTTTGCACTGGACTTAAGTTGTTGTTGTCTCTGTGCACCTTGTAGATAATAGGTTTTTGAGAAATTGGTCGAGTCAGGCCTAAGTTCCCTATTTGGTTTCTTTTTGCAGTTAATTGAGCAATGGAAAACAGATTTGCAATACATGCAGCTATTTTCTATTTGATCGTCTGCAATTGGGCTCAAATCAATTACTGTTTCAATAACAGTATTGATTAGAAATTCTTCGTGATTAATTCCTACGTTATGTGGAATGTTGTACAAACGTTGTTTCACAGAATTTCTTAAGGATTCATGTAAGGTTCCCATGATAGCTTCTTGTAGGTAATCCTTTAGATTAGGACAATCTTGGCAGCATTTAGAAAAAATCCATTTTTCCATTAGTACCAACTTTTGAAGTTTATTCATTAACAATGCGGAATTTCTACATGTTGTATCAACCAAAACCTTTTCCCAGGCTCTAATTCTGACATCTCTACCATGTAAACTTCTATATTTGTTTTTTAAACCATCGATTATCCTAAAAATGTCAGTTGTATTTGTGTTCATGATATCTAAACTTTCACCGAGTCCTTCTTTGATTATCTTGCACAAGATTTCATTTTCACGAGGATCGATTTCTATGATATCATTTTCAAAGACATCATCAAATTGATATTTCTTGATGAATTTTTTAAAATTGTTTAAGAGAATAGGAATGTTCTCGACATTATTAGTCCTATAATCAAAAACACAATCCTTAGGGTAGAATCTTTTGTTGGTTGAAGTTAACGTATCGAATAAATAGTAAGTCCCTGTAGCATCTATATGTTCATGTAATATATTATTGTTCTCGTTTGTTTCCAATAATTGTATCTTTTCAACTAGATCCACAATCCTATTCTCAACCTTGTCAATGGTTTCTCCGAGTTTTAATAATTTTTCAGCTAGCATCTGAATATCATCAGTCTCAGAAAGTTTTTCCTCTTCTGCCTTTAAACCATTTAGTATGGTTTTAAACCTATTTAAGTTTCTTTGATATTGTTTCACCTGTTCATCTTTAATAGAAACTTTTCTTAATGATGATGGCGTCTGTCTGACAGTATCATTTGTTTTGACTTTCGATTGAATCCGCGCAGAAATGTTGTCGTCAATAACATTTCTTGTTTCATCCCTCACTGGGGTCGCCATGTTGATAATTAGAGGTAAAAAATTAGTATTAATGAAGAAGTGAGTACTGATCTTCTTATACTAAATAAGAGAGGTATATAAAACACACGCCGATTGGTCATATTAATCATGACCAATATAATAGTGGTTCCGGTAGTTACTATACATTGATGTGACGACTCATATTCCTCATATATGTACCTACCATATCATGTTCAACTAATAGGTCTTTAACACAGCTTCAGTATTGTCTGAGCTTCTCGTTTAACATTCCTTCTGCAATAGGCGCAATCACACTTAAACGTATACGAGTTGTACATTAATATACGATGTAAGCATTAGATTGTTACCATAGCAACTCATGTCACTATTAATTACTCTCGTTCCAACAATCAAAGAATATTAAATGAACTTCAAATATTAAGTAATTCTCCTTGTTCTGCTTCTACGGCTCTAATCCATATTAGCATACCCGATTAATATAATTGCCTGCGATCGAATACCCAATGTACTGGATTTTGTTGGAACAAGTGATTTATCACAGTTCACACTGTCGTGAAGTAATTTGACGGTATATATCATATATAAACAATATTCAATGGTGAAATCAGCAGTTTGCGTTGAATTAAGAACATATACTACTTGAACATAAACTGGGGTTCATGTAAATGGAAAATATGAGCCATCGCATTGAGCATATGGCAGTCATAAGCAGTTTTGATTCTGCTTAAGATTCAATTAAAAGTAATTGAAAGAGTAAAATGTTTTATAGTTCAGTTAGTAACTTCGAGCAAGCTAGTGCTTGCCATTTAGGCCATTGAATAATTCAGTACGAGTATATGCTTATTATTATGGATAATTGATGCACTAGAACACAAGGAGAACGAGTATTTTAACAAATTGAGCTATTACAAAAGGAATACTTAGATACGGCATTATCTGACTTAAGGCTTCTTCATTAGTGATTGATTAAAAGAAAAAATAGAATGCAAAAGCTAAAGGAATTAAGCGAAACTAGGTTCCAGTAACACTTAATTTAGTAGCCTTATCAATATTAAGAAAGGATGGTAACCTCTAATATATCACTGCCATGTAATGAACTTCTATATTTTAGGGATTTAGGAGGGTTCTGATCTGAATCACTTATGTGTTTTATATTTTCTACATACAGCGCGACTGCTGTTTTCTATCCATAATTATTTTAAGCATGCGCTATCGTTTCTACCTAATGACAAATTGTGGTAACAGCCAGATTTATCTCAATATACATTAGTAGTCAATATCTCAAACGACATCGAATGCCGCACATAGCCATTTATTATAACAGATGAGAACCACATCACTTTTTATTACAAGGTGTCCATTATGACGACTGTAGAAGTATGCAAATCATAAGTTAGCCCAAAGAAGACATTTAGATTTTCTTACGACAATACTAATTAAGGTACCACGAACAAAGAGAGAACAGTAGGTATGTTGTATTGCTACGCCAACTTTTCTTGTGATCAAAAAGTTCAATGCATTCATTCTTCTTTATAATATAGTACAAACTGTTAATTTACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:444470-450819

TTCTAGTCCCAAAGGGACAAGAAGTTGTATTACTCTTTTCACATATATCAAGGCCACAAAGGTATCTGTTTACTTTTTGACTTTAGCAAAAATTTGAGGAAATCAGACAATGTTTCTCCCAAAATTCAATCCCATAAGGTCATTTTCCCCCATCCTCCGGGCTAAGACTCTTCTTCGTTACCAAAATCGGATGTATTTGAGCACAGAGATAAGAAAAGCTATTGAAGATGCCATCGAATCGGCTCCAGTGGTTCTTTTCATGAAAGGTACTCCTGAATTTCCCAAGTGTGGATTTTCAAGAGCAACCATTGGATTATTAGGAAATCAAGGCGTTGACCCGGCCAAATTTGCGGCTTATAATGTTTTAGAAGACCCAGAGCTACGTGAAGGTATCAAAGAGTTTTCAGAATGGCCAACTATTCCACAGTTATATGTAAACAAAGAATTCATTGGTGGATGTGATGTTATTACAAGTATGGCACGCTCTGGTGAATTGGCCGATTTGCTAGAAGAGGCACAGGCATTGGTACCTGAAGAAGAAGAAGAAACCAAAGATCGTTGATTTTGTTACCACTGGAAGCAAAATAGGAACTGGTGGCCGAACACTTTAATACTCGTGTGCATAATAGGCCTTTACGATCCATATTTATATATGCATGTACATTTGCTATTTTTTTAAAGATTTGTAATGTATTCTCATGCCTTTAGACTTGTAAATAACAGATTCTCTACTTACAAACCCCTCTCTTTGCTTTGCCAAATGAATTGACGTTATAAAACAAAGAAGTGAGAATTATGAATATATTTAATATTCCCCGCATAGACTTGAATCAAAAAACGTTAGTTTTAGAATGACAGAAGCCATATCTTCGTTCTGATTCAACGTGCGAAAGACGCGACAGACATTTGTTGGGGTTGTCTTTGTTACTCTCTTGATTTTCGATAGATTCCGTACTGTTACCAGTTTGCTTTTCCCCCATTTTTTTTAACGTAAAAGGATTGGAAGATAATAGGCGAGCTCAATTTTATTGCCCTGCGAAGCTTTCAAATATGTTAGTCAAAGGATCAAACTTCCTTTTGAAGGTGATAGGGATATAATGAACACACAATTGTGCCTTTAAGCCATTACTCACGAGTGGGATAGAAATGAAATTCTTTTCTTTTAAATGGTATTAATAATTAATATATTAAATAATTATATTGATTCTATACATAAAACATTAGTGTGAAATTTTCGGAAAATAATAATAGAAAGTAAAATCAAATGTAAAATTAAAAAAATGATGTTAAAGGACGCCAAAATTTGTGAAAAAAAATTGAAAATAAAAATTGTGTGTTAAACCACGAAATACAAATATATTTGCTTGCTTGTTTATTTCTTCGTGATTTTATTTTCGTCACCTGGAACTGTTTGGAAAATGTTGGTATCTTTTTCATGTCTTTCCTTTCTTGGCCCATTAAACCATTTCTTGAAATTCAAAACAGACTTCAAAGACCACACCTTAACTCTTACAACATAGTAACAAATCAACATAGCGGCAATATTGAAGCAAATATAAGCCCACATGAAACCAAAGTTTCTCCATCTGTGATCCCATTTGACATTGTATTTAGCCACAACTTGATCTTGAACAGTGTATGGGCAATATTGACAGTTTTCGGTGGCAGTTGGATTTACCAAATAACCGGTATTATTGTCCATATAGGTAGATAAAAACTCACCACAAGTTTTTCCGCTTGGTGGGTCCATGATGTTGTATTCATGAGGATTACAAACGACCTTTTTATTGTGAACTAATGGTGTAACCAAAGCTTGAACCACGTAGGTAAATGGTGATACATTATACATCAATCTTCTCCAGAAGGCAGGCATTTTCTCTCTTGGTTGTAAAATACCACAGAACAGTAACATAGCAGCAAACAAATTGGAATTAATCATAGAAGCTGAGGGAACATCAGGAGACATGTACAGGATCCATAGACCATATGTGACAAAATATAATGGGAAAATTAAAACATAGAAGAAGAAGAAGAAACCTGCATGAGATGCACGTCCACTGAATTGAGCTGGCCAGTAGTAGCAAATGAAACACATAAACTGACAAAGTGTGGACCAAAAGTTTTCAACAGCAGCATGACATAATAACAAGACACTCCAATGGAAAGTGTTAGAAGCGGCTTCTCTAACCTCATATAATTCCCTACTATCATAAGCGAAGACGTGCAGTTGATTGATCATAGCCAGAGCAATCAATAATAGCATGAAAATAGACGAAAAGGCCTCAATGGCACCACCAACAGAGTGATTTACACCAACATATGATAAACCGACGAACAAAGCACATGCGACACATTCAAAGAATTTGGCCCTGATATAGACAGGCGATCTCCAAAATTGAAGAGCTGTTCTACGTAAAACACATTTGATTTGAGTCATGTAACTGGCAGCAAATCTTGTAGCTAACTCAGGATCATCATTAACTGCTCTACCAGGTAAAGTACGATGTAATTCTTCAACTTCAGCCCTTGCAGCGGCACATTCTGGGGAAGCAAGCCATAAGTCGTGCCAATCAGAGTTAACACTAGCAGTGGCACCGGCACCAATACAATTCAAAATATATTCAGCTGGATTTTCAGAAACACCACACTTCATACCAGATTGACGTTCAAAATACTTCAACAAAGTTTCAGAATTTGGACCAATGTCACCAAAGTAAACCATCTTACCACCTTTCTTTAACAACAACAATCTGTCAAACTGTTCAAACAAGGTAGCAGAGGGTTGATGAATCGTACACAAAATGGATTGACCAGAATCAGCTAAGGCTCTCATGAATTGAACAATTGACCAAGCAGACTGAGAGTCCAGACCAGAGGTAGGCTCATCCAAAAACAATAATAATGATGGTTTAGCAACCAGTTCAACACCAATAGATAACTTCTTTCTCTGTTCAACGTTCAAACCTCTACCAGTCTTACCAACTAAGGCTTCAGCGTAATTTTGCATACCTAGCAATGTGATAATTTTTTCAACATATTCATATTTCTCCTCTAACGGAACGGAACTTTGCTGTCTTAACTCGGCTGCAAATCTCAGGGATTCCCTAACAGATAATTCGGCCATATGATTATCGGCTTGCGCAACATAACCACATGATCTGTTGAAAGAAGCAGGCAAGGGCTTGGCATTGACTAACATATCACCAGTGATGACACCCATATTGATTCTTTGTGCTAAAACATTTAACAAGGTAGTTTTACCAGCACCGGATTCACCCATCAAGGCGGTCATCTTACCAGGCTTAACGTAACCAAAGACATCCGATAATAATTTTCTTGTAGCTCCGTCGTATGGAATGGTGTAGTCCAGATGGTTCCAGGTGAAAACGTCCTTTTCTGCAATGACCTTTTCTAAATCGACATTTGGACCATTCAGAGCCTCCATCATTTCCTCTCTGGAAGCGGTTCTTGCATCTGCATTTTCGGTACCTAACTCCGGCATATGACCTCTCTTATATAACAGCAAGTCACCTCCTCCCTCAACAGGTTTCAAATATTCTGATAAGATGACATTGAACACAATATAACCAAAAGTCCACACAATGTTCACACCCCAATTTCTCCAAGCATGCTTATATGCGAAATGATATTGGTGTAAGATGTAAGAGTCACCGCTAACATACAAGTTACCCTTAACCGCACCAGCAGCATCACAGACTTGGTTAGCAATAGAAATACCTTCATAACCAGGACCAGATGGGACTAAGGCGCTACACAACATTTCCCTGTGGTGAAATTCAGTGGAAACTAAACTTTCAAAAGCATAAGTTAAAGGATTAATGAAATGAAGCCATCTAATCCAATGATGCATTTCACCAATTGGCAAGACAAAACCAGCATAAACACAAAGCATCAGGACCCATAAACCACCGACGGCATGGGCATCCACACCAGATTTACTCATAGTAGCAACAAACTTGAAAATGAAAGAAGTACATTGTTGCACAGTCAGTAGATATAAAATATACTGGAAGAAAGCACCAGCTTCATATTTCATAAATGGAATCCAGTAAGTAATCAAACATAGTATCACAATAGCGACAAATTTAGTAGGGAACTCAGTGATAATCTCTTGTAACGATTCCGCAGACAAATGGTACATGGAATATGATTTGTGTTTGACAATAACAGGTCTACTAGAAAAAGAGTTACCAATTTCGGCCAAGGAAGTAACAGAAGCGAACAATAAAACATAGAATAACATACCACCACGAGAATAAGCACCTGCCGTGGTGGATTGACTTTTGTCATCAATTTTGTGGAACATAGAACCGATAATCAAAGCTTTGATCAAAAAAGAACTTAAGTAGACCTTAGTATACGTTGAATCACCCTTAACCCTTTGAAAACCACGAATCATACAATAATAAACTTGTGTCCAATAATTGACAACATATTGAGAATTTTCTCTTTGGCCTTGTTGCAGTCTTTGCTTCTTGGCCACATCCAGTCTATCTCTCGTTTCATTAACAGGGTGTCTACTTTGATAATCATCATAAGTTCTTAAAAGTTCCTGATAATCCTCAGAGTTCAACCAGTATTCCTCAAACTCTGAACTAGATTTTGGAACTTTATCTTCATAGCCAGGTTTAATATCCAATGTCCTATTTTCAAAATCGACCGTGACGGATGTTAAAAATTCCGCAGAGGTCATTCTGTTTGGTTTAACCCAACCCATTCTTTGGAAATATCCAACAGCTTTATCAGCAGGACCGAAGTAAATCTGTCTACCGTTATATAGAACAGTAGTTTTATCAAATAATTCATAAATATTTTCACCAGCTTGGTAAATAGCAACAATAGCAGAGTTGTTTACCATATTTGTAGCCGTTCTAATGGCTTGGGCAAACTCTAAAGCAGTAGAGGCATCCAAACCTCTTGTGGCGTTATCCCAAGAGTAGATGGAGGCATTCATTGCCTGAGCTTCAACCAAGGAAACACGCTTACGTTCACCACCAGAAACACCTCTTACGAAATCGTTACCGACTTTGGTGGCATATGTGTGTCTTAAACCAAAAACGGTACACCACATATCTCTGATGTTATCAACGTATTGCTTTCTCGTCATTTTGTCAATTCTAACACGAGGAGTCTTACATTTTAGGGCAAAATCGATTGTTTCCTTCACAGTAATTTTTGGGAAATGGAAATCAAGCTCGGGACAGTAAATAACGTAACCTTTATACTTAGACATCATTTCGCTTTGGTCCAGACCATCATAGGAGAATTCACCTTGTACATCAACTAATTCTGAAGTTTCACCAGATAGACACTTTAGGAAAGTGGAGCAACCTGCACCTGGCCTACCGACGACAAATAACATTTCACCAGATTCAACGACACCCGTACAATTTTGAATAATATTCCTTAATGGGACATCAGATTTCTTGGTAAATTTACTTATGAGATGTGCCGGTATACTAGCAATATTTCTAAACATCTCTTCAACACTAGGCCCATATGCAGCAGAGGCATCAACACCGACTGCTGTTAGGTTTTTAAAGGCAATACCAGAATCACCAGGTTCAATTCCCTGTTCCAATTGACGAGACCTCAAATAATGTAATAGTGAGCGCAAATCAAAATCTAAGTCATTAATTTCAAAAGAGTCCATTTCCTTCTTTGTCTTATGTGAAATGACTCTCGCCATAGACTCCAACCTTTCAATACCTTCTTCATTGGAAAGAATGTTTGAAAGGTGACGGGATAGCTGAGAAGTGGCTGCCAAATCCTCATTATCAACTTGGCCTTCGGAGGCAGCGTAGGATTGTACCGAATTAGCATAATCATCGTCATGGTTCGATCTCGACGAAATGTCTTTCTCAATATGTTCGTCAGTCGAAGACATTTTTTTATTAATAAGAACAATAACAATAAATCTGTAAACCTTTTTTTTAAGTGAAAATTAGTAACTGGGAAAACAGAGAGAAAAAAAGCAGAAGAATATATTGATTGAAGAATAAAACTGTTTAACGTTCCCGTTTATTTTTCAGATTATCCTATTGTTATACTATTATCGTTCTTAGTCTTTTCTTTATATGATAAAGAGAACCCCAAAAAGAGAACTACCTTGTACCATGGTTGTTAATAAAATTGGATTTGTTGATATATTTATATGATTAACATTTCATTCAGGATAGAATTGCCTAAAAGGTAAGAAATAATCATAAGAACCGTCGAGAAAATGTGATACCGAATCCCTGCGGTGGACGTGGCTAAAGAATAGTGAAGAAAAACCGGCTGTAGTGTATGTTTTGTATGAGCCATAGCCGAAAGATCGAAAAAGTAGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:451127-453366

CGGCTGGTAAACAATCCATCTTTGGTTTAGAGGCCACTATCGTCAGAATAATATAAGGTCTATTTTCGGCGCGAAAGTCCTGATGAGGTAAATCGTAGTCAGGCGCCTGAAAGTCTAAACTAAACAATTGAAAGCCGAAACCGAAACGCGGAAAAGTAAATGGCACTCTTCGAGCGGCTACTAGTCGAGTAATTACATTTCTAAATTAGTCTGTGCAATAGGGAAAAGAGAACATTCTTACTCCGTTGCGATGTTTCTGAGCATAAGGCGCGCGCAAAAGCACGCACGCATTGACCGGAGCGGCGCCCACACACGGTTGTTATCCTAGTTTTTGTTGTGAGGAAGTGTTCATATTCTTTTAGGTTATATTTATATATATATATATAAAAGTTGAATGTAAAATGCAAAACAAAGATATCGTAGTATAGAGGGTAATATCACAGTAATAAAACAGGCCTGGTTTGAAGAATGATTATGTTGATGCTGGAGGTCGTAAATTGTAACATGAAATAGGGAGCATGCGAAAAAAAAAAATGACGAGCAAAAAAAGCAAGGTAGACAGGCGTGCCAAGCGGAGTAGTATGTCGTAAGAAGCGAGCAAATAGTACTCCTTGTCTTGCAAAGTAGCGAAGTACAAGACTGGTCTTCAGGCTGCTAGAGATTTGTATCAATTTTGTATTTTTTTTTCATCCCATGCAATTTTCCTTCCCATTTCTTTTGCTTTTTTTGCCGCGAATTGAAATATAAAGTCTGATATGAATTGTTGGAGTCATACCATTCTCTTACGAGCTGTTATTTCCCAGTGAGTACTTAGAAGAATCATTCTTTTCTAAATCGTAAACATCACTTTTCCTTGAAGATTTTAGTAACACTATGTTTGTATTGGAATCTTTCCTCAATCGTTTCTGCTGCCTTGCCAGCAAAGTGGCACTGGCAGTATCACTGGTACTTTTACTCAACTTTAGTCTTAAGCCTAATGAATTTAGAATTGTGACAAATCTTACTTTTATAGCATTAAGTTTCCAATTTTTGGTTAGATTACTGAAATTCTTGGAACACAACCAGCAATAGAACGTGAATTCACCATATAGGATAAAGAAGCCAAAAATAAATCCGGTAACGACGCAGGATAAGATGTGGTTTTCTAGTGCTTTCATCAATTTTGCATCATCTAAATGCCATGAAGAGCCTTTAGTAATGGAGAAAAATGAATAACTATGCATCTTGTAGTAAGCAGGTTGTAGGATTCTTACTGTCCCGTTCTTAGGTATGCGCCATCTTTTGTACTGCTTCCAAATAACACTTAAAAACAACGGACCAGTAGACCCCATAATAGTCATGTAAGGGATAAACCAGTACTTGTCATAGTGTTTCAAAGACTTTAAAGCCTTTAAAAAGAAGGGATGTCTAGGCACAGAACCCATGACATCGTTTGAGACACCTAAAGGTGAAGTCTTTCTTAAGAAGGCCGGGAAAGCTAACAAAGGATCTAGTTTCCTTTCGCAGCCGTCATCTAAATCGATGTATACACCACCATAATGGGACAGGATAAAGTAACGAATGGCATCGGCACGTTCTATGGGGTATTTGTAGTTCTCAAAAGTATCGAGAAACCACGGGTATTCTTCCTTTATAAACTCATAGGCCATCTCGTCCGTCCATAGGATGTACTTGTAATCTGGATGTAGATCGAGACATTTTTGTCTACCCTCTTTCCAGTGCTCAGGGATGTCTTCCGTTTTATAAGTCTGATGTATGATTTTAGGTATTAGTTGAGGCTTTGGAGGTGCATCTGGATTTAAGTCTTCCTCAAGTATAGCATCTTTAACAGTATCGTCAATACACAACGTTAGCAAATCGAAAGTGTAGTATATTATAGATAACAGGAGGAGTATGTTGAAGCAGATAAGGTATTTTAATTCTTTTCTCATCGTGAGTGCAACAGCGGAAAATCAGAAAAATAGAGTAAAGCAAATATGCGAAAATGAAAAGTGTCTTCCGATTTATTGTTTGTTTGTATGTGTTTATTTGAATCCGATGATGAATATTACAACAGGTTAAAGAAAACAAAACATGCGAAGCAAAATATGACGGGAATGTTGGCACCTTTTATTTAACTATATTAGAAAAGAAAAAGCAGAAAACGTAAAATATCTGCGTAAGCCTCCTCCCTGTGTCTTCACTCCTCTAACCATTTTTTCCAAGTAGAAAAGTTTATATATAACAAGAGGGGAAAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:453672-455303

GTGGGATTTCGTGGGAGCACGTGGCGAGCAGAGGAAGAGCCTCACACAATGCTGCGTTCTTCATAAAGGGGATCAAAGCAAATAGATAATCGATTCCAAAGACAGATGGCTGACACGCACTTTCACAGTTTCGCAGTTTTTTCTTTTTTCGTAGTCGCTTTCCTAGTCGCTTTCCTGGCTCTTTACCTAATCGGGCTTAACCTAGCAGTACCTTTTCTCGATTCATGAAATCAAAACGCTAGTCACTTCCTTATAATTTCCTTTTTCAATTTCCGCCGCTTGCGTTTACGTAGTTTATCTATTTATAGGTACGGTATACCCTACTGCATTAATAACAATGAGTCCAGCTTTTCTTGGGTCAGTTGAATATTTAATGCATGCTTGTCGCACTGGTTATTTAGGAGCCGCAATTCTAGCTCATTAGAATTGATTTTTAGGTTTAGTTCTTCCAAAGCGGAATCGATGGAATCGCTCTCTTTGAAAACTTCCCTCGCCTTTTCACATTCACTTTCGGTGTTGTTTGTCTTTTTCACATTTTTATCAAAATCTGTCAAGTAAATAAAGGGGGAATCTTTCATATCTAGTATTCTTTTCTTCTTGACGACGCTGCTGCTAGAGCCGTCGCTGTTACTTCTATTTTCTGGTACGTGTACTGGGTAACCCTTTGCATAATAGCCATTCGATGGGGGAGGCGGTGGTGTCTCACGGTGGTGGTAATTATTGTAAGTATGGCTGCTGGAATATGGATAAGCACTGCTGTGATATGATCTATTGTTGGTTATAGACGATACTGAAGGTGGTGGCGGAAGCCCGTTGCTGGTGCTGCTAGTGCTGCTGTTCCCACTACTACCATTTCTGCTGCTGGTGCTGCCAACGCTCATCGGTTGTTGGCGTGGATGATCTGCCTGCATGTTCCGGTATCTGGACTTGACTCTTTTTTCGTCATTATCTTCTTGCGAGGCGCTCGTGGTCCTGCCGTTCGTATCTTGACTATTGCCACGTTGCGGTAGGTGGTACGAATTTGTACCATTGTTGTACCTGGGGGATGGTTGTGCTTGGTAATGCCTGCTATTAGCTGAATAGTACGGCCTTGTATCTGTGTATCCGTTTCGATAGTATGCTCCGGTTTGTCTCAAGTCTCCCTCTTGGGGCGGCTGCTCATAGTCACTGTTGTATCTCGCGCCATAAGACGCATTACCGCCTCTGTAATACGATCCGCCTGCTCCACCTCTACTTCGTCTCGCATGGTGATAACCCCCCCTTTGTCTCGGAGGAGTGGATGAGTATCTGCTATAATTATTTCCCGTGTATCCGCTCATACTTTACTGCGGTTTTTTGGTCACCTCTTCTGCCTCGTAATAAATGTGGTGTTCTTTCCTTTCATCGCAGTTGATTCATTCTCTCTGATGAAAATAAGAGAAAAAAAAGAACTTCACAGGGTAATGGCCCGTACAAAGTGTCTTTTTTTTCAATTCGGAACGGCGGAATTCCCCGCCACTCTTGCCCCGCCCCTTAAAACGCCAAGGTGAAAGGGAGCTCTACTACAGGCCCGCCACAGTATGATGTGGGATAAAAAAGATGATAGGAAGAAAAGGTGCAGACAACATCCTGTATGGGGTGCACGGTGTGGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:455438-458587

AAGTTTTGGATTTCGGTGCTTCGTGTAGTTCTTCCCCTATATCTCAATCTAAAGTAAATTATTACAAAATATGGTGGTGATCTTTTAATCTCAAAGCTTCTTTTACTCCGGGCATTATAAAAACAGAATCTCTTAGCAGTTACTCTTTTCCCTTTTCTCTTGTGCCGTCATATTAGAGTAATTATAATTTCTTCTTTTTCGGCTTCCCCTTGTTTCTACAAAATCTCGATTTTATTATCTAACACTATCATAACTACTACTATTACTATTACTATTATTATTATTATTATAAATCTTAAAACTATTATTTGCTAAAACAAAATGGATGCTTTTGAGAATATGTCTGTATCAAATCATCCGGGCGGTAACGCAAGAAGAAACTCCCAATCAGCAAACGAAATGCTTGCATCGCAAATTCAGGATTTCCAGAATATTCCAAGGTCTTTCAATGACAGCAATGCAAATGTAAATTTGTCAAAAAATTGTACTGTCGGCAATCAACTGCCTTTCTCATCACGTCAACAAAAAATTATCATGGAACATTTACTGATAACGAAGAACAATTCTCAACAGCAGAAGGACTATTCACACGTGCCATGCAAATTTTTTAAGATGGGCAATTGCCAAGCTGGCTCGTCTTGTCCCTTTTCCCATTCCCCAGATATTATCAGTTCTGCGAATAATTTACCTTGCAAGTATTTCGCAAAGGGTAACTGTAAATTCGGTAACAAGTGTGTTAATGCTCATGTGCTGCCAAATGGGTTCAAGATGAACAGTAAAGAACCTATTGACATCACTCCCCCTTCACAAAACAACTACTTATCCCATGCTAGATCAGCTTCTTTCTCTACCTACACGTCTCCTCCTCTGTCTGCACAAACGGAATTCTCTCACTCTGCTTCGAATGCAAACTACTTTTCCTCGCAATACCTAATGTATTCGCCTCAGAAAAGTCCAGAGGCCCTATATACTGAATTCTTTTCTCCCCCTTCGTCTTCTTCTTCGTACATCAACTATAGCTATAATAACTCCAACATTAATGCCTATTCTCCAGTCTCTTCGTCTTCATCTAACATTTGGCAAGAGCAAGGCCAAACTACGTTATCGAATCCGAGTGTGAATCAGAATTTAAGGTATCGTACAGGCCCTGCAATTCAAGAAGAATCAGATAATGAAATTGAAGATTTACTTATTCACAATTTCAATTCCAGATACTGTCATGAATGAAGAGCCGCCCCATCCATAGTTTTTCCTAGTTCAAGCATTAATATACCGGACCACTCTACATCTTCCGAAAGCCGGAAAATAAGAACAAAAAATAATAAAAAAAAGCACGTTTAATATAAAAAACATTTCATTGTATGAGTTGGATTCTTTTAATTTTATTTTAAAATACGGTTGCATTTTGCATAGTAATATCCAACCAATTATTTACTGAAATTTGAAATTTGATTAAAAAAGTCAAACCAAAAAAACTACGACAATACATGAAGCTCTGAATCTTCTAGCCTAGTCATTTTATATATATATATTCACCTCCTCTCGATACGTTCCATCATAAGTTAGTTTTGTTTTTCTCTTTCTCGCGATCCTAATTAAAAATTAAATAAAATAAATAAATACATATGTATATATATTCATATGTAGAAGATTATTGTTCTTATACATCAGTGTTTTGATTTATGGTAACCTATCCCAACCTTCTGGCTTATCTTTCTTCATAATGTCGAAGTAATGTCCGCCACATGAACCACTTCTAAACGTGAAATCGTTACCCTGGTCACAGTTACAATTATATTGGTTCCATATATCATCGTTTAGGGGACAGTTATTGTACTTGTCATAATGGAATCCTATATTTTCGAAAAAATGTATTTTATCCTTTGGCAACAGCATCGATAACCCAATTGTGTGGATGATGGAATCAGACCATTTCCAGTAGAAAATACCGCCCTCTTCGTCGATGTAATTAAAAAATTTCCTGTAAGCTGGCGATCTATAAAAGTTCAAATTACCAATTTCAAAATTTGATGTGAATTCACAGTTGTTAAAATCTTCAGAGTCCTTTTTTGTAATAAATGACTTGAAATTATTCTCGGAAATAAACTTTGGAAAATCCTTTGCAAATTTTTTCGTAACATCCCAAATCTTCTCATTGGCTTCCTTAGCTTCACTCATACTCAATGTGAAACCAAACACTTTGCCTTCATCTTGCATCCACCTAAAAAGGTCATGATCAATATCACAGTACAATTTAATACCAGGGTCTACTCTCCAGTACCAATCAAACTCATCCAGAACTGGATGCCTCCAAAAAAACCCTGCAAAATATCTAGCTTGATATCTTACAGCTCTAGAATCACCATCCGGTACATTTGCTAATGAAATTAGCGATTCTGCTGCTTTATTTTCATCAATCCATTCAGGGTATACCCATTCGTCTGCAGGAATTTCAGCAAATTTAATATTAATTAACTCAGGATCACCATTCATAGAATCAGTTATGGCTTGACGAATCATTTCTTGCTTCATTCCGTCAAGCTCCCCCTGACTAATAAAAACCCAAGGATAAGCAAAATTTTTGTTAAACTTCACCTGCACTTCATCAATAGATTGTAAGATTTGGGTCATGGAATCCCTTTCAGTAATTAGTGAGACAAAGCACGCCTTTGGTGGTGATCCTCTATGATTGATATACGATGGCACCATGAACCCTAGCGTCGTTTCATTACCACCATAAGATTTGATCTTTTCCTTAATGGCATTCACGGTGGCATTTCTAATGGCCTCTCCCTCTAAAGATTGCTTCAATTCGGCTTCTTCCTGTTCACTTTGTATACGCCTTTGTTCCTCTGCACTAATTTTTGCAATAGGTTGCAAAGATTTCGGAAGGTATGGTGTAACATACTGTTCAGACATCTGCTTTGTTTTTGGATGATTTATTGTCACCATTAGCGCAAGCACGAAAACAAACGAAATCAACAGAAAGCGTGCTATTTTTTTGCTCAGCAGTACGTGCATCTTACCTTATCTTATCTTCACTAAAGGGCACAAAAGGTTGGGTGAACGCTTAGTATCCCTCTAGTCTTGTATACTCGTACACATTATAAGTACATTTAACAAATCTCATCCACATTTCTCGAATAAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:458729-462271

AGATAAAAGACCTAGTAACGTTGTATTTCAATAGTGAGGATAACATAAAGAAGTAAAAAGATCTTTGAAAATGTATGAAGTAATACAGAAAAGGAAAACAAAAATAATAAACGTTTTACAGAGTCCTGAACTCATGAGGCTCATAGAGGACCCATCAAATCTGGGTATTTCTTTACATTTTCCAGTAAGTTCACTGCTAAAAAGTAATAAGTGCACACCAATGCCTAAACTTTCTACGTATAGTTTGGCTAGTGGGGGATTTAAGGATTGGTGCGCGTGACATCCCTCTAGACGTTCCACCAGAGATTGATATCATCGATTTTTACTGGGATGTTATTTTATGCATGGAATCTCAATTCATATTAGATTACAATGTTCCGTCAAAAAATAAGGGGAACAATCAGAAGTCTGTTGCTAAGCTGTTGAAAAATAAGCTTGTAAACGATATGAAAACTACGTTAAAAAGACTAATTTATAATGAAAATACCAAGCAATATAAAAATAATAATAGCCACGATGGTTACAATTGGAGAAAACTAGGCTCGCAGTATTTCATACTGTATCTTCCCCTATTTACGCAGGAACTGATTTGGTGTAAACTTAATGAAAACTATTTCCATGTTGTATTACCATCTTTACTGAATAGTAGGAACGTTCATGATAACCACAGTACCTATATAAATAAAGATTGGTTACTTGCCCTTTTAGAGCTAACTTCCAACCTGAACCAAAACTTCAAATTCGAATACATGAAATTGAGATTGTATATTTTAAGAGATGATTTAATTAATAATGGTTTGGATCTTTTGAAAAATCTTAACTGGGTCGGTGGGAAACTGATTAAAAATGAAGATAGAGAAGTCTTGTTGAACTCGACCGATTTAGCTACGGATTCTATTTCTCATTTATTAGGTGATGAAAACTTTGTTATTTTAGAGTTTGAATGCTAAGCAGTTATATTCAGTTAGAAGCATATATCCCACCATTAAATAAGTTAACATACTACTGCATTTTTATTTTATGTTTAAGAGCAGATACGTCAATGTAGCTTGCATATGTACGTATCCTCCCCCACCTCCTATTTTCTACTTTGAACTTTATGGGAGTGTTAGTATAAGAAATATGTTTACACCTTTTTCAGACAAATGTAAACGGAAAATTAAAAAACGAATTCAGATCGATGTGTTAATCAAGTAGATGAAGGAGAATAAAGCATATAAAGCGCACCGCACACATGTTTCATTTAGTCAAGGGACTTTACAATAATTGGAATAAAAAGGAACAATATTCAATTCTAATATTAGGTCTAGACAATGCAGGCAAAACGACGTTCTTGGAGACATTGAAAAAGGAATACTCTCTGGCGTTCAAAGCCTTGGAAAAGATACAGCCTACGGTAGGACAAAATGTGGCGACAATACCCGTTGACAGTAAACAGATCTTGAAGTTTTGGGATGTAGGTGGTCAAGAATCACTGAGATCAATGTGGTCCGAATACTATTCCCTATGTCATGGTATAATTTTCATTGTGGATAGTTCAGATAGAGAACGATTAGACGAATGTTCCACGACCCTACAGTCAGTTGTAATGGATGAAGAAATTGAAGGTGTACCCATCTTGATGCTGGCCAATAAACAAGATAGACAAGATAGAATGGAAGTACAAGATATAAAAGAAGTATTTAATAAGATTGCGGAACATATAAGCGCTAGAGATAGTAGGGTTTTACCAATAAGCGCATTGACTGGAGAAGGTGTTAAAGACGCTATAGAATGGATGATTGTTAGACTAGAAAGGAATAAAAAGTCAAGACCACCGATTTATAAATGATAAAGAAGCACCAAAAGAAATAAAATGTGAATGGTTTATTCTCAAGCTCAGAAATTAGTTGTTGTAGCACTTTTTATTCGGCATTTTTTAATATACATGTGTAAATTATATATATATATATATGAATATATATCTTGTTTTGTTTATTTTCAACTAATAATCGCAACAATATTATCTTTCAATAACGCTATAGCTTCTGTATGCTTTTTGCTCAGTTGCTCAATGGTTCTCTTCCTCTATGTGATAAACCAAATAGTTTGGTAAGCCAAATACATCGTAGTTTAATCTCTTCGCCATCTTAGCAAAACCTTCTGTTTCAATCAAGTGATAAAATGGGAAATTAGGGAACATGGCACCGTCTCTGTGAACTTCTGCTTTGACCAAAGTACAGCCTCCACCAACACCATCCAGCGCCATCTCTTCACCTGGTACGCCATTAGCATCGTAGAAATGAGCCATTAATGGCCTATAAGTGGCAATTTCTGCATAACCCTCGACAATAATCTCGTCATCACCCATCTGAGAGGCTATTTCTAAACCGGTGTCACTTTCTTGCCAGTTGTTGAAATCGTATGGTCTGATTGATGGTTGCTTCTTCTCTTCATCGTAAAATCTTTGATAAATGTTTGCAGCTAAGATAGCTTTGTTGTGTTTGGTCATGTCTTGAATTAAAGATGGTGGTGTCTCTATAATATCGGCATCTAGCCACAGCACCCAAGAAGTGTGAGGTCCTATGGTGGAGAATAGTAATTCATTGCGCGCCAAAGCCATTGCTGCACGTCTTTCCTTTTGAACATCTAAAGCGTGTCTTTCCTTCTCCATCAACTTATCAAAACTCTGGGAATTCTGTCGCAAAATAGTAATTTTACTAAATCTTTGAGTTTTCTTGTCCGTTTGAACCTTTTTAATAGCATTCTCCAATTTCTTTAAGGCCAAGTCACCAGTGGCTGTTCTTGGTGTAATGAACCCCAATTCAATCAATTCCCGAGGGTAATTTAGCTGCAGCAAATTGTCCCAGTATTGTTGATGAAATGTTTGCATTGGAGTCAATATCAAAATATGCTCCTTATTGACAGCTGCTTCTGACGTAGAGTGCAATTTGTTCAAATCATAATGTGCAATATGACCTTCTGGGATAATATCTTCCACGTGATCGTTGAACAACCAGCCGCTTTTTTTCTTATAAGAGTACTTTGGCATTTTGTATTTCTTGGTGAAGGGAAAATAAAATGTGTTTTCCTTTTCGTGTGCCCATTTGTGTTGGGAAATGGACTGGCCATTAAGTCCCAACAGAGATTGATCTCTCTGGAAAAAAATTATATATATTAGAAATATGGCCAAAACAGGTAGAAAAATGTTAACCCACGGGTTCTTTCTTAGGCGGTACGATACAAGAGAAAGTGACATTGTTTCCTAACTTTTTATTCTAGCTCTTTTAAATTCTTCTGTTTGAAAAATACTAAAATTGATGCTATTCTCTTCTTACTTTCACAAAGTGCGGAAGGAAAAATAGGTTCAGAAATAACGGGTCCCAAGAGCGGCTAACAGAAAATAATAAAAGCTTTTCTACCAATTGAGAATCCGCTTGGTTGACGACTTTTCCTCCTTTATTATTCTTGATTTGGTGTTCTGTTTTACTTATATCAAAATACTTCAACGCCAAATCCGCTACAACGATGGAAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:462341-463870

TTTAGTTTATCAAACTTATATAAAAATTGTGTATGTACTGAATTGTCCTTGGTGTGCGAGTGAGAGTGTGTGTGTGAGTGCGTGTGTGAGTAGGTGAGTGTATGCGAGTGTATGTAAGTTTATAAGTGCCTGTGTGGCTACTATTTTCCGGTTCTGTGATGTGATGATGATTTTTTTGTCAGCTCCTTTGATTCATTCCATACTTTATTACATATGCTCATAAACATTTTCTTGTCTACATTGCTAGAGCTCAGGGGGAACTCGAAGGCAAAAATATGCGATGAGAGTCGGATTTCGCCTTGAAGAAGACTAGGTGATTGCTGCTGCGGCTGCGAGGTCCGCTGGAACGTAGTAAAAGTGGGAGTGGGGACCGCTCCGTCCTCGATGGCCAAGTCCGTACCCTCTTCTTCGTCTTTATTGGGTTCTGCCTCATGCCATGAACTCCTGTCCCGGTTTGTGCTTGTGCTTGTACTTGTGCTTGTGCTTGCGCTTCTGGCTTTCGTGTTGGCCGAGAGTAATGCATCCCGTTCAAAGTGGTATTCTTCAGCAGGTATCATATCTGCTGGGCGTAGATCCGCGCGCTGTTGCGTAGGACCGGCATTCGCACTTGATCCTACGCTAGAATTTCTTGAGCCTTCCTCGGATCGTCTGGTTTTCCCAGTGGAAGCGGTGCCACTCAAAGGCGAATCATATGAGTCGTTAACCCTCTTGTTTCTGTAATTGCTAGCACTATACTCATTTTCTTCGTAGGGCCTAGCGTTGCCACCTTGCATAGCATAAGGAATGGAGGTCCGCGGTCCCATTGGATATGGATACGACACGTAGGGTGTCATTATGGGCTTGTTCAGCATGTGAGGTGGAGGGATACCGTACGGATTATAATATGGTGACATTATGTAGCGATTCATGGGCATGTAAGGGTTCATGGCGCTCATGATGCCCGCCGAGGGCATGTGTGGTTTCCCATAACTATTGCTGCTATTATTCACTTGTATAGATTGTCTAGAACTGGCCTTTCCCAAGTATTGGACACGGGGCTGGAACTTGGAATGCTGAGTAACTTGTGCGGGCGCGCTTTTCACGTTTTGATTAGCAACAGGAGGAAAATGTGCAGAGTTAGACGAAGCCAAGTTGCCGTCCTTAATATTACCACCGTGTGTATTAGTGTTGCTATCCGATAAATTCAAAGGCGCCGGGACTCTGCCCCTCTTCAATGATTTCTTCGGATTCTTCAATGGTTGGGCTTTCCTCTTCTTCGCAGTGGCTGTCTCAGAATCCTCATGATCTGCTTCCTTGTCACCAGAGTCATCCTCCTCAGGGACATGCTCTAGCTCCGACTCCTGACCAACGCTGTTTCCGCCTGGCGAATTCTTAATGTTGCTATCGCTGCTGCCCTTAGCATTTGCTACACTGATTTCTGTATCACCAATTGGATCTTGTGTTGATTTAGCAATGGATGTATCCTCGGCAGTCGTTCTCAAACGGGCTGATACGGCCATTCTCACTTTCTATTTTCTTCTTTGAGAAACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:464324-465735

CTCCTTGTTATTGTATTTTCTGTTATTAGAGCATACAGAACATAGAAACTCAAGATCAGATACAGTTTTTGCACGCCATGTCTCAAGGTACTTTATATGCTAACTTCAGAATTAGAACTTGGGTCCCAAGAGGTCTTGTCAAGGCTTTGAAGCTGGACGTTAAGGTTGTTACGCCAGATGCCGCCGCTGAACAGTTCGCAAGGGACTTTCCCTTGAAGAAGGTTCCGGCTTTCGTGGGTCCAAAGGGTTACAAGCTAACCGAGGCAATGGCGATTAACTATTATTTAGTAAAGCTTTCACAGGACGACAAGATGAAGACTCAACTTTTAGGTGCCGACGATGACTTAAATGCCCAAGCGCAAATCATCAGATGGCAATCTTTGGCCAACAGTGATCTGTGCATCCAGATTGCCAACACCATCGTTCCCTTGAAGGGCGGCGCCCCCTACAACAAGAAGAGCGTTGATTCTGCGATGGACGCTGTTGACAAGATCGTCGACATCTTCGAGAACAGATTGAAAAACTACACCTATTTGGCTACGGAAAACATCTCCTTGGCCGACTTGGTGGCTGCCTCGATTTTCACCAGATACTTTGAAAGCCTGTTCGGTACTGAATGGAGAGCTCAACATCCAGCCATCGTGAGATGGTTCAACACCGTTAGAGCCTCACCCTTCTTGAAGGATGAATACAAGGATTTCAAGTTCGCTGACAAGCCATTGAGTCCCCCTCAAAAGAAGAAGGAAAAGAAGGCCCCAGCCGCCGCTCCCGCCGCTTCGAAGAAGAAGGAGGAAGCCAAGCCAGCTGCTACCGAAACTGAAACTTCTTCCAAGAAACCAAAGCACCCATTAGAATTATTGGGCAAGTCAACTTTCGTTTTGGATGACTGGAAGAGAAAGTACTCCAATGAAGACACCAGACCAGTTGCTTTACCTTGGTTTTGGGAGCACTACAACCCAGAAGAGTATTCCCTGTGGAAAGTCACCTACAAGTACAACGATGAATTGACTTTGACTTTCATGTCCAACAACTTGGTCGGTGGTTTCTTCAACAGATTGTCCGCCTCTACCAAGTACATGTTCGGTTGTCTGGTAGTCTACGGTGAAAACAACAACAACGGTATTGTTGGTGCAGTTATGGTTAGGGGCCAAGATTACGTTCCAGCTTTCGATGTCGCACCAGATTGGGAATCTTACGACTATGCAAAGTTGGATCCAACTAACGACGACGACAAAGAATTCATCAATAACATGTGGGCCTGGGATAAGCCAGTTTCCGTCAATGGCGAACCAAAGGAAATTGTTGACGGTAAGGTCTTAAAATAATCTCTTCGTACTATCCTTCATGTCGCCTTTTATTATAAAGTATGCTAGGTAGTTTTATCTATATCTTATTTATGACGCAATATAGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:465855-474969

TTTTCTTGATTCTGAGGAATCGAAGAAGTAACTTAGCGTTTCTTCCGTTGAGCAGAGCAGTATAATAATCCTTCAAATTCTTTAGGTTACGGGGTTTTCCTGTTGCGATGACCGAAGAAACTATTACTATAGATTCTATTTCAAATGGGATACTGAATAACCTGTTAACCACATTGATCCAGGACATTGTAGCTCGGGAAACCACTCAACAACAATTGCTGAAGACAAGATATCCGGATCTTCGCAGTTATTATTTCGACCCGAACGGATCTCTCGATATTAATGGACTACAGAAGCAACAAGAGTCCTCTCAGTATATTCACTGTGAGAATTGTGGCAGGGATGTGTCCGCAAACAGACTAGCAGCTCATTTACAGAGATGTTTGAGTAGGGGTGCTAGACGTTGACACTAGGTGGTGGTTTATGGGTAATTGAAAAGGCACAGACAGATTTTAGCCCATTTCTTGTGGGCATAGGTTCATAAAAAAAGCAAGATTCTTACATTTTATGCGGCATATCTGCACATAGAAGTTCATGTAGTTATGTGGTAACATCTCAAAGAGAGAAGGCGAAAACTGTTTTAGCTATTAACTACATGTTTTTATAATAGCACCTCCCATATATGATGCCAAATGATACCTTGCATTCCGTTATGTGGAAGGGTTACACATAAGTACGCTATAACAATGCATTCAATTTTCTACATATCAGAGTAATATGCTGCAACATCACACCCATATAATATAATTTTTTGAAAGAGTTCCTAACTCTTTTTTGTTTTTCCTGTACCTATATACTCAAATAGTCCGCCGCAAGTAGCAGCTCTAACGACATTTCTGTCGGTATTTCAAACTCTGGAATCTCATCATCGTCCTCGCTAACGCCGCTGTACTTCAAATTATAATTTAAATATTCCACAGCCTTTTCTAGAATATGCGAGTCAAACTGCTTGAGCTCTATTCGGCCTTTGCTTTCCCTGAAGGGTCCCTCAATCATAGCTTTTAACGTCGGTGAAATCATCGCAGCAGATCGTGATATCTCATATTCCTTATCATCTTTTGATACTAACGTAACGAAATCTTGAGACATTTAGTTATGGTTTTTTATTCATAAATTTCTGACAAAAGCAAACAATAGGAAGAGTTTGTTCTACCTTTGTCTGTTTTCGACTTACTTGTGCTTCCTTTTTTTTTTTACTTCTTGATTTTCCACTTCTTTTTTTTTGATTTTGGGAACGTACAATAAGGCACCAAATAGTAATATCGCTATTAAAGTCAGCGTAAATACCAAACCTATATCCCTAATGATTATAAGCAATCGTCTCCATATCAATCAATAGAGGAAAAAAGGAGAGAAAGGAATAGTACAGACGGATAGGCCTCCCTTTTGTTTCGCACTAATAAAAATGAAAAACCCTAGCTTCGACTGGGAAAGATTGAAAGACGTATTTTATAGAAGCAGAGCCATTGGCGAATTAAAATGGCCAACTCAGTACGAGGAGTTCAAATGTGCCTTGTCATTAACTGTTATCGCGGTTGAAATTCAAGACTTTATACAAGTATACAATTATTTTGGGCAGCTGTTAGGCAAGATAAATTTGCAAAGAATTCATGAGGATATAATAAAGTTTGAGTTCGATAAAGACGAGAAGCTGATATTGGTCACGAAAAGCTCCATCAAAATTGTGAAAGGTTGGTCGCCACTGACGATAGAAAGTGTCCCATTACAGGACCCAACCATTGATACTATCTGGGACTATCACAATGGAATCATGTTGTTAGCAAAATCTCGTGATATATACAAGTTAAACGGAAATGAATGGGAACTTCTTTACGAGAACAAAGATAAAAAATATAATTTATTGACAAAAAACCACTGGAGTTGCAATGATGACTCCATCATTTTACTGGATGTTGATCATGTATATCAAGTAAGCACCTCGAACGGGGCACTATTGAAGTTAATCACAGATTCGTCGTGGCACAAGGTAACGATCTCATCTAGAGGATTTATTTGCCTTTATAATATGAAGGACAATAAACTGCAGATTTTCAGAGATCCAGCAAGAATACTAATGGAACACAACTTGGATTCTACACCAGATGATATATGTTGGTGTGGCAATGATACCGTTGCTTGTTCTTTCGAGGACGAAATCAAATTATACGGCCCAGATGGTTTGTATGTAACATTTTGGTACCCTTTTACTGTAACTAACCTAAGGGCAGAGGTTGATGGGTTGAAGGTTATTACCACTGAAAAGATTTACTTTCTATCCAGGGTACAACCTCAGACTTCTAATATATTTAGAATTGGCTCAACCGAGCCTGGTGCAATGCTTGTTGACTCATTTAGTTTACTGGAGGATCATGCACCCAAAGCAATTGAAATATTAAAGAATTTTGTCTTAGAGAAGGGTGTACTGGACTGTATTGCTGCTGCAATAGACGAATTTGAACCTAAACTACAGAAGATGTTGTTGAACGCTGCATCTTATGGAAAAGCTTCTTTGCAGTACAAGTCATTTGACGCTAGTATATTTGTGAATGCGTGTAATACGATAAAATTATTAAACTGCTTCAGAAGTTTTGGTATTTTTTTGACTGTGGAGGAATACAGGTGTATTTCTTTGAAAGGTGTCATTGATAGGCTGTTGAAGTATCACAGATATTATGAGTGCATACAGATATGCAAATTGGCCAATGAACGATTTCTGTTAGGATACGTGTTTACTGAGTGGGCAAAGGATAAAATCAAGGGTAGTCCTGACATGGAAGATGATGAGTTACTAGACAAAATCAAATCTCGACTAAGTGTTATAGATATGACGGATACATTACAAATGGTAGCAGTTGCGAAAGTTGCATATCTTGAAGGAAGGTTCCAGTTATCCCGTAATTTAGCTTTATTAGAGAAAAACGAAGAAGCTAGAATTGAGCAACTGTATAATCTTGATGATGATAGTATAGCGCTAAAGGAGTGTATCAAAGTACAAAATTACAGTCTGACAATTTCATTACTGATTGCACTTTCCAAAAAGCTGACAAACTCTCAACTGACGAAGCTTTTGATCATTGATATGTTCAACAATCCCTTATATCTCTATTATATGAGAATGGATAAAGCATACTTGTACGATTTTTACCGCCAAACTGACCGATTTATTGACTTGGCTCACGTATTACTGCAGCAGGGAAAAGAACAGCAATCTTTACACAGCTTTTTACCGCAAATTAAGGACCTTTATAGCCAAGTTCAAAACAGTGAAGTGGTCAACAATACAATAGAACAACTTCAAAGACAGGAAAAGTTGTGGATATACCAAGAATCATTAGGCAAAAGATTTGCTATATCATTCACTAATATGACTTTAGATCAAACGCTTTCGAAGTTAATAGAAACAGGGCAAGATAAACAGGTGAAAGAAATAGTTAAAAAGTTCAAAATAAGCGAAAAAAAGCTGTATCACCTGAAATGTAAAACGTTAGTCGAAGCTAAGAAGTTTGACGAACTACTACAGTTTGCTCAGTCGCGGAAATCACCAATTGGTTACATGCCTTTCTACACATACTTAAAAAGCAGAGGCCATATGGATAAAGCTAGTCCTTATGTTAATATGATACCTGGCCTTTCGTATCAGGAAAAGAAAAAGCTTTATGTGGAGTGCAGGGGTTTTCGTGATGCAATTCAACTAGCAGGAAAGGAAAAAGACATTCCAGGCTTAAAGGAGATATATAATATTATACCACCTAATGAGCCGGAATTAAAGGCATTAGCAAATGAAACTATGAGCAGGATATAGAACTCATAATTTATAGACGTTGTGGATATCTAGCCGCATATCAAATAATTAAATGCTGCCATTACGTTTGTGCGGTTATATATGTTGGCTCCCTATAGGGTTACCCATGGAACGGCGAAGGAAAAAAAAAATAATTTTCACTGAAAAATTTCAAGAGTCTATCTCATCTCATCGTTTATTCTGAATTAAATACTACATACAAAATCTTTTTATTAGTAAAATAGTGAGATTTCTTCGTGAACTAGTGAAAAGCTATCAATATTACCAATCTACCAAAGTGAGATGGAAGAAACAATAGAAAATGTTGAAGTGCCTTCTAGTAATGTCTCAAAACAAAATGACGACGGCCTAGATATGAAGACTTTGTTTGTGAGGTCTATACCCCAGGATGTCACAGATGAGCAGCTGGCAGATTTCTTTTCCAATTTTGCTCCGATCAAGCATGCGGTAGTTGTTAAGGACACGAATAAAAGGTCCAGGGGCTTCGGGTTCGTTAGTTTTGCTGTAGAGGATGACACAAAAGAAGCCCTAGCTAAGGCCAGAAAGACCAAATTTAACGGACATATCTTGAGGGTAGACATTGCTAAAAGAAGAGATCGTTCAAAGAAAACATCAGAAGTGGTTGAAAAGAGCACACCTGAGTCATCTGAGAAAATAACGGGCCAGAACAATGAAGATGAGGACGATGCTGATGGTGAAGACTCCATGCTAAAAGGTAAACCGAAATTAATTATCAGAAATATGCCATGGAGTTGTCGTGATCCAGTTAAATTGAAAAAGATCTTTGGTAGATATGGTACCGTCGTGGAGGCTACCATTCCAAGGAAGCGTGATGGTAAATTGTGTGGATTTGCGTTTGTTACTATGAAGAAAATCAGTAATTGTAGAATTGCTTTGGAAAACACCAAAGACTTGAAAATTGATGGTAGAAAGGTGGCTGTTGATTTTGCTGTTCAAAAAAACAGATGGGAAGATTACAAAAAAGCCCAGCCAGAAATGAATGACAAAGATGATAACGAGTCAGGAAATGAAGATGCTGAAGAAAACCATGACGACGAAGAAGATGAAAATGAAGAGGAAGATAGACAAGTAGATCAAGCTTCAAAAAACAAAGAATCGAAACGTAAAGCACAAAACAAAAGGGAAGATTTTTCTGTTTTTGTTCGTAACGTCCCTTATGATGCCACTGAAGAATCTTTGGCTCCGCACTTCAGTAAATTTGGCAGCGTTAAATACGCATTACCTGTTATCGATAAGTCTACGGGGTTGGCTAAAGGTACGGCCTTTGTAGCCTTCAAAGACCAATATACATATAACGAGTGTATCAAAAATGCGCCTGCGGCTGGCTCTACCTCTTTATTGATAGGTGATGATGTCATGCCTGAGTATGTGTATGAAGGTCGTGTTCTGTCCATTACTCCAACGTTAGTAAGAGAGGATGCTGGAAGAATGGCAGAAAAGAACGCCGCCAAAAGAAAGGAGGCCCTAGGTAAAGCGCCAGGCGAAAAAGATAGACGTAACTTATATTTGCTGAATGAAGGTAGAGTTGTTGAAGGCTCAAAAATGGCTGATTTGTTAACCAACACTGACATGGAGATCAGAGAAAAATCTTACAAATTAAGAGTGGAGCAACTGAAAAAGAACCCATCTTTGCATTTGTCGATGACTAGGTTGGCTATCAGAAATCTTCCTAGAGCAATGAATGATAAAGCATTAAAGGCGTTAGCTCGTAAAGCTGTCGTGGAATTTGCTACAGAAGTTAAAAATAAGGAAAGACATCCATTGAGTAAAGAAGAGATTATCAGATCTACAAAGGAAAAATACAAGTTCATGGGTCCAGATGAGATTGAAGCTCAAAAAAAGAAAGACAAAAAAAGTGGTGTTGTCAAGCAAGCAAAAGTTATAATGGAAGTTAAAGGATCAACTGCGGGAAGAAGTAGAGGTTACGGTTTTGTAGAATTCAGAGATCATAAAAACGCTTTGATGGGCTTAAGGTGGTTGAATTGTCATGCCGTTACCTCCGATGAAATTTTAGAGGGTTTGAATGATGATGAAAAGAAACAAGTAGACAATGACTTAGGCAAAGGAAGACGTCTTTGTGTTGAATTTGCGATTGAGAACTCTAACGTCGTAAAGAGAAGAAGGGAACAATTGAAGCAAGCAAGAACCAAGAGAACAAGACCAGATAATGAAGATACTGGAGATGTCGGAGAATCCGAGAATAAGAAGCCAAAAAAAGAAGAAGCAACGACGCCCACCAATCCCGATGACAAAAAGATGGGCGATGATATAAAGAGAATAATCGGGTTCAAGCGTAAGAGAAAGCACGCAAAAAAATAGAGGTAGAACCATATTTATAGGAATTTCGATTTGTATTCTCTTTACGTATGTACATTATTTTTCAAAGAGTAGATAGATGAATCTCTAACGTACTCGAAAGCTTTTATGTCGTTATTTTAGTACTGTTTTACGAGAAGCGCGAGAAACTCTCTACATATACTGTCCAGCATCTCAGTAAATCATACTGAAACCTTATTACCAGTATCGCTCCTAGACGTTCCGTTTGAAGTAATAGGCAAGACGAGAATTATTTATTTCCCATGATATACATAATGGTTATAAGTAGACCGCAAATAAAAGTATGTAAAATTAGCTATGTTTCTACATTGTTTGTGCAATGACTTTTAGGTTCGGCTGGTCATTAATAACTAGGTGATGCTGAATTCACGTATCTTATTAGATACATTTAGAATTCATGACTTCTCCTTTGTATGAGCGTGTCCCTCCTTTTCTTGATGGTTTCAGCCCTTCTACATACTACACAATGTACTTTGTTAACCGATGATAACTCTACTTTATACGTAGTTTAGACTTTGAACGGGATGAACTGGTTGTTTCATCCAATGTTTTCGTAAAGTCATTCTTTTTTATGGAAAATGTACAAAGTTGTTTATATTTTTTGCTATGGTTATTAACCTGAATACCATTAACAGATGTGTTATAATGGGAACATATTACTATTGCCGATAAGTTACGAACAAACCTACTACTACCATTATATAAAAATTAAGGGGGGTACTTGAAGTCTTTTCTTTCTTCTTTTTTGGGAATGCATGAGATATTCATATGTTTTAAAGCCCCATTAGTTGAGATGAATTATGACGAAATTCGCATACATCTGCGGAGAACAGGGTTTTAGCTCGACCTAAAATCAACCCATTATTTTACCTGAATGTTGCAGACTTGCATTCTTAGTGCCTCTAAAGCGAAAAATTGAAACTGTATGCCGATTTAAATACTATAAAGATAAAAAAAAGTTTAATGAATATAATAGTGACAGTGCTGTGGAATGAAAAATTCCAAATATATATAAAAATAGAAGCCTATCTTCTGTTTTTCTTTCGAGATGGCTCATCTGATGCATTGTTTCCTGACACCGCAGCAGCGGCTGCTGCTGCCGCGGCCAGAATTCTACGGTTAACACCAAGCCCACCTAACGCATTTGCAGCGGCACCTGCGGTGATTCCTGAAGCTTGTGTATTGTTTTTCGTTCTTGATCCAAGATTCATGATGTCATTATCGTTCGTGTGAATTCTTCTTGCCGGGTATTTGTAAGTTAGACCTTCAAATACATTTTCACTAACAGGAATATCACTTTCTGTGAAGTACTTATGTTCCAACGCATTAAATGCATCTATTCTTTTAATTGGATCATAATTTAACAAGTGGTAAAGTAAGCTTAAAGCATGCTTGTCCCTTCCTCCCGCGGAATGATACCATGTAGCAAGGTTATCCCTATACTTTGGAAACTTCGTAATTTGATCATATTCTGGATACTTCTCCAAATAAGGCCAAATTTTTTGATCGGGAGTGCCAAGAACTTCCAAAATTCTCTGTAGTTGATTCACTTGAAATGGAACAGTCTTTTTAGAGTCTAGTTTAGCTTCTTCACCTTTAAATATGGGCTGTAATCCTATCAGTTCTGCAAAAATGCAGCCAACGGACCATAAATCAACCGCAGGGGTATAGTGCCGTGCTCCCAATAGCAACTCAGGTGCACGGTACCATATAGTGACAACCACTTTATCCCCAGTATAGAGGGTTTGCAGCATATTATGAAATTTTCTGGCCAAACCTAAATCACCAATTTTAACACATCCATCTATGGTCACCATTATATTTGCGGGTTTCAAATCTCGATGAAGCACCCAATTTTGATGAAGATACGATACGCCGTCTAAAAGCTGCCACATAATAGACCGAACCATTCTTGGTGGTATCATCCTTTTTTCGGGATGGGAATGGAAGTGGATAATTTGTAGCAGATCATGCTCCGCATATTCGTATACCATATGGACACATTTCCTTTCCAAAAAAATTTCCACTAATGTGGTTAAATGCTTGTTGTGCAATTCTCGACATAATGCCATTTCTCTACAGGCACTCTGAGATATTCCCGTATAATGCAATTGTTCGACGCCATCCTTCTCTGTCTTGAACTTTTTAATGGCATAAAATACCGTCAGCGGTTTTTTAATGAGGGTTTGTTTTTGGGAATTATAGTGCGGGGATACATCTTCCCTCGTAGTTCGTATTCTTCCGGGGGTCACTCCTTCATCCTTTAACAAGTTTCTTCTTAATGCGTTTGTATTTGCCTGCATGTCCATTGAAGAGCTTGATTTTGGTTGCGTGCTGTCAAACTGCGGAATTTTCGCATTGGTACCATTCAGACTAGAACCATTAGCGGAATTGGTACCGGAGTTGATTTGTCTTTTCGCTTTGTAAACTTTACCATATGTGCCCGCAGCAATGTAGCCAATAACTTCGTACTTTTCTAAGACAGATACCCGCATTCTATCTTTTCTTGCCCTATAAGGTCCAATAGTAAAAACATCATTATTGGCCATTAGCATCGGGGCTTTTCCATGCACACTTCCGATTGTGTTTTTCTTTCCAACGAACGATTGAGCTTGCTGTTGTCCTTGTACCTGCATAGGCCTTTGGTACATTGGCTGATAGGAGTTTTGTGCTCTATCCTTGCCATTATACATTTCTCTCTCCTCCCGTCAAAACTAGGCGGCCTTAATTCAATTGGGAAGCAAAATTACTAACTTCAGTATACCCTTCCGCCTTTTTTCTTTCCTATAAACCTTTCTTGTATCCTTTTTGTCAGCAGTGATTGTGGGATAACTTTCAAGTATTGAAGCGGGAAAATGAAACGCAACTTAAGCCACACCACGTAATTCTTGAAGACTTTTGATGTATGATATTTATTTCACTGTTAAAAAAAGCTATAATTTCCTCTAATCAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:475167-475731

TTCCCAAAATATGGTGCTCCCCAGATACTAATGAAAATGCGTACCGGATATAGTAATTTTACTGTAACGTAGGCTACTGTGCCAGATAAAATCAACTTGTTTTTGTTGAGGCATTCCTGATATCTCTTACCAACAAATTTCTCCATAGCTGTATGACAGCTATCCATTAGGCCATTTAAGAAGTTTGGGAGCTTAAAATCATCAGAAAGATCGAGGTTATAAAGTAACCACCATAGTAGAAACAGTGGTAGTATGGCAGTTACCTCATGCAAGATGAAGAATGATGTAAGTGTTGGAACCGTGCCGGCCTCACTGAGGCGGTCGAAATAGTGTGAAAATTTAGGATTCTTGTTTAACCTTGTTAAAAGTCGTGACTTGGAAAATATTTTACGTAGTCTATCCTCCCTTCTTTTCACTGGATCTAAATTTCCCGATATGAATCTAATTTGGGTTGATCCGCCGGGCCTGGTGTTCATAAACGTGGTCAATTGCGTTGGCCTTTTAAGCATGAGCTCCAACGGTCCAGAGCCCATCTGCAGTTGACAGGGCCTGAAGAAAAGATTCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:475918-479041

ATAAGTACAAGAGGGTTTTTATTTTCTAAGAGCCAATAATTGGCATTCTTTATATACAGGAAAGGTACATGTCATTCAAGACATGAGATGATCCACAGCTTCTTTACATCTGTCACACAATTTATCCTCTTCGGCTGAGTTGGCCTTCCAACATCTGGGACAGTTGTGCCTTTTGCTTCGTTCAACCAATATTTGAACGTTTATTCCGCTTCCCAATTCAATAGTTGGTAGACTGTTATTATTATCGTCCATTTGCAATATATCAACAGCAGATGATTGCAATATGTCGCAAAGCTCGTCAGAACTGAATGGGAGGTGATGCTTGGTGAAAATGGTAACGTGACTATGTGTTGTTTTGGTGACACCTTCTTCTAGACTTAACCTCTTGAATTCCTCCTGGAACTGTTTTAGAATTTTTAGTTCAAAGTTTTCAAAGGAGGTGACGATTTCCGTATTTGAGTCCAAAAACGGCCATTTTCCACGCATCGGATTAATGTCTATATGTTCTTGTCCTTGTAACCATCCTTCTGGTATATACTTCCATACTTCTTGGACCATAACGGGTAATATTGGTGCAAGAATTGCCCTATATGCATTTAGTATATGGACAAGCGTTGTTTGGACCTGCCTTCTTGCCAATGACGATATTTGGTTGGAATATAAAATATCCTTTGAGATATCAAAATAAAACGCCGATAGCTCGTTATTTAAATGATATTGTAGAGTAATGAGAACCTTGGAAAAGTTGTACTTTTGGTAGTGTTCTCTCGTCGTTTCCAGCAGTTCGTTTATCTTATACAAGGTATATTGATCAACACGGCGTAATTGTTCAATCGGCAAAAGGTTGAAATCTTGGGACTTCTGTAAATTACTCAATAAATAGCGAAAAGTTAGTCTAACCTTTTTTAGAGCTTCTCCTACATGTTTCATCACAGTCGGGCCAGCAACTATATCAGTTGTGAAATTCGATTGTGCTATCAGATACCTCAAGCCATCAACACCCAAAGCTGGTAAGCCTAAGTTTTCATCGCCTCGAATTATTGCTTCGGGAGAAATTGTATTTCCCACAGATTTTGACATTTTCAGACCATTCTCATCTAGGGTAAAACCATGAGTAATCACTTCTTCATATGGTGCAACAGGGACATTACTTGATGCTACTTTTGTTAGCAGTGAACTTTGAAACCATCCTCTATGTTGATCAGATCCTTCTAGACAAACTTGGTACAGGGGGGATGGGAGTTTTGACAACTTTAAGCTTTTTTCATAAAAGTCTTTGATCACACTCCATGACGACCCACTATCAAACCACACATCCATAGTATCTTGAGAACGACAGTATTCATGCGCTACGTCGTGATATTTTTCTGGCAACCATTCTTTCATGTCATTATCTTTATCGTTAAACCATGCATTAATTCCTTTTTGTTTGATTTTTTCTATGGCATGTGCCAAAATTTCTGAATTCATCAAAACAGAATCCGGTTCGCTCTTCTTGTAAAAGCTTAATATAGGGATACCCCATGAGCGTTGCCTAGATATGCACCATTCATTTCTGCTTTTCATAAAGGATGAAAGTCTTGAATAGCCTCTTTTAGGACAAAACTTGACGCGGCTGATGCTTTCCAGAGCCAAGTTTTTTACATCGTGTAAATCTGCAAACCACTGTGGAGTAGCTCTTATTATGACAGGTTTCTTGGATCTCCAGTCGTACGGATAAGAATGCGTGTATTCGTGAGATTTGTAAAGTAAATTAAGGTCGCTTAACTTACATAGAATGATTTTCGCGGTTTCGGCATCCAATACTTGCCTACCTTTTGTTAAGTCTCCTTCATCTCTCACGATGGATCTGACGGACTGAGGAAGTTCATTTAATTGGTAGCGGCCCTGGTGATCCACGGGAGAATAAATTTCAAGACCATTTTGAATACCAATGAGATAGTCATCCTGTCCATGCCCTGGTGCTGTATGAACCAATCCAGTCCCTGTACCGCTGGTAACGTGTGCACCATGTAATAAGGGCCTGCCAACCTTATCGTCTACTAAGAGGTTTTGATAATATAGCCCATTTAGATGAGTTCCTTGAAACTGTTTGATAGTCTCAAATGAGTTAGTTGTTAGGCCCAATTTATCAATGGAGCCGGTCTCTACAAGGATAAGTTCACTATTTAAGCGTAATAGGGAGTAGGAAAAATCCTGATTGAAACAGATTGCTCGATTAGAGAGAAGAGTCCATGGAGTACTGGTCCAAATCAAACAGTATATAGGCAAGTTATTCGTTATTCCTAGTTTTTTGCACAGATCCATCTGGGATTTCTTTTCAAGAGGAAATTTAACATAAGCAGCGATGGATTTATGGTTTTCATTATATTCTAATTCGCCCTCTGCTAACGCTGTTCTAGTTTCTGTACCCCAGTAAACCGGTTTGTTCTGTCTCTTAATCAGTCCTCTTTCGTACATTTCTTTAAAAATATTTAGCTGATTAATTTCATAGTCTTTATCCATTGTTAGGTATGGTGTTTCCCAGTCCGTTAAGATGGCAAAATGTTGGAAAGTTTCCCTTTGCCTCTTGATTGCCTTTTGTGCATGTTTTAAAGCCATTGACCTGATTTTTAAAGGCGATATTGACTCGATCTGTTGCGCGCTTAAATCTTTCAAAGCTTTAATCTCGATGGGTAGTCCATGACAATCCCAGCCAGGCTTATAAAAAATGTACTTCCCCTGTGAAAGTTGATATCTGTTTATGATATCTTTCAGAATTTTATTTAGAGCATGACCGAGATGGAGCTCGCCGTTGGCATAGGGCGGTCCATCATGTAAGATGAACAACTTTTCTTTAATGAACTCTAATTTTTCATCAGTCGTATTAAGCTTTGAAAATTCTTCGAAGAAATCACGTAGCTGCTCCTTGTAAACTAACTGCGAAGATTTTGGTATTAATTCCCTCAATGTAATCTCTAAGTTTGATCTATTAGGGAATTTGGTCTTGGGCAAGTTTAATGTTTTTTGGTAGGCATGTTTGGCGAGATATCGCTTGCTAATAATGCTAAAGATATGTTGAGGCACAAGCCTGGAGCGCTTCATAAGTAGCTAAAGATCGTTCTTAGTATACTGTGTTCCATAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:479184-481989

AATATTTAAAGAATACGGGGTAGAATTATTCACGCTGGGGGATGCTGAAAGAGGAGTATAATTTGAGCGGTGCTGATAACATGGCATCTGCTGAGTTGTCATTTAAAAAGCAAAAAGTGGTATTGAAAAAGTTCATGATAGCGCAAGTGACTAAGGGGATTATGCAGCGGTATGCGAGCCTATTAGTTACCATGCCTAGTGATGATGACAATGCAATTATTGGCACAAATCATTTGAAAACAACCAAATTTTTAGAAATAATCCTACACAGAGCCAAATCATCGCATTTACAGTTCAAAAAGGTCTGTTGCATTGTCATCAAGTTTCTAGATTGCTGCTCGAAGGAAACTAACTACATGAAGTTTTTAAAGTTCAGCTTACACAAACTATTTGTAGCTGCTTTCATCTTAAGTGTGCCAAATGTTGTAGGCGATGACCGCGACAGGATTACCACGAGGGATGAAACCTATCATCTCTATTCCCAGATAACAGGCTTGCCACTGGAAGAAGTGATAAATTGTTGTTCTATTGTGAGGCCTGTACTTATTCGGCGGAGTAGACAACAACGCAGGCAAATGTTATCTCGACGTGAACAACATTCGTACTTCCTCAGAAGTTCTTTTATGAACTCCAATTCATCAGCATCACCTTTTTTCTCTACCAATAGGTCAGCTGATGATCTACATGTACATACAAGGGCATACTCGCTTCATAGCCATTCCGATGGGGAAGGCCAAGATAGGCGGTCGGAACATGAAGAAACGCATAGCATGGGGGCTGATGCCGATACATATCGACAAACTACGTTTATCCCAGACACACCAAATGGTTTGCATTCTAGATCATTAATTGAGTGTGGGATCGAACCCACCCAAGTAAGTGACTCTGGTGAATGGTCGGGTCAAAGTAACGGATATGTTTTGGTGACAGAATTACAGGAGTTTAACAAAATGGGTAAAAAGTTAGTACAAGAAGCTTTTAGGATAGTTTAATAAAGTATGGTTTGTCGTTTTGTTCATCATTCAAGGGTCATTTTTATTTCCATTTATGATTTCTTGAGTACAAAAGGCAAAAAAAACATGTATAATTATACACAAGAAAAAAAAACAAAACAAAAGAACACTTTCACACAAGCAAGTATATATTATGAGAATTTTTTCGAGTCTTACAGAACCATATCTTGCCTCTAAATTTTAGTCTAAAAATTTTGCTAGCCCATCAATTTTTTTTTTGTTCTAATGCAAAATATAACATGGGTAAGAAAAAGAAAAAGCCGTTCCTCAGTACGTAAAGAGATTTGATCATTAACAAGTTGGGCTCAATATACACAGTCGATAGTCTATATGTGCATATGAAACTGGCGCAAGACATGAATGTAGATGAAATATTTCTCAAACAAGCGGCAGAAGCTATAGCGGTAATCTCATCAAGTCCCACTCATACGGACCCCATAATACGAGAGCTACTCCACAGAATTCGACAATCCAGCCCATTGAGCGCAGTTATACCAGCACCAGAAAATGTTTTAAAGGCTGGGGAGCCGGAAAATATGGCTAGAGGTCTTATAAGGATTCCAGAAACACAAACAAAAAGAACAGGAGGTAACAACCATAGCAAGGAAGGCGCACAGCTCTACAGCTGTGCGAAATGTCAGTTGAAATTCAGCAGAAGTTCTGATCTGAGAAGACATGAAAAGGTACACTCACTCGTGCTGCCGCATATTTGCTCAAACTGTGGCAAAGGGTTTGCCAGGAAGGATGCTCTAAAAAGACATTCTAACACACTGACCTGTCAAAGAAACAGAAAGAAACTAAGTGAAGGTTCAGACGTTGATGTAGATGAGCTCATCAAGGATGCGATAAAGAATGGTACCGGCCTGTTGTAAGGCTAGAGGAAAACGTATTTGTCTCCATCAGCACACCTACACATACATATATAGATAGATATATACTTTAGCCATTGAGATAAGTAGAATAAAAAAACGTTGTAATATTCCGATACAGTTAGTGACATGTTCTCTACTTTTGCCAATTTTTTGCGCACAAAGTGGTGACGTACAAGTTCATCATTTCACGTGTGCAGCATAGTGTGGTATATTGTTTTTTTATATTTTATTTTTTATTTTTTTTTTTTTGCAGAAAACAGTGTTTGTATTATATGCTTTAGATATGCTAAAAAAAATGAAAAAAAATGGAACAAAATATGTGTTTTTTTATTTAACGTTAAAATTAAAGATTAAGTTATTTATTCGACGTCAGCATCAAAAGTTTGACCTTCAACTAACTCTGGAATAGCTTCATCCTTCTTTTCAGCATCAGCTGGAGCCTTGGCTTCGTGCTTTTCCATTTGGGCAGCCAATTGAGACAAGGCTTGGATGGCTTCAGGGCCCAATTGAGAGATAATACCTGGGAACAAATCTTGCAAGTTCTTTTCCTGTGGTAGACCGTAGAATACAGAAGTGTTGTGTTGAGCAGCAACTTGGACACCGACCTTGTTGAAGTGCATGACCTTACCGTCGTCCTTGAAAAAGTTGGCTTCGGCGACGTTGTCAATGGTGACAGCGTGCAACTTAGCTAATTGACTTTGCAACTTGGTGTCATCCTTGTTGGCACCGGCAGAAGAGCCTGCCTTCTTGTTAAGCTTTCTTCTAGTACCACCAACTTTGTTGTTAGCAGACAACTTTTGTAGCTTAGCTAATTTTTCTTGGTCAATTGGCATTATGAATTATGAGTCGCGTCTGGTGTGAGATGTTCTATTCTTAAACCTCCCTAGAAAGAATATTCGCTCTCTTGTGACAAAGGAGGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:482496-482861

CAATTGATTGATGAAGTAGCTTCTCTGGAAAAATGGCGGACAGACGCTGCTCAAATAACCGTCGAAGGGGGAAAGGTTATCGGTGGAAACATATTTGTAAGTACATAATAGTGAATTTACTTCTTGTCGGCGTCCCCTAAACGTAATTGGCGGTGTGATGGTACTTCGTTATATAAAGGTGTGTAATATCCTCTTTTACCATCTATTATTTCTTCCAGCATTTCTTGCTGGATAACCTACTGTATCCAAGCTACTGGGCTTTTTTAAACATACCCATAACTTTTTTTTTTTCATTTTTCGTTGCTGTGTGCTAGTACAATTTAAGCAAAAGGAAACTGTTTTGCGTTATGTCTTCCACTGAAGCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:483045-486261

AAGATATAGACCAATTGATTGATGAACTACAATCTAACTACGGTGAGGGTGATGAATCTGGTGAAGAAGAAGTACGTACTGATGGGGTGCACGCTGGCCAAAGGGTTGTTCCTGAAAAGGACCTTTCTACGGACCCTGCGTATGGTTTGACTTCGGATGAAGTCGCCAGGAGAAGAAAGAAATATGGGTTAAATCAAATGGCTGAGGAGAATGAATCGTTGATTGTGAAGTTTTTGATGTTCTTCGTAGGGCCTATTCAATTCGTTATGGAGGCTGCTGCTATTTTGGCTGCCGGTTTGTCTGATTGGGTTGATGTCGGTGTCATCTGTGCTTTACTGCTATTAAACGCATCTGTCGGATTTATTCAAGAATTCCAGGCAGGTTCCATCGTAGACGAGCTGAAAAAGACGTTGGCCAATACTGCAACAGTTATTAGAGATGGCCAATTGATCGAAATTCCGGCTAATGAGGTAGTTCCTGGTGAGATTTTGCAATTGGAAAGTGGCACAATTGCTCCCGCAGATGGTCGTATTGTCACTGAAGACTGTTTTTTGCAGATCGATCAATCGGCCATCACTGGTGAATCCTTAGCCGCTGAAAAGCATTACGGTGATGAGGTGTTCTCCTCATCCACTGTGAAAACCGGCGAGGCTTTTATGGTTGTTACTGCCACTGGTGACAATACCTTCGTCGGTAGGGCTGCCGCCTTAGTGGGGCAGGCTTCCGGTGTAGAGGGCCATTTCACTGAAGTATTGAATGGAATTGGTATTATCTTACTTGTTCTAGTTATCGCTACTTTGTTGTTGGTCTGGACCGCATGTTTCTATAGAACGGTCGGTATTGTAAGCATTTTGAGATATACTTTGGGTATAACCATCATTGGTGTCCCAGTCGGTTTGCCAGCAGTTGTTACCACGACCATGGCTGTCGGTGCAGCTTACTTGGCTAAGAAGCAAGCCATTGTTCAAAAGTTATCTGCTATTGAATCCCTTGCTGGTGTTGAGATTTTATGTTCTGACAAGACTGGTACTTTAACCAAAAACAAGTTATCTTTACACGAACCCTACACTGTCGAAGGCGTTTCTCCGGACGACTTGATGTTGACCGCTTGTTTAGCTGCCTCTAGAAAGAAGAAAGGTTTGGATGCTATTGATAAGGCTTTTTTGAAGTCATTGATTGAGTATCCAAAAGCTAAAGACGCCCTGACCAAGTACAAAGTTTTGGAATTCCATCCGTTCGACCCTGTCTCAAAAAAGGTTACCGCTGTTGTAGAATCCCCAGAAGGTGAAAGAATTGTTTGTGTCAAGGGAGCCCCATTGTTTGTCTTGAAGACTGTTGAAGAAGATCACCCAATTCCGGAAGATGTGCATGAAAACTACGAAAATAAGGTTGCTGAACTAGCTTCTAGAGGTTTCCGTGCTTTAGGTGTTGCTAGAAAGAGAGGGGAAGGTCACTGGGAAATCTTGGGTGTTATGCCATGTATGGACCCCCCTAGAGATGACACCGCTCAAACAATCAATGAGGCCAGAAACCTTGGTTTGAGAATCAAGATGTTAACCGGTGACGCTGTTGGTATCGCGAAAGAAACGTGTAGGCAATTAGGACTTGGTACAAACATTTATAACGCAGAAAGGTTAGGTCTGGGAGGTGGAGGTGATATGCCTGGTTCAGAGTTGGCTGATTTTGTTGAAAATGCCGATGGTTTCGCAGAAGTTTTCCCACAGCATAAATACAGAGTCGTTGAAATCTTGCAAAACAGAGGTTACTTGGTTGCTATGACTGGTGATGGTGTTAACGATGCCCCATCTTTGAAGAAGGCTGATACTGGTATTGCTGTCGAAGGTGCTACCGATGCTGCCAGATCAGCCGCTGATATTGTTTTCTTGGCCCCTGGTCTCTCTGCTATTATTGATGCCTTAAAGACTTCTAGACAGATTTTCCACAGAATGTACTCCTATGTTGTTTATCGTATTGCCCTATCCTTACATTTGGAGATTTTCCTGGGTTTATGGATTGCTATTTTAAACAACTCTTTGGATATCAATTTGATCGTTTTTATTGCTATTTTCGCAGACGTTGCCACTTTAACTATTGCTTATGACAATGCTCCTTATGCTCCTGAACCTGTGAAATGGAACCTACCAAGATTATGGGGTATGTCTATTATTTTGGGCATAGTTTTAGCTATAGGTTCTTGGATTACTTTAACCACCATGTTCTTGCCTAATGGTGGTATTATCCAAAATTTTGGTGCCATGAATGGTGTCATGTTCCTGCAGATTTCACTAACTGAAAATTGGTTAATTTTTGTCACTAGAGCTGCTGGCCCATTCTGGTCTTCCATTCCATCGTGGCAGTTAGCCGGTGCCGTTTTCGCCGTTGATATTATTGCTACCATGTTTACCTTATTTGGCTGGTGGTCTGAAAACTGGACTGATATTGTGTCAGTCGTTCGTGTCTGGATTTGGTCCATTGGTATTTTTTGTGTATTGGGAGGATTTTACTATATTATGTCCACGTCTCAAGCCTTTGATAGGTTGATGAATGGTAAGTCATTAAAGGAAAAGAAGTCTACAAGAAGTGTCGAAGATTTCATGGCTGCTATGCAAAGAGTTTCTACTCAACACGAAAAAAGCAGTTAGTAATTTTAAACATCATCCATCTGATTTTTTTTCTTATTGATCTCCTTTTTGTTATTCCTCATTTTCATTTCAATTTGTCGATACCAAGGAAGCCAAGACGTTATAAAAGAACACGGTCAACAAAAATCAAATTAATGCCTCTTCAATTGTGCTCTGTTTGATACCTTCGATATGATGTTACAGTTTTAAAGTTTACACACAAGTTTTTAGACTAAGTGGCATCATATCTGTCAATTTTATCACACACACACACACACACACACACAAACAAACATATCCACATATCAGAAGTAGGCCGATCTTTTGCTTGATTGGATGCAAATTCATATGGAAAATTTTTTTCATATTATTTCGTGTTCTTTTGACTATTTTCCTCTCCAAAAAGGAAGAATCATTCCAATAACAACACACGAATTCCCATCCAACATGGTGAAATGACTAAATATTTTTTTTTTCGAAACATTAAATCAATCTAATTCTTAATTTTTAATAAACATATAATGCACACTTATTTACATACAAGCACATTGCACGTATTATATCAGTTTCTTCTTTTATGTTGATATATTTTTCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:486317-488187

ACCATAAGAAATCAAATGTCAAGAGAAATAAAGAATTGTTTCCCATCATAGATAAGACTATATCAGAAAAGTGCTCATCAAAGCTAAATCTATTATGAGATGTCTTAGGCATAACAAAAAAGGGAGAGCGGTGCAAGATAAACATACCGTCGGATAAAAAGTACTGTCATTATCATCAGTGGCAAGATGCAAGGTACACACGGGCACCAAGAGATAATGCGCAAAATAAACCGGGTTTTATTTACATCTATACATACAGTAACCTCTTTGAATCATACATATCTGAAAAGACGGTAGATTTAAAATGGCTATTTATTGATGAGTCAATAGTTCGGACTAATGGTAAAAAGAAGAGACAATGGGTAGACAGAGACTTTATTCTATGTAAGATAGGAATGACCACTCGAAAAACAGTAGATTCAAGACTTTTAGAATGGCAAACCACATGCAAGCATCCAGTGATAAACTTGACTCCAGAGAAAGTCGATAAATTATACCACTTGAAATTGAAAAGTGAAAGCAAAAATATCAGTTCAAACAGGCTATTGCCCATTTCATTATCAAGCTTACAAAAAAAAATGGAGAAACTTTTCATCAAAGATAAAAGTCACTCACACAAGCCTTCCCTTCCAGATCCTAAGGTGCCAACCCTACGCACTTATAAAGATGGTGGATTTTTCATTAGCGGAAAAGGTTCAATGAAACTACCAGATATCGAAAGCGCTATTCATAAATTTTTATGGAAGAAATACGGGAAAGGATTGGTTTACTGTTATGGGTGTGATCCAACTGGAAAAAAGAGGCATACAGAGTGGTTCAATGTGCCTGTATTGGAGCTACCATCAGTACTAAGACTTATTGATTCTTATTGCCTTGGAGGAGAATCTCGTTAGACTTAAAAAAAATTTTTTGGCCTATTCTGGCCGGTTTATTCAAATTATTTATCATCATAAAAATTGTAGTGTTACCTTTCTTTTCCTTGAATTATTTATAGAAATATATGTGCTTAGCAATTTTATCACTGTTACTTCGATTTGTAGTACCCTTAAGTAAAAGAGCTTTTGAAACCAGTTATCAAAAGAATATCACCAATTGATCTTTTGCTTTCGAGAATTGTATCACCATATCTTCCCTCAAGTAGACAGTGGACGAGATGTTTCGAGATACTCGGGGAAAGTCTCTTCCAATGTGCTTCACTTTCAAAACTGGGTAAATATGCAATCAGCGTTTTTACATTCAAATTACTATCTTTCAATTTAAGCTCTGAGGTTATTCCATCGTGGAAAGAGTTTATACCACATTTCGATGTAATAAAATGTGTTCCTGATTTGCACGGTTTTAACGTCAATACCGATGATATGTTGACAATATAGAACCCCTTTGCTTTTTCTTGAGCTTCAGCTTGAACCTTTGGAAAAATGTTACTCAAGCAGAACTTAGTTATCAATATTACACTTTGTAAATTATACCTCACGATTTTCTCGAATTCATTTAAAGACTCTTCATCAAGTCTCAAAAATTTGTCTTCTTTGAGAAGAGTCGATTCGATTCCCTCCTGCATGTTGTTAATGAGCACTGTAGGAATTATTTCTAAATTTTGAAGGTAAAGCATGGATTCCTCAAGACATTTTATGTCACTGAAATCTTTGCAAGAAATAAAAGTATACAGTTTTTCACTTCTCCTTGCGTTTTTTCCATTAATACTGTCTATAGTGTCAATATTTATAACCTTTGTATGATAATCTTCTATAAATGTCTCGCAGAGCTCGATGCCTAACTCATTTGAAGAACCGCCAATAATTAATACTGTATCGTGGCTAGGATGGAACTTTTTACCTAAACCGACATATTGATAAAAACTTACGAGGACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:488464-491692

ATTTATTGGCACCTTGGACAATTTTAAAAATCACTGCTAAAACGGTGCTATGACACGATTTTCTGGTACTAAAACGTGTTTTATGAAATTAACAGTATATACAAAAAGTAAAAGGTATGGATAGTTAAATATGTGTAAAGCTATAATACAAAGAAATAACACAAGATAGTTGAGTTTATTTGGTCAAACTAAAAAGAGGAAATAATTATAGTGAATAATTCCAGATTTTGTTAAACACCAATTCAAACAAACTGAAAACAGGGAGAAACCAACCCAAAAAATAAAATAGATTCAGTGATAACCCAATTCTACCGCAAAAAAAAACTAAAAAAATAAATAATAGAAAATTAACAGATACAAAAACGAAAAAACAAACTGTTTACAAAACATTTACATGCGTGTTCATTAAGCTGTCGAAGGATATTATTTCTTTGATTTATTTTTTTTTTTGAATAGGCCAAATCTCTTCTTCTTACCACCATTTTTCTCCTCATTGTCACCATTATCGGTACTAGGCGAAGCCATATTCGCCATTTGACTTGATGAGGACAAGGTTGGAGTGCTTGGGGCTGAAACAGAGGTTGTAGGAGGGGGTGCAATATTTTTGGGATCGTTTATATCCACAGTGCTACTTGTATTGTTGTTTGTATTTGTAAATTGCATTGCGTTATGAACTACCGAGTTGGTGGAAATATCAGGGTTGCTACTACTGTTATTAACTTTGTTGTTATTATTTGTAACTTCTATCATGGTACTGGAGCTAAATTGCCTTTGTGTGGGAACGTGATTGTTTAAACTAGGAGCAGGGACTTGGTTAAAAGTATTGTTTGGGTTGGTGGCATGTGGCATATTCAGTTTGTTTTTCGATTGTTGTGATCTCAATCTATTCTGGTTTACGATGCTATGCGTTGGCATGGAATTTAAGCGAGTTTGACTTGAATTGTTCGGTGGTCTGCCAAAATCACTCATATTTATACTGGAAGGATTACCAATATTAGGCATATTACTATTTCTATTCTTCCTACTTGTGGGCTTGATAGAGTGTGAGTGAAAAGGTTGTACTTGTACCGATTGTTGTGGCTGCTGTAGGGGTAAGGAAGGAGGTTGTTGCGGGTCATATGCAGCGATACTTGAAGAAATTGGGTCTACAAAATTTCCGGCGGATGCAGGTTGAGACATAGCGCCATTGGTGCCATGCATTCCTCTGCTGTTAGAACGAACGTTTGCAGACTGCTGTAATTGAGGGAAGGAAGGCTTTCTTGGAATTGAATTATTGCTATTATTAAATCTTTGTTGCTGTAATGCTCTTTTCTGGAACTCCAGTTCACGTTCTTGTAGCTCTAATTCCTTTTTACGGAGTTGCAATTCGCGTTCTTGTAGTAATTTGTCATTCGTGCCATTATTCTCTCCGAAAGTTTGTGAATGTGAGGATAATGGTGAGTTCATTTGTGGCTGAGAGCTTACAACAGGTGGTGGAGATCTCACTGGAGAGTCTCCGTAGTTTACACTATATAGTGCCATATCTTCGATGTCCCTCAAATTCGGAGTTCCTGTTGCTTTATATTCATTTGTATCGGATTGGTTTGTTGCTTCAGTTGGCGTTAGTGCTTCAATTGATGTTTGAGCTTGAGATTGGGCTTGAGCTTGGGCTTGGGCCTGGGCTTTTAGAGCGACTTGATGTTTCTCCTTTAACTCATTAGTTTCCATTTCATGTTGCTTGGCCTGCATAAGCAACTCTTGTCTTAGTTTACTAATTTGACCTTGTAAGGAGGTAATTTGAGTCTGTAAAGCAGATTCATTTTTTTGTGATTTTTGCAAGCTTTGTAAGATTTGAGTTTTTTCATCTGACCTAATAAACCATTTAGATTTGCCACTATTCAATCTTTCAAATTGGGACAAAACAGAGTATAAAAATTCTAAGTACGGAGTTTTGATACCAAAGTCATCGGCTAATAAAATAGTTTGTAACAACAGGATATCGATGTTCAAAGGCGTTGTTTGATGAATGAAATGATAAACCAATGCAGGTGGCTTATTGGTTGAATGATAAGAATTCTTCCATAGAGATAAAAGAGAGTTTTCATTATCATGACTACTGTTTAGTCTGGCTCCCATTGTTTTTGCTACAGTGATGATTTCAGTTACCAGACCTGATATTAAAGGTTTGGCAATGATCTGCTGGTCTAGATCACTTGGGTTTTCTTGTTCAAACATGATTAACAACGGATCAAAACAAATTCTGGAAATCGCCAGCTTCCATTGTTGTGATAGAAACTCAATTGATGAGAAATTGCACAAATTGATTTTTATGTTGGAAAACAATTTAGCAAACAGTTTTTCAAAAGTGGTTAATAATGTTATAACGCCTGATGAATATTTCTCAGTGCTGGACTTACTTTCGCCGAGGTAAATCGTGTTCTCCTTTGCAGTACTAGGAAAGTGTTTGAAATGGTTTGGACCGATTTGACGAATATCCAAATCAGTCAAAATACTGAAAACGTTTACATGCGGAGATTCCATCGATAATTTGACAAACGGTTCCAATTGGATGAAACCACTGCTTTCTAAGAAAATTTTGGTGTTCGAATCGATTATGGACGTTAACTTGGACGCTAACGAGGATAATTCCTGTAAAGATGGAGCACTCATGATGATTATGTCGAAGACGGCTTCACTTGATTTGGAGCTCAAAGCTTCAGTCAAGTGCTCGATAGAGGTGAAATGATTTTCCAATTCGAACCGGTCTTTGCCGTAGTATTCAGTTTCAATTTCAAATTGACATGATTTTGAATCGTTGACGTGGTAGAGGTCTATATTCTTGGCCAGTTGAAACCTTGAGGTGTAGAACAAGATATTCGGGTTGTTCCCAATAGCTAAAACTCGAAGTGAGGAAGACGACATAACTATAACGTGTGTGAGGGCGAGCAAAGCAATTAAACGAAATTGATCTTATTGGTGAGCGTCAGACTGCTGGAGTTGTGTGTTATAAAATGAAAGAAAAAAAAAAGGAAGTAAAACCAGGGAACGAACCGATAACTATTTCTCCCCTTTCTGTTTGTTCTTGGTTTTGCTTGCTTTGTTCTGATCAAGACCAAAAATAGCTGGGTGGCTACGAATAAGAAGGCCAAGATTAGAAGTGTGTTACTCTCACTAATTGACTGTTTAAAAATAAATAAACAAACAGGTTCAAAGAAACGAGAATAAACAAACAACGAACGCCAACGGAAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:491984-493075

ATACATGGCTACGGTTTTTCGCTGACGGGCTGCGTTATGAAGCGTGGTGGTAGTACTCTGCAAACCAAGGGTGATGCAGAGCCTGCTTGGCGCTCAGCCTCATATCCGGATTAAGTTGCAAGAGTCCGTGTAAGAAATCCATGAGATTCCCGTCTAGCGGTTCTTTGGTGTGTGGTTGCAATACTTGACGTAGGTCTCTTGGTGGTCGTTGCTGGATATTTGGGTTGTATTTGGGTAACTTTGTTACACTGGGCCATAGGGACTCATTAGGAGTGCCCATGATGTCGAAGATCAATTTCAGTTGTTCTTCGTCGTTGGTGCCAGGAAACAAAGGCTTACCCGTTATCATTTCCGCAAGAATGCACCCACACGACCATATATCAATGGATGTGGAGTACGTCCTAGAACCCATTAGCACATCAGGAGCACGGTACCACAACGTTACGACTTCGCTTGAAAATGTGTTGACCGGAATACCGAAAGCACGGGCCAGACCGAAATCACCCAATTTCAACTGGCCTCTCTTGTTGATTAATAGGTTTTGAGGTTTTAAATCACGGTGGAGAATCTTGTTTTCATGGCAAAAGGCCAGCCCTTGCAGTAGTTGCCACTGGAAGTATTTAACCAAGTTTAGTTCTAGCCCTCTTGGTGTGTTGCCCACGGTGCGGGAATCCATGTATTTCTTTAAATCGTTGTCCATGAATTCAAAAACCAAAGTCAACTTGTTCTCTGTGTGAATAACGTCATAAAGTCTAACAATGTTCTCATGTTTCAATTCTTTCATTAGGGAGATCTCACGGATGGCCGTAGAGGGTGTACCTTCCTCTGAATCCAGTTTTACCTCTTTCAGGGCAACATATACCCCTGTGGTTTTGTTCAGTCCCTTGTACACTGTGGCATACGTACCATTGCCAAGCTTTTCTAACTGCTTAAATCTGTTCATAGAGCTCGAGGTTGATTTTTTCTCGTATATATGTTAGTATTCATCATTTCTAGTTCTTTACTTTCCAATGATACTTGACTAGAAAACTACATACTGTGAAGAAGAAGACATTGGTATTGCTCAAGTTTGCCCAGTTTGCCGCGCTATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:493451-497732

ATTTAGAAAATGCGATTTCCATTACGCAAGATAGACAACGCATTTGGTCCGATTATATTGCTATCTTGTGATACTTCTCCTTTCTCTCAACAATGACTGGCGACGGTAGTGCACATATTTCTAAAAACAATCAAAATCAACACAAAGATCGCTTCAAGTTTATTGTGAATGATAAAAGTATTCTAGGACCTCAATGGTTAAGCCTTTACCAAACGGATGGGAAAGTAACATTCGCAAAGTCCCACTTCGAGCAAGCAATGATGAACGTTATTAGAGAACCAAATATTAACTCTACTGTCATATTAAGAGCGGATATTTTGAAAGAGATCAATCATGCTGCAGAAGCTGGGTCTGAGCCAAAATTTGACGAGTCCGTATTAAAAAAGTTTGAGATCGATAATGGTAATGAAAGCGGTGAAGAAGATGTCAAGAAGATAAATATTGAAGATTTAAACATAAGGTCGTGTGAAACATCTGAGAGTTTAAAATTGTCACCCGTTCATGAATTTGTAAGAAGGATCATTCCTAGGAATTTTTACAAAGATGCTATCATAAACCAAACATGTTTAATCCTAAATAGCAAAGACCCTAATTTTCAGGAGACCTCATTGATTGTATATACGCCGCACATTAACTCTGAGAAAGACTGTCCGTTTTATATTCCAAGAACGCAAAGTGTAGGCATTTTGTTACACCAGTCAGTTCTTTCTGTACACTACATTCCCTTCCCCGAGGATAAAACTGCCTTTACAGATGAATCTGAGCGTGTTGTAAGAACCGCTTATAGGTTATTACAAACTGCTAACAAACACTCAAAGGGTGTGATGCAGGGTTATGAAAAGAGGGTCAATCACGATCAAGTGGTAAATAAAGTCAATTTTCAGAACACATACATTGTTTTGAAGAAAAAATACTCCAAGTTCCTGGTGGAGAATTGGGCAGAGTCTACAGACCCAAAAAAACATGTTTTTGAAGACATAGCCATTGCCGCTTTCCTGATTGAATTATGGATTAAAGTGTACGGTCCAGACTTCCGTTCAAAAATGCAATTTAGAGATTTGGGATGCGGCAATGGTGCTCTTTGTTATATTTTACTGAGTGAAAGTATTAAAGGTCTCGGCATAGATGCAAGGAAGCGCAAATCGTGGTCTATCTACCCGCCTGAAGTGCAATCATCGTTAAAGGAGCAAGTTATAATACCTTCTATCCTTTTAAGACCCCATCCTGCTTTGAAAAGACAAGTACCTCATTTGGAACACAATGGGAGATTTTTCCCAGTCAAGGTGACGCACGAAGTGATTGCCCCCGCAACCGTCGTGTATTCAAGTGAGGACTTACTAAAATCTCCGCAGGTCAATACAGCAGAGTTCCCACCAGATACTTTTATTATAGGTAACCACTCAGATGAGTTGACTTGCTGGATCCCATTACTAGGTCATCCTTATATGGTTATACCTTGTTGCTCTCATAATTTTTCTGGCCAGAGAGTTCGTTTTAACGTAAGGAAACGTTCGCCTAGGTCAAATGAAATCAAAAACCAGAATAACAGTAAGAGCACCTACTCTGGTTTGGTTGATCACGTTGAATATATTTCATCTCGTGTAGGCTGGAAAGTAGAGAAAGAGATGTTAAGGATACCAAGCACAAGAAATGCAGCCATCATAGGTGTAGAAAATGCAACCTTAAAGCATTTTCCAACGCAAGCAGTGTACGATATGATTTGGGAAGACGGTGGAGCTGAAGGGTGGATTCAGAACACAATGTCCTTATTGAAAAGAAACCCAAGAAACCATTAAATAGATGTATCATCTATTATTTGTATGTGCGTTCATTTATAGACTAATTAGAATATCATACGTACATATAAGACTATACAATTTATCTAATTTTTTCATTTTTACTTAAAAATTGATGGTCCATCGTAAACAGCGTTAATAATTTCTTCGCCCGATGCATAGACAATGAGAAGCCAAAATGCAGAAACTTGATACTTTCAAAGAAAGAGGTTCAACTATGAAAAGAAAGAAGATTTAAGTGCCGATAGAGTATACTAGCATGGCACTTGTCAAATACAGCACAGTTTTTTTTCCACTCCGATCATTGCGACTGTTTGTGTCCATCAAGAAAGCATATTACCACAGCGAGCCGCATAGCATCGATCTATTTCATGATAAGGATTGGATTGTGAAAAGACCTAAATTCCTAAATTTACCCAAAAATGAACATTCAAAATTAGATATATTCCAGTTTAATTTTAACAAGTCCGAAAGCAATAATGTGTATTTACAGGATTCATCATTTAAAGATAACCTTGATAAAGCGATGCAATTTATCTATAACGATAAATTGTCATCCTTGGATGCCAAGCAAGTACCAATAAAGAATCTTGCTTGGTTGAAATTAAGAGATTACATATATCAACAACTAAAAGATCCGAAACTGCAAGCCAAAACCTATGTACCTTCGGTAAGTGAGATCATACATCCTTCATCTCCTGGCAATTTGATTTCGTTGCTGATAAATTGCAATAAAATCAGCAATTTAGTCTGGAAATCTGTTCTCAAATATAGCCTGAGTAACAATATAACTACATTGGATAAATTTATCCACGTCCTGCAACAGACCTTCGACCATGTGTACGAGCAGGAGATACTACCCATGATGACGAATACAGATGATACAGATGGCGCTCACAACGTTGACATAACAAATCCAGCAGAGTGGTTTCCGGAGGCAAGAAAGATTAGAAGACATATAATCATGCACATTGGGCCCACGAATTCAGGCAAAACTTATAGAGCGTTACAGAAATTGAAATCCGTGGACCGTGGGTACTACGCAGGGCCGTTAAGACTGCTAGCAAGGGAAGTGTACGATAGATTTCATGCAGAAAAGATAAGATGCAATTTACTGACTGGAGAGGAAGTTATTCGTGATTTGGATGATAGAGGAAATTCAGCAGGGCTGACATCAGGCACAGTAGAAATGGTGCCAATAAATCAAAAATTTGACGTTGTTGTTCTTGATGAAATTCAAATGATGTCTGATGGGGATCGTGGCTGGGCTTGGACGAACGCGCTTTTAGGTGTCGTTTCCAAGGAGGTCCATCTTTGTGGTGAAAAGAGTGTTCTACCTTTGGTTAAGAGCATTGTTAAAATGACTGGCGATAAATTAACGATTAATGAATATGAGAGGTTAGGAAAGTTAAGTGTTGAAGAAAAACCTATCAAAGATGGCATCAAAGGTTTGCGCAAAGGAGATTGCGTCGTTGCGTTTTCAAAGAAGAAAATATTGGATCTCAAGCTAAAGATAGAGAAAGACACCAATTTGAAAGTTGCTGTAATTTATGGCTCTTTGCCGCCTGAAACACGTGTTCAACAAGCCGCCCTATTCAACAATGGAGAGTATGACATAATGGTAGCATCAGACGCTATTGGTATGGGTTTAAACCTGTCTATTGACAGAGTTGTATTCACGACAAATATGAAATATAATGGTGAAGAACTAATGGAAATGACTTCTTCTCAAATCAAACAAATAGGTGGTCGTGCGGGAAGGTTCAAATCTAGATCTGCCTCCGGGGGTGTTCCTCAGGGTTTTATCACCAGTTTCGAATCAAAAGTTTTGAAAAGTGTAAGAAAAGCTATTGAAGCACCTGTGGAGTATTTAAAAACTGCGGTTACATGGCCTACAGATGAAATATGTGCTCAACTAATGACACAATTCCCACCAGGAACGCCGACCAGTGTCCTGCTGCAGACTATTTCAGATGAGCTAGAGAAAAGTTCTGACAACCTGTTCACGTTATCTGATTTAAAGAGCAAACTGAAAGTTATTGGCTTATTCGAGCACATGGAAGATATCCCATTTTTCGACAAGCTGAAACTAAGCAATGCGCCCGTGAAGGACATGCCTATGGTCACAAAGGCGTTCACCAAATTTTGCGAAACAATAGCAAAAAGGCATACAAGAGGCCTACTGTCATACCGATTACCTTTTAACCTACTGGACTACAATTGCATACCGAATGAGAGTTATTCATTAGAGGTTTATGAGTCATTGTACAACATCATTACTCTATACTTCTGGCTCAGCAACAGGTACCCAAACTACTTCATTGACATGGAATCTGCTAAAGATTTGAAGTATTTCTGTGAGATGATTATTTTCGAGAAACTTGATCGATTAAAGAAGAATCCTTACGCACATAAGCCCTTTGGTTCTACAAGAGGTCACCTCTCATCTTCGAGAAGAAGATTGCGTACATAATCTACGATATATC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:497966-502301

TATATAAAAGAGGAACAAGCGCTTCCATTAAGAGCACTGCTAAGCCTACTCGTTTTCTAGTTCTCTGAAAAAAGGTAGCCTAAAACAAGCGCCATATCATATATATTTATACAGATTAGACGTACTCAAAATGTCTCAGAACGTTTACATTGTATCGACTGCCAGAACCCCAATTGGTTCATTCCAGGGTTCTCTATCCTCCAAGACAGCAGTGGAATTGGGTGCTGTTGCTTTAAAAGGCGCCTTGGCTAAGGTTCCAGAATTGGATGCATCCAAGGATTTTGACGAAATTATTTTTGGTAACGTTCTTTCTGCCAATTTGGGCCAAGCTCCGGCCAGACAAGTTGCTTTGGCTGCCGGTTTGAGTAATCATATCGTTGCAAGCACAGTTAACAAGGTCTGTGCATCCGCTATGAAGGCAATCATTTTGGGTGCTCAATCCATCAAATGTGGTAATGCTGATGTTGTCGTAGCTGGTGGTTGTGAATCTATGACTAACGCACCATACTACATGCCAGCAGCCCGTGCGGGTGCCAAATTTGGCCAAACTGTTCTTGTTGATGGTGTCGAAAGAGATGGGTTGAACGATGCGTACGATGGTCTAGCCATGGGTGTACACGCAGAAAAGTGTGCCCGTGATTGGGATATTACTAGAGAACAACAAGACAATTTTGCCATCGAATCCTACCAAAAATCTCAAAAATCTCAAAAGGAAGGTAAATTCGACAATGAAATTGTACCTGTTACCATTAAGGGATTTAGAGGTAAGCCTGATACTCAAGTCACGAAGGACGAGGAACCTGCTAGATTACACGTTGAAAAATTGAGATCTGCAAGGACTGTTTTCCAAAAAGAAAACGGTACTGTTACTGCCGCTAACGCTTCTCCAATCAACGATGGTGCTGCAGCCGTCATCTTGGTTTCCGAAAAAGTTTTGAAGGAAAAGAATTTGAAGCCTTTGGCTATTATCAAAGGTTGGGGTGAGGCCGCTCATCAACCAGCTGATTTTACATGGGCTCCATCTCTTGCAGTTCCAAAGGCTTTGAAACATGCTGGCATCGAAGACATCAATTCTGTTGATTACTTTGAATTCAATGAAGCCTTTTCGGTTGTCGGTTTGGTGAACACTAAGATTTTGAAGCTAGACCCATCTAAGGTTAATGTATATGGTGGTGCTGTTGCTCTAGGTCACCCATTGGGTTGTTCTGGTGCTAGAGTGGTTGTTACACTGCTATCCATCTTACAGCAAGAAGGAGGTAAGATCGGTGTTGCCGCCATTTGTAATGGTGGTGGTGGTGCTTCCTCTATTGTCATTGAAAAGATATGATTACGTTCTGCGATTTTCTCATGATCTTTTTCATAAAATACATAAATATATAAATGGCTTTATGTATAACAGGCATAATTTAAAGTTTTATTTGCGATTCATCGTTTTTCAGGTACTCAAACGCTGAGGTGTGCCTTTTGACTTACTTTTCCGCCTTGGCAAGCTGGCCGGGTGATACTTGCACAAGTTCCACTAATTACTGACATTTGTGGTATTAACTCGTTTGACTGCTCTACAATTGTAGGATGTTAATCAATGTCTTGGCTGCCTTCATTCTCTTCAGGCTCTATTAATTTTAACCGTTATAAGTTCCTTTTCTCCCTTGGAAGCAAACATCAACTGCCTTAAAATCTGGTGGCGAGGAAAGAGGAAATGGCATGTACTAATGATGGTCCTAATAAATATCCCGAAATTGTGAGTGTTAAGCACCTGTTCCAACATTCGGGATCCAAGCATGAATTTAGTGCTGGTAAACGATTTTCAAAATCCATTGGTAAAATATTCAAACGAAACTCTGCTTTGAAAACTTCTAGAACTGAAACGGCAAATCATAAAATGGAATTGAAAAAAAGAGAGGGTGTTACCTTATTGCCACCTGTCCCAGAATCATTATTACATAAACTCAATTCTTGGTTGGAAACTTTTTCTTCCACCAAGAACATGAAAATCGAAGAAAACAAAATTGTTATTAATGAAAAAGAGATTCGGGATTCAGTCTCTTACTACCCTGATAAGAATGGAGGAAGTGCTGTATTTTGTTACTTGCCCGACCTTGTGCTATATTATAAGCCGCCTATAAAAGTCACAGGCAAGCAATGTCCAATAAAGAGAAGTCCTTGGGAATCGATGGAAATCCAATATCAAAAGTTTATGTACCCCTTAGAAAGGTTGGAAAGACAGTTTGAGGAAGTTCCATTTAGGCCCTGGTATTTTGCAATGCGATTAAAGGAACTTTACAGATGCTGTGAAAGGTCTTTTACTAACGCGGCAAATAGAGGAAAGGCAAGGTTATTGCGGGGGAAGCAAAGGACGAAAAAATCGTATCATAAGACTGTCAACCTGGTATCAGCGAAGATTTCCACCCATTCAAATGCGCCGTCGCCGGGCTGAGAAACAAAAAAAGTGACTAAGTTCTGTCATTCTATCATTATTGTAATTAGTTATGTAGGACATATATATCCATAGTGATCTCCTTTTGATCAAAGAAGACACTGAAAAGTCGTAAGTTCGTAAAAAAAGTATGAAAATCGTTCCAGCCATTGCTTATAGCCATCCTAGTAGGATACTAGAAAAAAAACAAACCTCAAAGATAAAAAGAAAAGGTGAAGCTATTACCGAATTAGAACATAAGATAATACAGTGAGTATAAAGGTGAGACCTGCTCAATAATCTGGTAACCATTTCTCGTTTGGACCGTCTGTTAAAGTAGAAAAATTCATTTGTAAGCATAATAGCCTATTTCTTAATGTATCTTGTTGGAATTTGCAATCTTTGGAAGCACTAACGTCATCGATATCAGATTGGTAAGGTGTACTGTCCATTGAGGAAGTTAAAAAGGTACTATTATTGTGGTTGTTAGTGTATTCATACTTTTCCATACTTCCGTCACTATTATACGTTGATGGAATATCACTCTCCGGTTCAGCATCTTCCTCTTCTTGCTGCTGTTGTGCTTGTTCCTGGTTTTGTATTTGTTCTTGTTTTTGTTCCTGTTCTTGTTCTTGGACTTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGTTGTTGTTCTTGGTCTGCAGAAAAATGTGATAAATCGCTCAAAAATAGGTTTTCATTCCTTATAATATGCGTCATGTAAACTTCGCTCGATAGGATTGGAACTTGAGACAAGGGCCCTTCCCTGGTGAAAGAAGTAAGAGAGGAAACTTCGGACATCAAAGTTTTCATGTCTATTCTTGTGTATGGATTTAGTTGTAGAATTTTCGTCAACACTGTGAACAGCTCATCTGATATAGGAAGGATTTTCTTCAGGACATTATTATCGTTAGCAAAATGTTGAAATGTGTTATCCTCCTTCTGGTGAGCTTTTAACCATGGGTTTCTTATGCAAGTTAAATTAATTAGGATGATGCCTAGAGACCATATATCTCCTGTATCCGTAGGGAGGCTCGAACAGCATTCGTCGACGTGTATGCCGTTGGTGGTGGTATTCAAACAATACAATATTCTTTCTGGAGCCATATAATATGAACTGCCAACGCACACATTTGGAGCTAGATATTTAGATTTAGTGGAAAGCCCGAAATCGCAAAGATAAGCGTTGTCATTGCGATCCAGTAGGACATTTTCAGGTTTGATATCACAATGATATATACCGAGACGATGACAGTGATCTAATGCGGAGCAAAGCTGCAGAAAAACTTTCTTAATCAAAATACCATGATTTACAAAATGCTTATCGTCAACTATCGAGGTGAAAAGGTCCCTGTCGTAATAATCCATCACTATAAAAGTGGCAATAGAAGATTCTAAAACTTGGTGAATCTTCACGATATTGCCGTGAGACTGCACTCTTAGTTGGAAGGCAATCTCCCTGTAGTGTGGTAGCCTATTTAGTTCATTCTCAGTCAACTGTAATATCGAGTCTAGATCAACGGAAGGTAAGAACAATTTTTTTTGGAAACTTTTGAAAAAATGATACAGTTGCGTTTGCAGAAGAGTGGTTCGCGCCACTTGAGAGTTGTTGTTCAAACCGTTCTTATTATAAAACTCATCCATCGAGGAGGATTTGAAGACCGTTTTCACTGCATATTCACGGCTCGTCAGTATATCCACCACATGGAACACTAGTCCATACGCACCCGACCCTATTTGAGCCGTTATTCTGAAATTGTTCAGCAAGCAGTCTGACAGCATTTGTACACAAAATTTCTTGTCTGTGTTCTTATTTGATGTTTTCTTTTAAAGAGTTTTGTTTCCGCTAGGGCGATTTAAGTCAATAAGTAAATTTAACAATTTACTAAATATATTTTGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:503459-506478

GGAGTACTGAGAAGAAGGCCAAAATACTGCAGAGCATACATACTACCGAGTGGATGGAATGTCTTTTTCATCTATCTTATCACAGGATATCACAGATGACATTACACCACCAGCGTATTCCGCCACCTTGGGGTCGAGAGAACAGATTGTTTTCAGAGCTTACCAAAATGAACCTTGGTTGGCTGGTACTGCTTCGAATCTTATCTTAGATAAAAAACTTGTTATTGTAGACAGAGAACTGTTGTTCCAGGTGTTGATGGTAGAGAATATCACCAAATCCAAGCTAACACAGATCGATGATATAAAAACCAAGCTGGATCCGAAAAAACAGAAAGTGGATAGACTACGATCAGGCGCGCAAGGAAATGGCGCTAAGAAGTACGAGGTCATCACTCAAGTGGACATGGAAGATGACGGGAATGTGGCGGATAACAACTGCGCCAAGGAAAATAATAGCAACAATAATAGCAGTGCCGCCAAGAATAAAGCAGTGTTTAAATTGACACTACAAAGTAAGTCGGGCGACGTTTTTTTTGCTATCAACTCGACTCCAATATCTTGGAGCTCTTGCATGCTGGGTTCTAAAATTGTGATACTGCCGGGAACTGTGTTCAATAGGGGCGTTTTCATATTGAAGGACTCACAAGTCATTTTTCTCGGCGGCATTAATAGAGTTTGGAATGAAAATAGAGATCAGAAATTTTGTGATTATTTGGAATCTAAATTACAACGTGACAAACAACTTGTAAATGGCGGCTCCAAGAAAAGGAAAGCCAATGATTAGCATATGCCTCTTCTTCTTAGAAGGGCGTTCTGCCCGTTATGTATACGTTAAATATTACATTATTTTCGCATTTTTGTATTTATATTCAGTGAAATATTAGGCTTGGTCGAGTAACATTTCCCATAGCTCGTCGGTTTCTTTGAAGTCGTGATGAACAATTGAGACAAGACAGTAGTCTTTATGCACTAGTCTTAGAAGAATATTGGCTGGGGTGTTCCTTGGAAATAACTTGGCCCACTCGGACCAGATACTAAACGCTTCATCTCTCCATGCCTTGAATGACTCTTCTTCAATGATTGTAGTCTGTTTGACCGGACTGTTGGGAAAAACACCCCATGTTACAACGCTAGAGCTGTGCGGGTCTAGGTTCGTTTCAAATGAACCAGATGAATCGCCCGCGTAATAACTGAATTTCCGACGCCCGTAATGGTCTAGCTTGGGTTTCAAAGTTGTTTCCCATTGCTGTCTATGAATAAACATTTCTACGAATGCCTTCTGATACAACCTCCCTTTCGCGGGCCCCCAGCCGAATATTTTATCACTACTCAATGTAGCATTTGTGGCAGGTTGCGATGCCAAAGTCAAATATCCGCGATAGTTTAGTTGGATTAGTTCTTCTTGTATTAACGCCGTTTCAGCTGATAAACCCAGGTCAGACCAGGGAATCGCATCCGTTGAACCTTCCAAATATTTTATAAAAATATCTTTTAAATCGCCAATTGTCTTTGGTATACCCCATAGTTCAAGCGCTTTGCTTTTGCTTACCTTGATGGATGGCCCATAACCGTCTATTTCACCATATGCGGGAGACCTGGAGTCACCAAATCTACCATTGGGGAACTCATCCCAAGTGGCATCACGACCCAAAGTTCCGTGACCTTTAGAAATAGATATTAAAGCCTTTTTAGATGGCATGGAACCATTCTCATTATTATAGCGTAAGCCTTTTTCAGTGACGATAGCCCTATTGAAAATCAACTTGGCCGAATCAAGACTTGAATGCCTTCTCCTTTTCCGGTTTGCTACAGTTTCTTCATTCGAATCATCCAACACAATATCCCCGTCAGCATCTTCTATTGGCACATTTTCTATGCTTCCTATTTCGCCACTGGTTTCATCTTCTCCCTCTTCTTCGCTAGATTCATTTACGATATGGGATAAGACGGGAGATTGCGAGACAATTTGAGCAATAGCCTTTTCCAAATTTAATGTATAGAAATGAAACCCTTTAATTCTACCAGATGTTCTTTGATATATTTCCTGAATCAATTCGATAAGAATGTCCACACCAATGGACTTCACGGCATTATCATCCGATTGGATTTCTGGGGGGAACCTACTCAGTATTGCAGGTGGAATAGATGCATGTGATAACTTTGCTGCTCTGTGGAAAAGCAGATAGGAGTTAATAGGCATCAACCCAGGGAAAAGGGGCAAATCTTGCGAAATCCGTTCCCGAAATAGCATTTCAAAAGTTAAGAATTTTTCAACGTCGTAAAACAGTTGTGTTATCACAAAATCGGCCCCAGCTTCAACTTTTTCTTTTAAATATACCAAATCCTTCAATGGGTCTTGCTCGTGACCTTCTGCTTCACCTTCACAATGACCTTCTGGATATGCTGCAACACCGACGCAGAACTTGTCTCCGTAGCTTTGCTTGATATAACGAACTAAATCAACCGCATATTTAAAAGGTGATTCGTTCGATTGAGAATCTAGCCAATCTTCCCCAATAGGTGGGTCACCTCGAAGAGCCAAAATATTCCTGATTCCTGCATTATAACATCTATCCAGCGCATCATCAATGATGGCTTTTTCTGTGTTTGTACAGGTCAAATGCATACAAACTGGTATATTTAGTGTCTGCTGTGCCAAGGAAGCTAATGTCAGAGTCTTTTCCGCAGTAGTACCACCTGCTCCCCAAGTAACCGTGATAAACAGTGGATCTAAAGCAGTCATACGATGCATACGTTCCATCAAATTTCTCGTCCCTAATTCAGTCTTTGGAGGGAAGAATTCTAACGATATAAAAGGGGAAGCCCTCGCATGATATAAATCTCTGATGGACATGTTTAAAAAATGTAATCAACCTGTCCCGTCCAACACGCTTCAAAAAATGTACGAACTTGAAACAAAATAGATGATGTGAGAGCTTAAGTCCCTCTTCCAATGTAACCAACAACCTGAAGTGTTCTCTGTTTGCCTTTATTTTGCGACTTTTCTTCATCATTGAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:506667-517161

TGCACTATCCTGTTGAAAATATCTTTCCAGATGTCTCAGTTATTTTATCAGGGCGACTCTGATGATGAGCTCCAGGAGGAACTTACGAGGCAGACAACTCAAGCATCTCAAAGTTCTAAAATTAAAAATGAAGATGAACCCGACGACTCCAATCATCTTAATGAGGTGGAAAATGAAGATAGCAAAGTTTTAGATGACGATGCAGTGTTATACCCTCTTATACCTAATGAGCCAGATGACATAGAAACGTCTAAGCCCAATATTAACGATATTAGGCCAGTTGATATTCAATTGACTTTACCATTGCCGTTTCAGCAAAAAGTGGTAGAGAATTCATTAATTACTGAAGATGCATTAATCATAATGGGGAAAGGACTAGGATTGCTTGATATTGTGGCCAATTTATTGCATGTTTTAGCTACACCAACATCCATTAACGGACAACTAAAGCGAGCGCTCGTCCTAGTGTTGAATGCAAAACCTATAGATAATGTAAGAATCAAGGAGGCCTTAGAAGAGCTGTCGTGGTTCTCTAATACTGGGAAGGACGACGACGATACTGCTGTCGAGAGCGATGATGAACTTTTTGAAAGGCCTTTTAACGTAGTTACCGCGGACTCGCTGAGCATTGAAAAGAGAAGAAAGCTATATATTTCTGGCGGAATCTTGAGCATTACTTCTAGAATTCTCATTGTGGATCTCTTATCCGGCATTGTTCACCCAAATAGGGTTACGGGTATGCTGGTATTGAATGCAGACTCACTTCGACATAATTCGAATGAATCGTTTATATTAGAGATTTACAGGTCTAAAAATACTTGGGGTTTTATTAAAGCCTTTTCTGAAGCACCAGAGACGTTTGTCATGGAATTTTCACCCCTCAGGACGAAAATGAAAGAATTACGGCTAAAGAACGTTTTGCTATGGCCGAGGTTCAGGGTAGAGGTCTCTTCCTGTTTGAATGCCACTAATAAGACGTCACACAATAAAGTCATTGAAGTCAAGGTCTCCTTAACAAATTCCATGTCTCAGATACAGTTTGGCTTGATGGAATGTTTGAAAAAATGTATTGCTGAGTTAAGCAGAAAAAATCCTGAACTAGCTCTGGACTGGTGGAATATGGAAAATGTCCTGGATATAAACTTTATCAGGTCAATTGACTCGGTGATGGTGCCGAACTGGCACCGAATTTCTTATGAATCAAAACAACTGGTTAAGGATATAAGATTCCTACGCCACCTTTTAAAGATGCTCGTAACTTCAGACGCAGTTGACTTTTTTGGAGAGATTCAATTAAGTTTGGATGCCAATAAACCGTCAGTATCCCGAAAATACAGCGAATCACCGTGGCTATTGGTCGATGAGGCACAATTAGTCATATCGTATGCGAAGAAAAGAATATTTTACAAAAATGAATATACTTTAGAAGAAAATCCAAAATGGGAACAACTTATTCATATATTACATGATATTTCACATGAGAGAATGACCAATCACCTTCAGGGGCCTACTTTAGTTGCCTGTTCCGACAACCTTACATGTTTAGAACTAGCAAAGGTCTTGAATGCCTCAAACAAAAAAAGAGGAGTACGTCAAGTGCTTCTGAATAAATTGAAATGGTACAGAAAACAGAGGGAGGAAACGAAAAAATTGGTCAAAGAAGTGCAAAGTCAGGACACTTTTCCAGAGAATGCAACATTAAATGTAAGCTCGACATTTTCCAAAGAACAAGTGACCACGAAAAGAAGAAGGACAAGAGGTGCTTCACAAGTTGCGGCCGTTGAAAAGCTAAGGAATGCAGGTACCAATGTAGATATGGAGGTGGTTTTTGAGGATCATAAGTTATCTGAAGAAATTAAGAAGGGAAGCGGTGATGATTTGGATGACGGTCAGGAAGAAAATGCCGCAAACGATTCAAAGATTTTTGAAATACAAGAACAGGAAAATGAAATCCTTATCGATGATGGGGATGCTGAATTTGACAACGGAGAATTAGAGTATGTGGGCGACCTTCCGCAGCACATCACAACCCATTTCAATAAGGATTTATGGGCAGAACATTGCAACGAGTATGAATATGTTGATCGTCAGGACGAAATTTTAATCTCTACGTTTAAAAGTCTCAATGACAATTGCTCATTGCAGGAGATGATGCCCTCTTACATTATAATGTTTGAACCAGATATATCGTTTATCAGGCAGATTGAAGTTTATAAGGCCATAGTGAAGGATTTGCAACCAAAAGTATACTTCATGTACTACGGTGAAAGTATTGAAGAGCAAAGTCATTTGACTGCTATCAAGAGAGAGAAAGATGCTTTCACAAAGTTGATTAGAGAGAATGCAAATCTGTCCCATCACTTTGAAACGAATGAAGATCTTTCTCACTACAAAAATTTAGCTGAAAGGAAGTTGAAGCTTTCAAAATTACGAAAATCTAATACCAGAAATGCGGGTGGGCAGCAGGGATTCCATAATCTTACTCAGGATGTCGTCATTGTGGATACACGTGAGTTTAATGCCTCATTACCAGGCTTACTCTACCGATATGGCATAAGGGTTATTCCTTGTATGTTGACAGTCGGCGATTATGTGATAACTCCTGATATTTGTCTCGAAAGAAAATCGATTTCTGACTTAATTGGGTCATTACAGAATAACAGATTAGCCAACCAATGTAAAAAAATGTTAAAATACTATGCATATCCGACACTATTGATTGAGTTTGATGAAGGACAGTCGTTTTCTTTAGAACCTTTTAGTGAACGTAGAAATTATAAGAATAAAGACATATCAACTGTTCATCCTATATCAAGCAAGTTATCCCAGGATGAAATTCAGCTAAAACTAGCCAAATTAGTATTGCGGTTTCCCACTTTAAAGATTATATGGTCTTCCTCACCCCTGCAAACTGTAAATATAATCCTAGAGTTGAAATTAGGACGTGAGCAACCTGACCCTAGTAATGCAGTTATATTGGGAACGAATAAAGTTAGATCGGATTTTAATAGCACTGCAAAGGGCCTGAAGGATGGTGATAACGAGTCTAAATTCAAGAGACTGTTGAATGTTCCTGGAGTGTCAAAAATTGATTATTTCAATCTCCGCAAAAAGATCAAGAGCTTCAATAAGCTTCAAAAGCTTTCATGGAATGAGATTAATGAACTTATTAATGACGAAGATTTGACGGATAGAATATACTACTTCTTGAGAACAGAAAAAGAAGAACAAGAACAAGAGTCAACAGATGAAAATCTTGAATCTCCTGGTAAGACCACTGATGATAACGCTTTACATGATCATCATAATGATGTTCCTGAAGCACCTGTGTAAAATATTGTTTAATTTAACGAACCCTGTTAAAACATCAGTATAAAATGCGATTAACTATAGTGAAAATAACAATATTCATTTGGTGACTTCGACCGTATATGTTATAAGTTAGACATGCTCTTTGAATCTTTTACTTTGATATTTTATTCCGCATATATATTCTTTTTTTCGCGTTCATAGTTTATTCACTCAAATTTTTCATATCATCCGCAATTCATCTTCCACTTTTTAGCAGTAAAAATGACCAAATGAAGTTCATTTATTTTTGATTTTTTAACCGTATTTGGTGGAATCTGAGCGTGGCATTAGTGAATCATTTTAAGCCAAATTACCCGTGAGTTTTTCTTAGAAGCGCACAATCATATTCATTATTAATAAATGCTTCAAATTCATCCTCTTGAATAAGGTCCAGAAATAATTTTGTCTCTTTTCCATTACCTATGTGGGTAAAAATTTTCTTTTGCGACTAAGATTCAAGAGACCAAGTTTCTTTTCCACAACGATATATAATAAACCAAATGGTACAAAGTAGGAAACAACAAATAAGGAAAGCTTTTTCTTAAGTAGATTTGTATATTTATCCAAGAATGAACGATGTGTCTCGTAAACAGTAATTCCTTTTAAATTTTATATTTCTTCTATTTTCTGAACTTTTTTACTTAAGAAAAAATTTGGAAATCATTACCTGTAGGATGGCTTAGCTCTGATAATCAACCTACCAAAGTAGTTTGCAGTTATGTGCACTTTTCCCTTCATGTTAACATTATTCGGGCCGGTCTATTGTTAAATAATTAAGGGTCCATTTTAGGCACGGCGGATTCACAGAAAACCACGCAGTGCTCAACGTCATATACCACAAAATCCGTTTTCGTATTAAAAGTGAATGTGTCAGTAAAAGGCATTCTTTTTAGCGTTCATTATTTCCTTTAATATGATGTACCAATCTGTCCACTGCCTATGTAAACTTAAAAGGGAGGCATTTATGACTTGAGATTTGGTTAAATTACCAATATCTCAAGGGTAACAATATTTGCTATACTGGTCATCTAGAATAAAAATACTGCGTTGTAGTGCTGAGTGATAGAACTTTTAAATCATATTATGTTATATAACAAAGAGCAGGGAACAAGCGGCGCTAGTAGCTCTGGTCGTAGAACGAAATTCCACTTCGATCGTTTTGTACAAATGGTTCTGTTCATTGCCGCTAATCCCAATTATTGCTGTTCAGTAGCCAGTATCCCGAAATCTGGTGTCACGCCAGATTTAAAAAGAGCAGATATTCTTGAACAGAAGATCAAAAGCTTAAATAGTGCGCTGAGTCCAAAATTGAAGGAAGAAAGTCGTCTTGGTGGGCCTTTGCATAACCCCTCTATTCTACCAGCCCCATCTTTTTCATCACTACCAATATCATCCAATGGAAAGAAATCTTTAGCAGGATATAGACCTAAAAGTAGGAAGAAACAAACTATACTCCCCAACGGTCAACCAAAAGAGTGCGCCACTTGTGGTGACACCTGGACTTCTCAGTGGAGAAGTGGACCTAATGGAAATGTTGAGCTATGTAGTCGATGTGGCATAGCATATAGGAAAAAAATGGAGAAAAAAATACGATCGCAACAATCCTCCGATGATGGTACTAAAAATTTTATATTTAAAAATAAATAGTTAAGTAGTTTGTAAAGATGGTATATTCAGCGGATTCTTCCTCTATTTTTATGTTTTTTGAGATATTTCGAGCTTTCTATTTTTTTAAAATGCCTGAATTTCCATCTTCAAAAAAAACATAAAAAAGGTACTTTACCACCAAATAAATGATAACCACAATTTACTTTACTTATCCTCCACTATCAAGTATCTTCCTACCAGGAAAAATGAATTTCAAATGATTCGAAATTTACGGAGGCTCAATATAGAGATAGTGTGACGATGTTCATAAGGGCTTTACCGCTTAGCACGTATCTACAGTTTTCACTCAATAATATATTCTCTAGGAATGATTGCCAATAGATTGATATCCAAGAGAAGGTTCAATTAAGGAATTTCATTTCGTTCTAATCTTTTGTTGAAAATAAAAATTTTTACTTATATGTTAAAGCTTAAGATTCCACATAAGGTCGAAGACAATCGTCACTAATGTGTGGTTCTGCCTGCTCATCTCTAAAATATATTACTTTTTGTACAGACATCTAAATTGAGCTGGTGCTTATGCTATTCTTATGATTTATTTTCAAGTGGTTTATTGAACTTTATTCCATATCCAATGATCTGAATATTTCTACTTATGTATAATAATTGTATATTATAAAAGAATAACTATTTTAAAGCGTCGGTTAAAATCAAATGGGCAATAAATCTTCTCATCCTAATCGCATCTTTATAATCAAAATCCAATGGCGCATCTGCACTTCCATAGAGAGTATTCATACAAACATATATTCCACAGTCGTAGCCATTTGGTTGCTGCGGACAATCTAAATGAATCAAATCAAAGTCTTCTCCTATTGTATGCTTACTTTCCTCCATAACATATTTTTGCAAGTCAGTCAGTATAGCGAAACTCATAGCATTTGGACCATTCGATAATGAATCTACGTAACCTATAGTTTTCTTTTTTAAATCAATTATGCCCAACGCCCAGTGGGATTGGTTCAAATTTATTGGTGTAAAGATTTTATCAAGTTTATCAATTTGTGTCTTCTTTCTCTTCATCCACCTCCGGACGCCTTGATAACCCCTTTCTGATAAATTGGTATAGAAAAATGAATTAAACGCCACTGTATTAGGGGTAGATTTTTCAATGTATTTCATAAAAAACTCAATGATAGTGTCATTTAGCCATCTTCGTGGTGCCAAGGTCTTAAAATCACGTACTGTTATCTCTATATTATCTCTATTCATTAACTGAGTATTTTCTCTAGATGCCAAAGCTTTTTGTACTTGGTCATCGTCTTTTTCATTTAATTCAGGAACAAGTTTCTTCTTGGCCAATTGTTCTTTCTTTTTTTTAAGATCTTCTTGAATCTTCTTTCTTTCATTTAAAATTTCGTTATATCTTTTGAAGTCTTTCTCAAACTCTAATATAGATCTATCAAACTTCAACTTTTGATTTAAGTAATCCTTATGTTTCCTTTCCAAAGAAGATATCTTTTTTTCTTTAACAAATACTAAATCATCATCATTTTCATTTCTTGTCTGTAGTCTGTTCTTGTTGTTCTCAATTAAAATTGTTTTGATCTTTTCAGTTAAGTCGATTATAGACTTTTTTAAGCCAGTGTCTTTTTCCTTATCCATATCCATTAATTTTAACTGTCTTTCTCTTTCTTCTTTTAATATTTTTGGAACTTTATATTCTCCGTTGAATATTTGTCGTAAATATGTTACTTCCTCAGATTGTGCTCTCGACACCAGTTTAGTATTGTTAATGTTCTGTTTTGCAACTTTTTTCTTTCTAATAAAGGCTGTCCCATACTGTCGCCTGTCGTAGCTATTTTTCTGATCAGAAGTGTTATTTTCTGAGTTAGAACCAATAGCACTTGTTTTCCACTTATTCCAACCAAAAGGATCTCTCGAAAAAGTTATGCTATTGTCACTATCACAATTGCTTTTTTGAGAAGCCAAAGAGCTGATTGGTGAGGTTGAAGGTGTCCCCACACCTTCACTTTCGATTCTTCTCCTTTTATTTGGTAAGGCCCACGTCGACGTATCGAATTTGTGTTTTCTTGTATCCGAGGAATAATTTTCACGTAGACCATATGGTACGTCACTGCTCCTACTTCCAGAACTTCTGCTCTCAACGTCGCTGTTACCACTTGCTTCTACTTCAGAACCATCAAAATTGCGAGGTTCGTTTTTCACAAATGTGTGCCATAAGTACTTACCTGAGTTCCAAAGAGTTTCTCTTATGCCTCCTATAAAACCAGCTTTACTAGCTCTATCTGACCCATCTTTCATTGATTCTTCCATTGATAAAACACGGCGGTCGTTTAAATAATTGAATCTTGACGTATTGGTTCTTTTTTTATAAATACCACTAAAACTGGCTGATCTTCTAGACTCGGAGGGATTGTTCAATACCCGAGGATAACACCTATATGTAGAAATTGGGGAGAATAAAGGGGAGTAAGGGTTCTTTTTATGATACTGTAGTGTGTTCCGGTGCTTATCTACTTCAACTGACATTATTATGATATCCAAAGGTCAGAGGAAGAAGAGGAAAAAAACTGAAACAGAAGTAGATATTGATGAATAATTTTAATTAGCAATATAGATTTGCGGAGCTGAAACGAACGTTTCAGCTATTTTTTGATCTGGGTTTAACTATCACACACATCTTCTCATTATGTGCATTTTGAATTTTGAAAATAAAAAGAGGCGGCGCCGGCACCTGCTGAAAGCTGTTTAATATGATTTAATACGGAAGAGCAAATATGTATAAATAGAGAACAATTAATTAATTATGATAGTAACTGGTACTTGTGTAATATATGTGTATATAAAAAATATACATGTTCTTATTCCCCAACCAAATTGAAGATAAAATCTTGAATTGGTTTTAGTGTACGGGGTAACGAAGGCTGGGAGGAAACGTTTACTAATCCTCTTTCCCTCCTAGCGGCCTCTTTAAAAGCCACACTAAAGTTAACAACCAAGGTAACGATTAATACAACTGCAACCAAAATAGGTCCCACAGGTGCATCCAAATGCTTACCACTTCTACCTTTAATAAGAGTTAATCTTTTTAAGTAGGTTCTATAAGCCCATACTCCGCAAAACAAAGTCAAAAAGAAATATACATAGGCCAACAGATCAGCTAGTTGTGGAAATTCGGCTTTTTGCACTGAATTATAGATAGAAAAGGTCAATACACTCAGCAATGTGGTTACACTTAACCATCTATTGAATGTACGTTCATTGGCGAGCCAAACTTTTGCCTCAACTTTGACAGGACCGGCATTTTTCAAAAGGTGAACTGGTTTTTTAACTCCCGGAGGTAATTGGAAAGAAGAGGCACTGTCTGTATCGTCGGAGTATGGATCATTTCCATTTTCTGAAATATTTTTTCCAGCAAGAATTTTCAAGAAAGCTGCATTCGTTTTGAATTTCTTCCCTTTTTTGACTGCAGATTTCTTGGGCAATGCAGTACCTTCTTCATCTGATGATTCGTGATCTTCTAAATCTGCAATAACGTGGCGAGTATTCTGATCTTTTTGCCCTTGTCTTTCAGTGGTCTTTCCATCTGGTACAGAGATTTTGGATAACCTTCTCATATTATCAAGTTTATCATGAATGCTCTTTTGTTTTTGTAAAGTTTTCTTCTCTTCTTCGTAAGCCTCCTGAGGGTTCTTTCTGATGTCGGTTTCTAAATCGGGCAACCAGAATGGCAAAATGTTGACATATTTATCGTCTTCACCAAACAGTGAAGCCACACCTTGCAAGTACAAAGAAAATTTTGGAACTTCGTTAACTAAATGTGAATTAGTTAAATCTTTAATCCACTCATAATTAGGCATTTGAGAATTATCTTGGTTTATAACCTTAATCTCCATTACAGAATAGGGGAACTTCGAATATTCTCCTGCTCTTAAAAACCTCAATGGGTTGGGAATATTGGAATCAATATCGTCACGGTGCCAATTCTCAGGGTTCCTAATGGGCCTATTTTTGTCCAAAGAATCCTCTCTAATGTACATGATATTGGAATCGATAGTGACTCTAATACTTTGATCTCCAGGAATTTGGAAAGCAGTTCTATTATAGGTAGCTCTCAAAACTGGCTGCAACTTCTCCTCAACAATAAAGTTTTGGATGTTATCAAAGTCTCTAGAAAGTTTTTCCAGTTCCTCCTTTTGAGTACCCCTTTCTCTTAGTTGATTAATTAAATAGTTTTTGTAACTGGGATCATTTTTAAAAATAAAATTGTTGATGAATTTGGCTTTCATTTGCAATCTGATTTCTTCAAAACTTGAATTACCAGTTTCGGTATTTTCTGTAAAAGTTCTCTTTTCCAAAAATATGTCAGGTTTGTCTAGCAGTTTACCGATCCATCTTAATCTCAGCGTAGGTGCACCGCTGATTTTCAACAATCTGTTATTGTACAAATCAAAAAAATCGTTGTCGAAATATAATGTAGTGATTGTTGGATCATATGACTGTGGGAAAATAACGCTCTTTGATTTTCCAATTTCAACATCTTGGTTGCTATTACCATCACTAGAAAGGCTGTTACTCTTTGAACCAATATTCAAGCGCGCTTCAGGTTGTACGCGGACATCTGATTCTAGATTATCGACGAAATCGTCATTTTCATTTGGAACCGACGCATAAACCAAAGCAGGTAGATGCCTTAAGATTCTAGCCTTAACCTCCATTATATTATCATCATGAACCCAAAACTTGTAGCTTTTAAAACTTGCGTCTTCAAGGTTAGAAAAATGTGATAATTTAGAAGTACTTGCTAATGATTTAGACACCGTATTTGGATGATCATAATTTGATCTCAAGAACTCGTACAGATATGAGATCCTATACAACAAGGGAGAATACTCTTCTGAATTGTTGAAAGGAAGTTCTTTCAATCTGACTTGTAAAAGAGACTTTACAGAAGGATAGTTTGGATGTAATTTATCGTGTTTCTTCACAATCTTGATAAACCCAGTAAAATTTAACCTGTCAAAGTTATCCAATCTTTGAGCCTCATCTAGACATTCTTCTAAGGTGTTTTTGAACTGCTCAGAATTTATTTTTTGGATTTTTTCAGCTGATTTAGTGTTTTCCTCTAAATCATCTAATTTTCGCAAGACAGCATTATATTTGGAAATTTGAAATGTGTAAACCTTTTCTAGTTCTTTATCCAAGGCCTCCACAAAATCAGATTCATTCCTTTCGGACCAACTATCCACGGAACTACGGCCATCATGTATGACGCTTTCCTTTAGTAATTTCTTCAACCTTTCATAGTCGATATATGAATCCTTCCAGGGAGGATATACGTCGTTAGCCAGTTTAATACCAAATAGCATTTTCAAACTCTGAAAACCAAGGACAAATTCTGCTGTTCGCTCTAATAGCCAAATGACCTATAGTGATAATAAAAAAAGCGCTAAGGAGGTACTACTTGGATTAGATCACTCTTATGCGTATTATTACCCGCCAATGGGCCCTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:517544-518682

GGAGTCCGCCGAAAAATCAGAAACGCGTAATTTAGACTTATATAAACAGCTATATACCTTGGAGCTAGTGTGATCTTGTTGATACTAGGTCGGCAAAGAACGCAAATATGGATTTTACGTCTGATACGACGAATTCGCACGACACATCGAATTCGCATTTAAGTCTGGAAGACGCTGTGGGTACACATCATGCTGGTGAAGCAGATGTAAACATTGATGGGGACGAGAAGCAACAACTATCGCTATTAGATGATGATCAGGTACGCGCACTGAAGCTACAGGAGGAGAAGGATGCGCTGTTGACAAGGAGAAATACTCTTTTACAAGAGATCCAGACGTACCAAAATATCTTGATGAAGGAAAATAACAGTAAGACTAAAAATGGTGATATCCTCCAAAACGATATCACACAGGATTTTCTTAATCTAATCTCGATCTCATCCTCTAATCCTAATTCGGCGATAAGTGACCGCAAGCGGGTCGAGAGGATCAATGGGCTAACTAACTTGCAGAAGGAACTAGTAACAAAATACGACACGTTACCTTTGTTAAATATGAATCTACGGCTAAGTTATTTGAGAGACCACACATACCCGCATCTTCAAGTTTCTGTGCAATCAAGAGACAGAGTACATAACGATGGGATTGAAGTTTTGGTGGTCAATTATAAATTCTGCAGAAACACGATGAATCCTTTTGAAATTCAGTTCAAAATGTTCTATAAATTTGAAGATTCCACACTGCTGAAGTGGGAAATCTTGCGAATTTCCACAAACGTTAGACTGAAGGCCAAGCAATTACTGGCAACACGTAACTTCCAGAAGTGTCTATTAAGCCTTTATGAGTTTGATAAGATCAAGTCCAAAAAAACTGGAATTTTCCAAAATTTGATTAATTTATTGAAAAGGAAAACCAGGTGTTATCTAATGAATAATAGTGACTCATTAATTGTGGAAAGAGTTATTAGAGAAGGAAGACTCACGACGATAAAATTGCAGATAAATTTCATCATTACAATGCCCGGTGAGAGAGGCAAACCTCGTAACTGTTTTCTGCCCATGAGTAAAATTTCAATAGCGCTATGGAAGGGGGGAGAAAGATTTAACCAGATAGATTTGGACGAGATATGCTACGGACTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:518836-519762

ACAGACATCATGGGCGGTAAGGCCAAGCGACACCGCCATCGATGCTTGCGACAGCAATTCATTTGCATCGTCGTTTATCATATGAACGCCTAGTATTTTCATGTCACGAGAATCTATCAGAACTTTAATGAAAGGAGAAACTGTAGTATTCTCTTCCCGTGGTAATAACGTGTTATATCTAACGTTCTGTGAGAACAAAACCCTGCCTTTTTGATATGGGATGCGAGCCTTTGCCAACCCCTCCTCAGTGTATCCGACCCAGCCAATCTGAGGCTGACAGTACAGCACATTTGGTGGGAAGCCACAATTCGAGGTTCCGTCGGAGCCTGTACAGCCTATTGATTGAATGGCCCTTATAGCTTGTTCTTCCGCTTTCAGCGCCAGCATGGGGCCCAATGTAACGTCTCCTATGGGTTTAATATGAGGGTACTTTAGCAGACTTTGGGTTTGTACGTCAACATTTTCTACAAAATCCCGTTCGTCTAGACCAATGCTGGAAATATCTAAACCTTTTAGCAGGGGACGTCTACCAATAGAAACCATCAAGACGTCGCAATGATGTACATATGTTTTCTTTGACACCTTGTTAAGCAAGGTGATGTTCAGCTGACCGGCAGCATCGGCTTCCGCGAGCTGCACTCTAGTGTCTAAAAGAAAAGCTATACCCTGACACTGCAAGAGGGTCTTCGTGGCAGAAGCCAACTCATTGTCCATATTTTGACAGATCTCGCTTTGAGATTCAACGATAGTAACCCGAGAGCCCAAATTATTGAATATGCATGCGATTTCTAGTCCAATTGTACCTCCTCCCATGATAGTAAAACGTGAAGGTATATAATCCAGTGACAATGCCTTATCAGATGAAATTATCTTGTCATTATCTATTGCAACACCAGGACACTGAATAACCGCAGATCCGGTCGCCAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:519948-520195

CGAATTTTGCAGGAAACAGCCGCGTGCCACGTTGCTCGATAAGTTCTTGCTGTTGTAGCAGCCGATAAAGATAAGACTCATATAACAAGGTCTTGGACGGGACTGCCCCGTCTACAAGGTAGGCGCCCCCCAGCGAGGCACGCTGGTCAACACATGCTGTGAGCAGGCCTGCTTGCGAAGCCTGCATCGCTGCAGTAAAGCCACCAGGCCCGCAACCAATTACCAGGACATCGTAAACTGCCGCAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:520886-525234

TTCCTATTACACTCATTATTCTTAAAATTTTCTTTTTCTATCTCTATTTTCTTTCTTTTCGTGTCTTATAATAATAATAATAATAATAATAATAAAAATAGTAATAATAAAAATAGTAATAAATAAAGATGGATTTCTTTAATTTGAATAATAATAATAATAATAATAATACTACTACTACTACTACTACTACCAATAACAATAATACTAATAATAATAATACTAATAATAATAATAATCCTGCTAATAATACCAATAACAACAATAGCACAGGCCATAGTAGTAATACTAATAACAATACTAATAACAACAATACGAATACCGGAGCCAGTGGTGTAGACGATTTTCAGAATTTTTTCGACCCAAAACCTTTTGACCAGAATTTGGATTCCAACAATAACAACAGTAATAGTAATAACAATGATAACAATAACAGTAACACGGTAGCCTCCAGCACGAACTTTACTTCTCCAACAGCAGTCGTTAATAATGCCGCTCCTGCTAATGTTACCGGTGGAAAAGCTGCTAATTTCATTCAGAACCAGTCTCCCCAATTCAATTCTCCATATGACTCAAACAATTCCAACACAAATTTAAACAGCCTGTCTCCTCAGGCTATTTTAGCCAAGAATTCAATCATTGATTCTTCCAATTTACCTCTTCAAGCTCAACAACAGCTATATGGCGGTAACAATAATAATAATAGCACCGGAATTGCGAACGATAATGTAATAACACCCCATTTTATCACCAATGTTCAATCCATCAGTCAAAATTCCTCATCTTCTACTCCGAACACAAACTCTAACTCTACTCCGAATGCAAATCAACAATTTTTGCCATTCAATAACAGTGCTTCCAATAATGGTAATTTGACGTCTAACCAGCTTATTTCTAATTACGCTGCTTCAAATTCAATGGACAGATCATCCTCTGCAAGCAATGAATTTGTTCCGAACACAAGTGACAACAACAACAACAGTAATAACCATAATATGCGTAATAACAGCAATAATAAAACGAGCAATAACAATAATGTCACTGCCGTGCCTGCTGCAACTCCCGCTAATACCAATAATTCAACTTCAAACGCAAATACAGTGTTCTCTGAAAGAGCTGCAATGTTTGCCGCTTTGCAGCAAAAGCAGCAGCAACGTTTTCAGGCTCTACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAAAATCAACAACAGCAAAATCAACAACCACAACAGCAACAACAGCAACAACAGAATCCCAAATTTTTGCAGAGTCAACGGCAGCAACAACAAAGATCTATTTTACAAAGTCTGAACCCGGCATTACAAGAGAAAATATCTACTGAATTGAATAACAAACAATATGAACTTTTTATGAAATCTTTGATTGAAAACTGTAAAAAAAGAAATATGCCGTTACAATCAATACCAGAAATCGGCAACAGAAAAATAAATCTTTTTTATCTTTATATGTTGGTTCAAAAATTCGGTGGTGCAGATCAAGTAACAAGGACCCAACAGTGGTCTATGGTGGCCCAAAGGCTGCAAATTTCCGATTACCAACAATTAGAATCAATCTATTTTAGAATTTTATTACCTTACGAAAGACACATGATTTCCCAAGAAGGTATAAAGGAAACTCAAGCGAAAAGAATATTCTTGCAACAGTTCTTACAAGAACTATTGAAGAAAGTTCAACAACAGCAGCAGGCCGCTGCATTGGCCAATGCCAACAATAACATTAATAGTGCATCGTCAGCACCAACCCCCGCGGCTCCTGGCGCGTCCGTTCCTGCTACAGCAGCACCAGGAACAGAAGCAGGGATCGTTCCGGTTTCAGCAAACACTCCAAAAAGCTTGAATAGCAATATTAATATCAACGTAAATAATAACAATATTGGCCAACAGCAAGTTAAGAAGCCAAGAAAGCAAAGAGTGAAAAAAAAGACCAAAAAGGAATTGGAACTAGAACGTAAAGAAAGGGAGGATTTTCAGAAACGACAACAAAAACTTTTAGAGGATCAACAAAGGCAACAGAAATTGCTATTAGAGACAAAATTACGTCAACAATATGAAATCGAACTAAAAAAATTGCCTAAAGTCTACAAGAGATCAATTGTTAGGAACTACAAACCCCTAATCAACCGCCTCAAGCATTACAATGGTTACGATATCAATTACATCTCTAAAATAGGAGAGAAAATAGATTCCAACAAGCCAATTTTTCTCTTCGCGCCAGAGTTAGGTGCAATTAATTTACATGCTTTATCAATGTCCCTCCAATCGAAGAATCTTGGAGAAATAAACACCGCCTTGAACACCTTGTTGGTCACAAGCGCTGACTCGAACTTAAAAATATCTCTGGTCAAATACCCTGAATTATTAGACTCCTTGGCAATACTCGGCATGAATTTACTGTCAAATTTGTCACAAAATGTTGTTCCATACCATCGAAACACTTCTGACTATTATTATGAGGATGCTGGATCAAATCAATACTATGTTACCCAACACGATAAAATGGTTGATAAAATTTTTGAAAAGGTAAACAACAACGCTACACTTACACCGAATGATTCTAACGATGAAAAAGTCACTATCCTGGTAGATTCTTTAACAGGTAATCAATTGCCCACCCCTACTCCTACTGAAATGGAGCCTGATCTCGACACTGAATGTTTTATAAGTATGCAGTCGACATCTCCCGCAGTTAAACAGTGGGACTTATTGCCTGAACCAATAAGATTCCTCCCTAACCAATTTCCTTTGAAAATTCACAGAACTCCTTATTTGACTTCTTTGAAAAAAATCAAGGATGAAATTGATGATCCATTTACAAAAATAAATACCAGAGGGGCAGAGGATCCCAAAGTTCTGATTAACGATCAACTGTCTACCATCTCGATGATTTTGAGGAATATTTCATTCTCCGATAACAACTCCAGAATCATGTCGAGAAATTTTTACCTAAAGAGATTTATATCTGATCTACTTTGGTTAGTCTTAATCCATCCAGAAAACTTTACATGCAATAGGAAAATACTAAATTTCAAGAAGGATTTGGTTATTGTTTTATCAAATATTTCTCATTTATTAGAGATCGCTTCGTCCATTGATTGCTTGTTAATTCTTATTCTAGTCATAAGTTTTGGTCAACCAAAACTCAATCCAATGGCGTCTTCGTCATCATTTGGCTCTGAATCTTTGACCTTCAACGAATTCCAGTTGCAATGGGGAAAATATCAAACTTTCGGTGTAGATATTTTGGCCAAATTATTTTCATTGGAAAAACCGAACCTAAATTATTTCAAATCAATCCTTCTGAACAAAAACACAGGTAACAACCTCTATGATCGCAACAGTAACAACAACCACAAGGACAAAAAGTTGTTACGAAGACTTTTGAATTTATACAATGATAACAATAAAAATAATAACAATAGGCACAACTTGCTAAATGATGTGGTTTCGTTTTTATTTTCTGCCATACCGCTGCAGCAAGTGTTATCGCAATCAGCTGATCCAAGTTTGCTGATCGACCAATTTTCTCCGGTAATTTCTCAGAGTCTAACTAGCATCTTAGTCATTGTACAAAAAATATTGCCGTTATCCAATGAAGTATTTGAAATCAGTGAGAATAATTCAGACAGTAACAGTAACAATAACGGCAACAAAGATTCTAGCTTCAATTTCAACAAGAATTTACCATTTGTGTGGTTGAGCTCTGAAGAAAATATTGGATCTGGACTATTGAAGTTAAGTGAGATAATATTGAATATTAACAATTCCACAAGTAAGAATACTTTGTTACAGCAACAAAATTATTCAAAGGTGCTCCTACCGTCAATTAACATATCCTGTGTTCAGTTAATCAAATGTTTGGTTGAAAAAAGTATTTGTTTTGAAAACTGCCTAAACAACGACCCGGAAATATTAAAAAAAATAGCATCGATTCCAAATTTGTTCCCCACGGATTTAGAAATTTTCCAGTTATTCACTAATCCATCAGTTGATATTCAAATAATAAACCAGTATCAATTACTTTACAATTTAAAAAATGATATCCTAACCAATTTGGAATGATGCGATTTTTTTAAACAATATTCTTTTACTGCTTATTTCTTCCTTGCGCACTATTTTCTTTTTATAAACCTATATAAAATGTTGTAACTAATATAATAGACCTTATGGAAACAATACAGTCGGAAGAGCGCCTTTAGTGCCAAAAGCCCAAATGAACGTATAGCTGCCATGAAGTCACATCTTGGGCGGCTCAACTAAACAATGGTTTTAGTAACTTCCCACTGGTCCCGTCGCGGCTACAAAAATTCCTTGAAATTGTATAAAGGAGTTTATGAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:525855-526887

ATCTTCATCGCTGTCATGGCCATTGAGACGCTGTAGCTTCTTATCCTTCTTGTCTGCACTCTCATGTTCAGATTGATCCAAACTCAAATTCTCTAAATCATGTACAATTTCAAGTAATTGCTCTTTAGAGTTATCCCCCATTCCACCTTGGGCCGTAAGTATCTTTTCGAAATCTTCTTGCCAACCTAATTCTTCAACGAGTTGCTCGGCAAACTCATCCGAGTACTGATGAACTATTAAATCTGTAGGCCTCTTGTTAGCTTTAAAATCGCCCACCGTTTCCAAATTGCACAGAACTCTTTTTACCTTTCGAGGAATTTCTTCGGGCAGAGACGCAAAGGGATAAACGGCTAGTGAGGTGCCAACGACGATGACAAGAGGCTGCTGAGGATGTTTTCCAGATGTCGTGATTTTTTCACGAAGCCACTCTGAATCGTTTAACCAAGTTTCCGAAAAGGAATCCGGTAGATCTTCGCCAAAAAAAACTATTGCCGGCTTTACCAGTTCACCGCACACATCACACTTGACAAAATCCTTTATAGGATGCTCTGCCAGCTTGGATTTGAAAACCTGTGGGGGATAAACTTTACCACATCCGATACAATGACAGTGAGCAAAACTGCCATGGGCCTCGATGATCAGATCATCCTTAACACCGGCCTGTCTTTCTAAAGTGTCTATATTCTGGGTATATACTCTCTTCAAAACGTCTTTGTCTTGAAACAATTTCAAAAGATAGTGAAACTTAGAAGGTCTGAAATTTCCGGGATACAACTCTTTAGCCAAAGTGTAAAATGGCAAAGGATCCGATTGGAAAAAATCGACATCGAACACTGCTTCAGGGTACGGCAACTTCAACCTGGCCAAGTTATGGTACAGGCCAGTTCCCGGAGATCGGAAGTCTGGTATCCCACAAGAAGTGGATATCCCGGCACCCACCATAAAGATTACTTTAGCGTTGGGGTTGCTTTTCATATGAGCAGCGATCTTCCTAACCGACATCTCTGTAGAGGCGGTAGAAACAGACATCGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:527416-529419

AGCTCTATTTCCCTTGTAGATAAACATATATAAGAATGCTATTATAGAAGCGTGTATTTTCCTCCCCCTAGCTTCAACCTGTAATTCCCTTCTTAGTAAAGCGAACTAGAACCAGTTTAATAGGATATAGAATGCTGCTGGAAAGATTGCACAAGAGATTACACGCCGGCTCTTCTAGGCGATCTCAAGAAAATAAGGACAAGAATTGCAAGCCCGAAGACGCGTTGCCCATCCAACCAGAAGCTCAACATCAAACTCAGGACCCTCAGCCGTTGTTAAATTGTGATTACGATGACATGATTGCATTTGACAGAAACTTGTCCACTCCCGTTTTCACTCCGGTAATGACTCCTATAAATAATAGCAGCTCCAATCAGGCGAAAAGCTCGGATGCCTCGTATTTTCCACCTTACCTCAATGCTAATAGAACCAGACAGAATAGCGCCTCTTCGCTGGCGAGTTCCGTTTCCGATTTCGCTCAGAATTTCAAACAACATACCTTTTACAACAATAACGCTCAATTCACTTCGTTCACACCGCAGTTTGTCGGCCTTCTATTAGAAGTTTACCAAAACACGTGCAGCGATCCTACGATAACTCCGTTTGATACTACAAACCCTCCCTCAGGAATATTGAATAGAGTTGCCAAAGCGGCTATACAGCAATCTGAGCTTCAACAATTGGATATCGGATGTGACAGAAATAGCTGGCTTTTAACATTGGTAAGACAGCGCTTGTTGCAAGAGGTCAGAAAAGACGGCTATCTTTCTCGTAACACTTCTTTAACTTCTTTACCCCCACCACCCCCACCACAGTTTTCTGAAATGCTTAGAGTTCCCTCCCCGTTTGTTAACGCAGATATTACCGATCCAATCCCCTTATCAAACACAAACTCGAATCCGAATGTAAGCTCTACTACCAGCCTGACCAACACGTTGAACTGGTATTCCTTACAAAGATCCAACGTCTCAATGAAGAATAGAAATGGCTCGTCCCAGTATATTTCAGAATTACAACCACAACCTATCTTAGCCCGCACAAATTCTAACAATAGTGTTAGCAACAGTAATGCCTTTTCTTTACTCACGCCAACGCCTACAACAGATTCCGCATTTAATTTTAACATAGCTCTGCTATCGAGACAACGTAGCAATATCATATCGTCCCCCTTAGCTAGTACTCGTTTACCTACAGCAAACGTGTCCACTGAAGAATCCTCTATTTTACCAAATGAATCATTGAAGCTAAAAAGAGATTTATTGCGTCTTAAAAGGTAAATAGTGCCGAACAGTCAGGAGCACACAATACATGACCTATAATGACACTATCTTAATGAAATTCTATTACACTTTCTCTTTTCTTCACATTCGATTAAGAATTTAATTTATTCCATTTCAAGTCTCATTCTCCATTTTCTGGTTGGCCATAGATGTATTATTTACAAGTCTGATAGATATAAAAGCGCCAAGTAAAACATATATACAACATATACATATACACCTCGCATCAATTAAAACACGTTCCTTTGCTTTCCTTTCTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTCCGATCTTTTTCACTCCAATGTTTCCATTCTTTCAAATACAACTTTCCTATTCACATTGCTGTTCTTACTAGTGGCCCATGCATCATTTAATATACCAGCCTTTCGTAATAGTTTAGTAACTGTTTCGCTAGGTTGTGCTCCCACACCAATCCAATATTTTGTTCTATCAAAATCAAGCTTCACGTCTTTAATAGGTACAACGCCCCTCTTCAATTCTCTCTTGGTCACTGGGCTGGGTACCGGCACGTAGGTTCCTAGTACCTCGATCGGTTTAGCATCCCTCGCCTTACGGGAATTAGCCACTACGATATTATAGACCGGACTATTTTTTCTTCCAAATCTAGCTAACCTTATTCGTACTAGACCACAGGTCATACTTGATAAACTCTATTACAATTTCTTAACGGAATACCAGTCAGAACTCCTCCGTTACTTAAGTCGTGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:529572-534786

TAGAACTTCCTCGGTCGCAGTTAATTCTCTCAGAGAAGAGTTTTAGTTTGAAAAGGTTCAACTTATTTTTTTACTGATTGAATTCAACCAGGTAATTTCTAGATTTTGAACAGCATCTCGCGAATTGAATCAGCAAATCTCAGAGTTCATCATGGATCAAGACAAAGTTGCTTTTCTTTTAGAGCTGGAGGACAAGCTGGCTAAAATTCGTTCCCAAGTAAACTCTAAATTGGAGAATCAAAAGCATATTGCTATAATATTAACTGCCGTTGAGGAAAATATTGCAGGTCAAGCTACAAATGATGTTTCAAAAAACATTGTAAATTATATCATTTCCTTTATGTCACTATTGGATCAAGCAGTAGACCCATCTACTCATGAAATAAAAGATATTCAATTGGCTTCCTCATCTACATATCTTCTAGATCTGATATTTCATTATTCGCCTAAGGTATTATTAAGATCGAAGTTTTCTGAAATCCTAACGAAAATTGCCCCATGTATCACTGCAGAAAAGGCTAATGCCCCTCTAATTAGAGCTGCTATTGGTTGTTTAGAATCTCTTCTTATTGCTCAAGATGCACAAGCCTGGAACAATACTTATGATCTAAACGTCACTCCAAAAAGAGGTTTGCAGGGTATACTTGAACTTTCTTTAGATGTAAGACCAAAAGTTAGAAAGAGAGCGCTAGATGCAGTTCATGCGGTCTTATTAAACCCTCCTGTTGCACCAACTGCAGAGCATGTAGCGGCAGTTTTTGTAGCAGATTTCTGTGACAAGCAGTTAGCAGGTATTTTAAATGATCTCTCGAATTTATCAAATAAACAATTGAAAGCACAGAAAACAAAGGAAGACATTAACGCTAGTGTCATGCGCTCTCTAAGGTTGATTACTTCAGTCGTCTCTACTGGACAGTGGCCATCTTCACAGATTGAGCCTCTTTGTGATGTACTATTGGGAGTCACCAAAAGCTCAGAGCAATATCTCGTTTCTGCATCATTTGAATGTTTTGAAAGCATGTTCAAAACAATGGCAGAAACTACCATTTCTTCTGGATTGGCTGAAAATAAGTACCTAAGAGTCTTGGATACCATTTTTGCATTAAAACCCTCAAATGTCGATACATTATTAACCAAGTCCTGGATTGCTGTGGTCATTAAGGGTATGTCCACTTACGCAACACATCAACCACTGAAAGCGCTACGTAAAATTCCTGGTGTATTTCACATTATGTGCACATATTTAGCTAGTGAAACTCCAGAAGTGTACCAAGCTGCCTCTCAATGTCTTATCTCAATCCTTTCTGAGTCTGTTAAAGATGATTTGTTATTGTATACACCAAGTGTGGATGAGAAAGTTTTCAAAAACGTAGATGAAATCATCTCTCAAATTGCGAAAACATTTATCGACTTTTTATCCATTAGATATTCCCATTGTTCCAGAGAAATTCTTAAGATTTTGGTGGCAGCATTCAACAAATTCAGATATAGATCTAATCCTCACTTTTTAAAATCACTGAAAATAGTCGATACATGGAGAGTAAATGAAGAACAGTTTATGGATTTGAGAAATGAAATCGAATTAGTAATCGGAGCCTCCATTTCTGCTATGGGCCCTGAAATGATACTCGCAGAAGCACCCCTGAATTTAGACAATCCATCTTCCGAAAGACCTGGCAGGGCTTGGTTGTTACCGCTTATTAGAGATTATACGAAAAATGCGAACCTTGCAACTTTTCAAAACGAATTGGCACCATACATTAAAAGTTTTCAATCTAAGTTCGATAAAGTCCCGGAAGAATCTATTCAATTGAGAGTTTTTCAAACTATTGTTGACCAAATCTGGTCTACACTTCCACGGTTTTGTGAACTCCCAATGGACTTGAGGGAATCCTTCACTGACGAATTTGCCTCAGAACTATCTTCTTTATTATACAGCGAGGTTGAGTTAAGAACTACAATTTGTCATGCTTTAAAGGTCTTGGCAGAAAGCAATGTTTCATATGCCGAAGAGTCCTCTTCTCACAACGTTTTATTGTTGCAACGTTTCCCCATTTCTGAAGCTCAAAAGAATATAGAATACCTTTCAACCAAATCAACGAATCTTCTAGCAGTTTTGTTCAATGTTTATACTCAAACCACTCCAAATGCAAGGAGTTATATTTTGGAAACGATTGATCAATATTTAAAGATTACTTCAAAGGAAGATTTGGAGAAAACTTTCAACAACGTATGTGGTCTTTTGAAGAATTCTATGAATGAAGAAAGTAGCGGAAATGTGAACAAAGAAAAGAAAAAGCCTCAATTGACAGCGACACTATTGGACTTAATCATATGTATGATAACATACTTACCTGTCTCGTCTTATTCTGCTTTATTCTCAATGTTTAGCCTCACCGTAAATTCTGCTGACGCGCTAATTCAAAAAAGAGCTTATAGAATTATTACAAAGCTTTCTGAGTTGAAATCGGGATCAACAGCTGTCGCCCAATTCATTTCGGATATTGAGAATGTCATGGTAGATAGCGCCTCCTCTGTTCAAACATCTGCTAAAGCTGCAAGATTAACAGCAATTAAAACCATAGTAGAATTATTACCTTTAGATCATCTTGATTTCATTGTTAGAACCGTCGCTGAGGTTATTTTGAGTACAAAGGATGTGAATGAAAAATCTAGAGAGACCGCTTTTGATACTTTAATTTGTATGGGAAGAAAAATGAATGAGCCAAATGGTATTATCAAATTATTCCAAATACCAGGTTATGATCCTACCACTCCAGATCAATCGTCGTCAATATCAGAGTTTTTTAAGATCATTTCTGCCGGTCTTATTGGTGAATCTCAACATATGGTTAGTAGTTCAATTACGGGTTATGCTTGTTTAGTTTTTGAATTCAAAAATGAACTCGATTCCGGTATACTAATGGATATATATGACACCATTGAATTGTACTTAACTTCTAACTCTAGGGAAATTGTAAAAAGCGCCATTGGGTTTACCAAGGTTTGTGTTTTGGGGCTTCCAGAAGAACTGATGAGGCCAAAGGTGCCAGAGTTACTTCTAAAGTTATTAAGATGGTCTCACGAACACACTGGTCATTTCAAAGCCAAAGTCAAGCATATTATTGAAAGATTAATAAGGAGATTTGGATATGACTACATTGAAGCCAACTTCCCTGAAGAAGATAGGAGATTATTAACAAATATAAGAAAGATGCGCAATAGGAATAAGCGTAAAGATGAAGAAGTTACTACTGGAGTTAGTGATGTAGCTGCCACAAAGGGTTCAAGATTTATGTCTGCATTCGATGAAGCTGTTTATGGGTCTGATGAAGAAAATGATAATGGATCAGATCAGGAGGAAAATGTTGCTGGTGGCAAAATGAAGAATGGGGCAAAGCAATTTATTGTAGAATCCGGTGACAACCCACTAGATTTGTTAGATTCTCAAACACTAGCTCATATATCATCTACCAGACCAAAGAAATTCAATAAGAATCAAAATAGAGCAAGGTTTAATGATGATGCGTTTAACTTTGACTCAGAAGGAAAACTCGTTGTCAAGGGGCAACCTAAACCCTCTACTAATGTAGACGATCCATTGAGTGCTGTGACAAGCGGAATCAATGCGTATCTAGAGGCTGTGAAAAGTGGTCCTGTAAGAGGTCAAAGAAACAAGCTGAAATTCAGGAAAAATGGAAAGGACTCTGATGAATTTGGCGATGATGATGATGGTGAAAAGGATAGTAGGCTAATGAGAGGAAGAGTAAATCAAGGTAACAAGATTGGCAAACATAATAAGAAAGGTCCAAAGTTCAAATCTAGAAAAAAATTATAGAAGATTGAAACTGAGCAATATGGCTAATTACACACCTGGAGAAAAAATCAGATATGTATATATAAGAATATTATAATACTGTATATTAAAAATGATTAAAATAAAGAAAAAAATGAATCGGGCGTTTAATTGCTTATTATCTTGAAGAAGCGAAAGTACACTATATAGTAATAATGTGAGGTTAATTAAATATGGATGAGATAATGACGAAAGAAAATGCAGAAATGTCGTTTTAAAAGTAACCCCCATAATCTAGTGAGGTTCGACGTTGAAATGTGCTGTCCATATCTTCCTGCTCTGCCCATTTAGTATCAACATTTGAGTCGAATTGAAACATTGATATGTCACGGTCATCACCATGAGGAGACTCTGTTAAACTTTTATTGTTCTCTTTAAAACTTTCCTCATTGTTATTTTCTTGAGACTTTTGGTTAGGGCCTTCCACTTCGCCAAGTGATTCAAGCTCCTCATCCTCAAATGAAAGAGTTATATTTTCTAACCTATTTTCTTTTCTCATTATCGGCAGTTTGCTAGTTACAAATGGATTTTCTTGGATCTCTGTTAAGGCATCCTCATCTCTTGGGGTCATCGCCGAAGGCATCCTATCTTCGTTTGTTATGGTAGTGTGGTGATGGCGGCTTAGAATGGAAGATTTATAGCCTGCAATATGTGGTAAAGCCGGTACATTTTGAGATTCTTTTTTGGAAGCTCTTTCAATCATGTTTATACGTTGTCTAGCAATGACTAATTTGATCCAATCATCTAATCCATTATTATTTATTAGATCTTCTATCAACTCTGTTTTTCTATTCTTTGTTTCTAATTTCTGTTTCGCACCCTTGTTTTGCAGTAATTGATTGAGATAGTCAGGTATTGCTGACAAAGGATCAGATTCTTTTTCCTCACTTTGTAGTAATTCTACTGTGGGTAAGGCAGTTATTCGCGCGTCGGTCAATTGAGTACTATAAATACACCAGTCCTTGAACTTTTCCATTCCTCGTGAACTTGATAATTCGGAGTTTTCATCATAGACATCCAGAACGTTCGTAGGCTTAACAATACCTAGATTTTCCAGAGCCAGAGTTATATCTTGTAAAGCAATTGTATCGTCCTGATCACATCTTGCCTGAGCGATAGAACTGACCTCTGATGCTAACAAACTCAAGAATTTTGCATAGAGATCGGTCATGACATCCACCAGACTGGGCCTTGCCCTGTCAAATCCTTGTGCCTTCAATAATTGGAGAATAGATATGCGTAGTAGAGCAAAATAGAAGTCATTATTTGTAGTCATAGCAGAGGAACTCTATTGACCCAAAGATATCGCTGTTTTCCGCTAGTAGGTGATTTGGAATTGCTCAGGAAGCTACTTCAAGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:534939-538447

GACAGAAGTTCTTTAGGCATTTAGGTTTTGTTTGTGAGCTGGCTTGCTAATTTTGAGTACTGTGCATCATTGTTCCAGGATGTCTTCTTTATCGCTATATACTGTTCAGGCTGTTTTAATACTAGATCAGCAAGGAGAACGAATTTATGCAAAGTATTATCAACCTCCTCATAGATCTGATGAAGGACACCAATTGCTCTTCAATTCGGTGAAGAAGCAAAAAGAGTTTGAGAAACAACTATACCGTAAGACTCACAAGCAAGATTCGGAGATTTTAATCTTCGAGGATCATTTAGTCCTTTACAAAGAATACATTGATATCACGATATATTTAGTTGCTTCGCTGGAAGAGAATGAAATTGTTCTTCAGCAAGGATTTTCAGCAATCAGAGGAGCTTTGGATTTGATTTTGAACTCAGGAATGGACAAAAAAAACATCCAAGAAAACTATGATATGGTTTTATTAGCTATTGATGAAACCATTGATAATGGTGTTATCCTCGAAACTGACTCTAACACTATTGCATCCAGAGTTTCTAAACCACCTACGAACGAACCCCAAATGGCATTAGATTTGGATAAGGGTTTCTTAGGCGCGTGGGGTTTCGCAAAGAGCAAGTTTCAAGAAAGGTTACAGCAAGGCTTATGATCACAAGGCAAAGCGGATAGAAGAAAATTTTAGCTGGTCTTATATGGTATATATGCAGTGTCTTACTTTCTCCCTTCCATATATATGTATCTACTTATATATATAAGTATATGTTGCTCATTTAGAAATGATTGTCACCTCATGCTAATCATTTTATTCTTCTCGTTGGTCTGTGATGAAAAATAATGAAAAAATTATAATTGCTGTCTATTTTCTTTTCATCTCATATGATTTAGCGTTTTTTTTTGCCCTTCTTCGAAGAGTTACCACCGTTCTTGGTGGATTTCTGCCCAGCGATTGTTACTTTTAACTTGTCGACACAGAGCAGAAGAACCAAGTCCTGTTCCTTCAAGCCTTTAATCATTTCATGTTCTTGGGGCCAATCCATTTCGTTGTCAGTTGAAGAACCGTCTAGTGGTCTACTCTTGAAATAATGTAAAATTTCAGTTAAAGTCTTAGTTTTCTTCGCACTTCCCGGTTGTATTTTGACTTTGTATTTATATTTCAAAAGCGCAGGCCAGGGGGCAAATACTGGTATAATATCATCAACCACATCGCCCTTATCGAGAGATGGTTTTAATTCGGACTTGTGTTTATCATAGTTCACTCTTGCTTTCTCTTTTTTGGTGAATTTTAAAGCCTGTAGTCTTCTTTGTTTCTCGCGTTTATTCTTTCTATCTTCTCTAACTTCTCGCTTCATTATTTCTTCTTTCTTCCTTTGTTGCTGCTTTTCGATACCCTTCAAAGTACCCAAGGCCTCCAAACGCAAGAGACGTTCAGTTTCATCCTGGTCGGCGTATTTCTTTTGAATTTTCTTCAATTTTCCTCTTTTACCACGGACGTTACTGTTTATGTTTTCGATTAAAGATATCGGAACACCTGGTTCATCAAGGATACGCTGCGTACTGCTATTGTCATTTTTGGCTTTAGCATTTCCAGAATCAGAGTCGGTATCGGATGATATGGTGCAATGCTTTTCGATGTCTTTTTCAAGATTATCGTGTTCAAAACTGTTGTTTTTCGTGCTATCGTTTGAATCTCCACCCTTCTCTAACCCATTGACCTCGTTACTATCGTCTTCATCTTGCTGTTGCTCTTCTTCTTTTTCTTCTTCTTCTTTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCGTCATCATCACCATTATCCTCATTTCCACTGGTTTTCACTTTCCATAAAAATCCAAAACCCATCACAAGTTGAGCAGGGGGTAAATGGTTTTGATCATTCTCATTTTTCAACCGAAAGGCACCTTCTGGCAGAATGGAGTTATCAGAGCCATCGAATTTACTAACATTCTTTGCAAAGCACCACCATGGAGAAGAAGATATCTTCTTCGACCAAGCCTCGCTTGAGGACATGCATAGTATACCCGCTTGCATCAAAGTGTTCGGTGGAACTTCTGTTTTTTCTGGATTTTTGATCCATACATGAGAGTTAAAACTATTGGACATATAAATATCATCATCTTCAATATATTTTGAATAGATTTGATCTGTCTCAGCCGGACTTTTACCCATCATGACCAAAAATCCTTCACTTGAAATAAACCAACTATATTTTTCAAAAAAGTAAGGAGTGCGGATCTTTTTTAAGACACTGTGAGAATCTTTTAGCTTTTTTTTCAATTGTTGATCAATTTTGACTTCAATATTCTTCATAGCCTTGCCGACATTCTTTTCGACTTTTTTCTGCTTTTGAGCACTTGTTTTTTTGATATTGAAATATTCAGTGGCATTGGCATAAGCTGATAAACCAAGGTCAATTGTAACGTTTATCTTTTCATTAGATTTTCTTTTCATACTTTTTGTACTCCTCTCCTTCGAACTCTCCATGTCTTCTGAGTCTGAGTCACTAGAACTATCAGTAGTATTGCCTTCTGATTCATTGTCCTCGTCTGAAGAAGTGTTGAGTTCCTTGCTAGAGAGATCAAGCTTGACGCTAATTTTGTTCTGTTTCAAGTTCAAAGGCAAGTTCAAAAGCTGAGCAATTCTGTTGCCTTTTTTTTGTTCACTTTTAATTAGTTTCTCAATAGTGTTCCAGTCCATTTGTTGATCGATTAGACCCTGAACAGCAAGCTTAACTTCCTCTATTAAGGGTGCATTTTCAATTATGAGATGGCCTTTCCTTTCATTTAGTTCTTGGACGTCTAATAAAGCTTGTATTTTTCTATCATTTTCGGCACGAGCATCATCGATTTTCTTTTGCGCTTGCGATTCCTGATTTTGTATACGTAGAGCATACTTAGAGGATTCTATTGTTGAGAAAAATTTGTCTAGCGTCCTATTGTAAGGACCTTCAACTTCAATGATACAAGAAGAGTCAGTGTCTCCCCCATTTATATATGGCTTAAAGGGATGGAATGTATCATAAATAAATTCCAAATCGGCAGTATCTTTTTCAGAGATATAATTTTCATTTCTTTTGGCCAAAATGTAACCCTTTCTATCGGTGGTAGTTAAAAGTTGATTATATTCTAACTGAGTACTGTTTAGCAATTCGGCGAGTGAGTCTGTTTCCTCCAAAAGATTTAAACAAGACTCTGAAGGGTCGATATTGAATACCTTAAGGTTCTTTGATAATAAATCTGAAGACAAATGAGGGACTTTCGAAAGCAGCAGTTTATGGATGGAAGGTACTTTCACTTTTTTTTTTTTAGCGCCCTCCTTCCCTTGAATGTTAAGTTGCTTAATAACAGTAATGTCTGATTCATACTTGGCTTGAACTGCTTTTATCCACTCGTTGACTAGTTCAGAGGTGTATTCTGCCTTTCTGTTTTTTTCTATGGATTCATCAGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:538558-538935

CATCTAGAAGAATGACATTCCCTGCACTGAAAAATTCCAAAACTAAATAGAAGTGGCCATCAGCAAATTGTAGAACAAGAATTCTATCCTGGTCTACTTGCTTTAAAGCTGTTAACCGTTTAGCTTTAAGATGCTTCCTTAGTTTGACAACAAAGCCGGAAGGAGTTGGAGGTATTGGCCTACTAAATTCAGTTAAGTAAATTCTTAAGCCACAATCGACAACAACATTGAGTTTAGAATCTGGTTTATTAAATTTCAGCAAAAATTGTTTTGAGGAATCGGCAATGTTATATATATTACTCAATCGGTAGCCTTCCAAATCCTGTTTCAGCTCTCTAGCCAACAGCAGTAAATCTAGGGCACTAATTCTTTGCTTCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:539150-543925

AAAGGTTAAAACTCAGGCTATTTATTGAAAATCCAATTTTAATCGTAACCACAGAGTTGAGGTAGAGGCTCATTTGTTACCTGACAGTTGATGACATTATCACTGACATATTTAAATTCATCATTAGTGTAATCAGCACATGCTAAGTTGAGGGCACTACTGCAACTTCAGTTTGTTTCCTTAAAACCCAAAAGAGTAGAAAACCAGGCTAAAAACAGTCACACTAGTCCAAAAAATGGACAAAAAGGAATATTCGGAGACTTTCTATCATCCTTATAAGCCCTATGATATTCAGGTACAGTTAATGGAAACTGTATACAGAGTGCTATCCGAAGGGAAGAAAATAGCTATCCTGGAAAGCCCCACTGGGACAGGCAAGACGCTGTCCTTAATCTGTGCCACGATGACTTGGTTGAGAATGAATAAAGCAGATATTTTCACCCGCATGGAAACTAACATCAAAACGAATGAAGATGATAGTGAAAACCTAAGCGATGACGAGCCAGACTGGGTTATTGACACTTATCGAAAGTCTGTTTTACAAGAAAAGGTGGATTTGCTAAATGATTATGAGAAGCATTTAAACGAAATTAACACGACCAGTTGTAAGCAGTTGAAAACTATGTGTGATTTAGATAAAGAACATGGAAGATATAAATCAGTTGATCCATTAAGAAAGAAACGCAAAGGCGCTAGGCACCTTGATGTATCACTTGAAGAACAAGATTTTATTCCGCGCCCGTACGAATCAGATTCTGAAAACAATGATACCTCCAAAAGCACAAGAGGAGGAAGAATATCTGATAAAGATTACAAATTGAGTGAACTAAATTCACAAATAATAACACTTTTAGACAAAATTGATGGGAAGGTTTCGAGAGATCCAAACAATGGCGATCGCTTTGACGTTACAAATCAAAATCCAGTGAAAATATATTATGCATCCAGAACTTATTCACAATTAGGTCAATTTACTTCTCAGTTAAGATTACCCTCGTTCCCATCATCCTTTAGGGATAAGGTCCCAGATGAAAAGGTGAAGTACTTACCACTTGCTTCGAAAAAGCAGCTTTGTATTAATCCAAAAGTGATGAAGTGGAAAACATTGGAAGCTATTAATGACGCATGTGCGGACCTTAGACATAGTAAAGAGGGATGTATCTTTTATCAAAATACAAACGAATGGCGTCATTGTCCTGATACGTTAGCTCTCAGAGATATGATTTTTTCAGAAATTCAAGATATTGAAGATTTAGTTCCCCTGGGAAAATCTTTGGGAATTTGTCCCTATTACGCCTCGAGGGAGGCACTTCCTATTGCGGAGGTAGTGACTTTGCCATATCAATACTTACTTTCTGAGTCCACCCGTTCAAGTCTTCAAATAAACCTTGAAAATTCTATAGTAATTATTGATGAGGCTCATAATTTGATAGAAACAATAAATTCTATATATTCCTCTCAGATCTCGTTGGAGGACTTAAAGAATTGCCATAAGGGGATAGTAACTTATTTCAACAAATTTAAGTCCAGGCTCAATCCCGGTAACAGAGTAAATCTATTAAAGCTCAATTCACTTTTGATGACTCTGATTCAATTTATAGTTAAAAATTTCAAGAAGATAGGACAAGAAATAGATCCTAACGATATGTTCACAGGAAGTAACATCGATACCCTAAACATTCATAAACTATTGAGATATATAAAAGTCTCCAAAATTGCTTACAAAATTGACACGTATAACCAGGCACTAAAAGAGGAAGAATCGTCAAAAAATGAAAATCCAATAAAAGAAACGCATAAAAAATCAGTTTCTTCTCAGCCATTACTTTTCAAGGTTTCTCAATTCCTATATTGTTTGACAAATTTGACGTCAGAAGGACAATTTTTTTTTGAGAAAAATTATTCAATAAAGTACATGCTTCTAGAACCAAGTAAACCTTTTGAGTCAATACTAAATCAAGCAAAATGTGTAGTCCTTGCAGGTGGGACAATGGAACCCATGTCAGAGTTTTTGTCGAATTTGCTACCTGAAGTTCCTTCTGAAGACATTACGACCTTGTCGTGCAATCATGTTATACCGAAAGAGAATTTGCAAACTTATATCACAAACCAGCCTGAGCTTGAGTTCACATTCGAAAAAAGAATGTCTCCCTCCCTTGTAAATAATCATCTTTTTCAATTTTTTGTTGATCTGAGCAAAGCAGTTCCTAAAAAGGGTGGTATTGTAGCTTTTTTTCCAAGCTATCAGTATTTGGCGCATGTAATTCAGTGCTGGAAACAGAATGACAGGTTTGCTACATTAAATAACGTGAGGAAAATATTCTATGAAGCAAAAGACGGCGATGATATTCTATCTGGATATTCTGATTCGGTAGCAGAGGGAAGGGGGTCTCTTTTGCTGGCTATTGTTGGGGGAAAATTATCAGAGGGAATAAATTTTCAAGATGATTTATGTAGGGCTGTGGTGATGGTGGGCCTGCCGTTCCCAAATATTTTTAGTGGAGAACTAATAGTTAAAAGGAAGCATTTGGCCGCTAAAATAATGAAGTCAGGCGGAACGGAAGAGGAAGCTTCACGAGCAACAAAGGAGTTTATGGAGAATATTTGTATGAAAGCTGTCAACCAAAGTGTTGGACGTGCTATACGGCATGCAAATGATTACGCAAACATTTACTTGCTCGATGTGCGATATAATAGGCCCAATTTCCGGAAAAAATTGTCACGTTGGGTGCAAGATTCTATCAATTCCGAACATACAACACATCAGGTCATTTCTTCAACACGGAAGTTTTTTTCAATGCGCAGCCTGAATTCACGCTAAAAGGAATACGTTTACGTGTATACTGTGATTACTACTATATATTATAGTAAACTAAACTGATATTTATGACTACTTTTTATATCTGCAAGTAATTCTTTGTCTCTTGTATCCTTACATAACTTCCAGCGTTGTTCCACAATATACGCTTATTTCATTAAATCTTTCTAATAGACCCCTTGTAAACCAACCATAATCATTCAAATCATCTCGTTTTATGTCTATTACCCGTTGTTTGCTCACGGGACATATCTTTACATGCGTTGTAAGTATTGGAAGCAAAGTGACACCACACCTCTTCCACGTGTTATTCGTGGTGGATGTTACAGTTTCAGGGTCAGCCGTGAAGCTTTCTAAATTGAACGTTTCCTCGAGAAAGCTGTTCTTCATCAATAACGTGCCGTTGTAAATTGGCGCTTCTCTTTTAAGTATTGCCGCTATAGATAATACGCAAGCTAAATCAAAACTATTCGTTAATTCGGATTTTTTGTTTATAGCGTATTCATATAAGGCTTCCAAAAATGACAAAATTGACGGTTTATCGATAGTCATATTCAAGAACATTATAATCCTCATCTCTTCACTTTTCATTAATGCATTGAGGTATGATTGGAAATCCAGACTAATAGGGTAATTACCATTCAGTAATTTCTTGTTCATACTGAAATTTTCTGGAAGTTTGGGCAGCGATTGGTTGTAAATTTGGTACGTCTGATACCACGCTAATCCAACAGCACGTTCAGAAATTGTCCAAGTATGATATAGTGGGGCGAACATGATGTTAAACGATTGTTCTGAAGCTATTTTATATTTGAAAGCCACCCGTTCCATATCGTATACTATGGCTATTGAATAGCCGTCTGGAGAGAGAGATATTCCGTGTATGACAAGAGTTGTTTCATAATTATTGAATTCATTCCAAATTGTGCTCCATTTCTTGAATTTCTTCTCTAAGTAAGGCGCGATAATATTATCAGCCGTCACATGAAGTTCGTCTTCTAGTAAAACTTTATAACTAGTCTTATTGGACATCAATAATATCGTGCTCTCTTTCTCATGATTCAATGGGATTATATGAAAATTTTCGAGAGATCCTGTTTTCAAGCTAGAAATTGAATAATTTTTTAAATCTATCTTATGCACATATCCGGGACAAGTTAAAACCACCTTATAATCCACTATCTTTAAATCAGTAATTTTTCTTCTCGAAGCATTTTGTATCATTCTAGAAACGGGTTGATGAGAGGAAGCAGAAACTGTCATTGAAAATACAGAATTGTTTGAAAGCGCCGCTACAAGAACGTCTTCGTACCATACTATATGAGTGACCCAGTCTTTTGAGCCTGCGTCACTTAATCTAATACTACTCTCAAAATAAAATTCTGGAGTATTTTCTGAATTTTTGCGAATGCTAAAGAATTGAAGCTCACCGTCTTCATTACCAACCACGATTGATGATTCAATAGGATTCCATTCAAAACAATGGTAGGTTCTGCTACTTAAGTTTCCTTTTGAATCGAGATTTGTGAGCATTTTGTTATCTTTGAACACAGAAACATTACCATTATTGCTCAATACGGCCATCCAATCGTCTATTGGTGATGGCTTACAGACTCTGGGATAACAAACAGGTTGTGAATTTAATAACCCATTCTGTTGCGCCAGCTCGAAATCCAGTTTATTTTCAAATTCTAGCGGGAATTCTTTCACATGAAATAAATTCTTACTGTTGCAATTAATGTCTTTAGCATATTTTGGCTGCCCAATGCTAATATCAGGAAATGTGGTCAAATATAGAGTACCATCCCGAGCCCATGTTAAATTGTTCTTCCAATCCTCAAATTCCTTTCTATCTACCAATAAGTCCTTTAGAAGCTTCATTATGAATTGAATTGGCTTTCCTAACTCCTAACAAAGTTAGTCATGCTGCTTTTTTCATTATATATAATTCTGTCTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:544050-544371

AGCAAATGCTGGGAAGTTGGATTATCTTTGGGAAGGTCTATTTCCTTTTTTATTGAAATAAATCATTCAGCTAATTGCATACCGTGGCTAATGTCACAACAGATGTAAGCAACAATTTAATCTTACATAAATGTGTTGCAGTTGTGGTATTTCGTAATATATACGCAATGATTCTCTCCTATTATTGAACTGCTATGCAGGTATTCGCTACATTGTTTTTCTACAGGCAGTCGTCGACATAAATAACTTGTATAATCATTTAAGCGCATCCCAGTAATTAACTATTACCGAACGATAGAGTAGTCAAGATATTCTCTTCCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:544516-551795

AGCGGGAGTGCCAAACGAGAGGAACATCAACAACCAGTATAACAACGTTCTTGTGTAGAAGATAACTAAATTCATCTCCAAAAAGAACAAGAGCAGAACTTCAATTAGTAAAACCATGAATGTGCTATGGATTATAGCACTAGTTGGCCAGCTGATGCGGCTCGTTCAGGGAACAGCTACCTGTGCCATGTATGGGAACTGTGGGAAAAAGTCAGTATTTGGAAACGAATTACCTTGCCCTGTGCCACGTAGTTTTGAACCTCCTGTTCTTTCAGATGAAACAAGCAAACTTTTGGTTGAAGTTTGTGGTGAAGAGTGGAAAGAGGTCCGTTATGCCTGCTGTACTAAAGATCAAGTGGTAGCACTGAGAGATAACCTACAAAAGGCTCAACCTTTAATTTCCTCATGCCCAGCATGCCTCAAGAATTTTAATAACCTGTTCTGTCACTTCACTTGCGCTGCTGACCAAGGAAGGTTTGTCAATATTACCAAGGTAGAAAAGTCAAAAGAAGATAAAGATATTGTTGCGGAATTAGACGTTTTCATGAATTCGTCTTGGGCATCTGAATTTTATGACTCATGTAAGAATATTAAATTTTCTGCTACCAACGGTTATGCGATGGACCTAATCGGAGGTGGTGCTAAAAATTACAGTCAATTCTTGAAGTTTTTGGGGGATGCTAAACCTATGCTTGGTGGATCCCCCTTTCAGATTAATTACAAGTATGATTTAGCAAATGAAGAAAAAGAATGGCAGGAATTTAATGATGAGGTTTATGCTTGCGATGATGCTCAATATAAATGTGCGTGTTCTGATTGTCAAGAGTCTTGCCCCCATTTAAAACCTTTAAAAGATGGCGTGTGTAAAGTTGGCCCTCTGCCATGTTTTTCCCTTTCTGTTCTGATCTTTTACACAATCTGTGCACTTTTTGCATTTATGTGGTATTATCTCTGTAAAAGAAAAAAAAACGGGGCAATGATTGTGGACGACGATATTGTTCCAGAATCAGGTTCCTTAGATGAATCAGAGACGAATGTATTCGAAAGTTTCAATAATGAAACTAACTTTTTTAATGGTAAACTCGCTAACCTATTTACGAAAGTGGGACAATTTTCCGTTGAAAACCCCTACAAGATATTAATAACCACTGTTTTTAGTATCTTTGTATTCAGTTTCATCATATTTCAGTACGCTACTCTTGAAACAGATCCAATTAATTTGTGGGTGAGTAAAAATTCTGAAAAATTCAAAGAAAAAGAGTACTTCGATGATAATTTTGGGCCATTTTACAGGACAGAGCAAATATTTGTTGTGAATGAGACAGGCCCTGTGTTATCATATGAGACACTTCACTGGTGGTTTGACGTTGAAAATTTTATTACGGAAGAGCTACAATCGTCAGAAAATATTGGATACCAAGATCTCTGCTTCAGACCAACAGAAGATTCTACATGCGTAATAGAGTCTTTTACTCAGTATTTTCAGGGGGCCTTACCAAACAAGGATAGCTGGAAAAGGGAACTGCAGGAATGTGGGAAATTTCCTGTAAACTGTCTACCTACTTTCCAGCAACCTCTAAAAACTAATCTTCTTTTCAGTGACGATGATATTCTCAATGCGCATGCGTTTGTTGTAACACTTCTATTGACCAACCACACTCAATCAGCTAATCGCTGGGAAGAAAGATTGGAAGAGTATTTATTGGATTTAAAGGTCCCCGAGGGCCTGAGGATCAGTTTTAATACCGAAATATCCTTGGAAAAAGAGCTTAATAATAATAATGATATCTCGACCGTTGCAATATCATACCTGATGATGTTTTTATATGCTACATGGGCCTTGAGGAGAAAGGATGGGAAAACTAGGTTGTTACTTGGAATATCTGGTTTACTCATAGTTTTGGCTTCTATTGTTTGTGCAGCCGGATTTTTAACTCTTTTTGGTTTGAAGTCGACATTGATCATAGCAGAAGTAATACCGTTTCTAATTTTAGCAATAGGAATAGATAATATTTTCTTGATTACACATGAGTATGATAGAAATTGCGAGCAAAAACCGGAGTATTCAATTGATCAAAAAATAATAAGCGCTATCGGGAGAATGTCTCCTTCCATTTTAATGTCATTGCTATGTCAAACCGGATGCTTCTTGATAGCTGCATTTGTTACAATGCCAGCTGTCCATAATTTTGCTATATATTCCACAGTTTCTGTTATATTCAACGGAGTATTACAGCTAACAGCGTATGTGTCCATTTTGTCTCTCTACGAAAAGAGATCCAATTATAAACAAATTACCGGAAATGAAGAAACTAAGGAATCATTTTTGAAAACGTTTTATTTTAAGATGTTAACGCAAAAGAGGCTCATAATCATTATCTTCTCGGCTTGGTTTTTCACATCTCTGGTTTTCTTACCAGAAATTCAATTTGGGCTAGATCAAACATTGGCTGTTCCACAGGATTCCTACCTGGTTGACTATTTTAAGGATGTTTATAGCTTCCTAAACGTAGGACCACCGGTTTACATGGTCGTGAAGAATTTAGATTTGACTAAAAGACAAAACCAACAGAAAATATGTGGTAAATTTACAACTTGCGAAAGAGACTCATTAGCTAATGTACTGGAGCAAGAAAGACACAGGTCAACAATTACGGAGCCATTGGCTAATTGGCTGGACGATTATTTCATGTTTTTAAATCCTCAAAACGACCAGTGTTGTAGATTAAAGAAGGGAACAGATGAGGTTTGTCCTCCCTCTTTTCCAAGTAGACGTTGTGAAACTTGTTTCCAGCAGGGTTCTTGGAATTACAACATGTCAGGGTTTCCTGAGGGCAAGGACTTCATGGAATACCTAAGCATATGGATTAATGCGCCTAGTGACCCCTGCCCTCTAGGTGGTCGTGCGCCATATTCGACTGCGTTAGTTTATAATGAAACGAGTGTGTCTGCGTCAGTTTTCAGAACAGCTCATCATCCTTTGAGATCCCAAAAGGACTTTATCCAGGCGTATAGTGATGGAGTTAGGATATCAAGTTCTTTCCCCGAACTAGATATGTTTGCATACTCGCCGTTTTACATTTTTTTTGTTCAATATCAAACTTTGGGACCATTGACGTTGAAGCTAATAGGGAGTGCCATTATCCTAATTTTTTTCATTTCATCTGTTTTCTTGCAGAATATACGCAGCTCATTCTTACTGGCTTTGGTCGTTACCATGATTATCGTAGATATTGGTGCTTTGATGGCCCTACTAGGTATCTCACTCAACGCTGTCAGTTTAGTCAATTTAATTATTTGTGTCGGTTTGGGTGTCGAGTTTTGTGTTCATATTGTTAGATCATTTACAGTGGTCCCCAGTGAAACCAAGAAAGACGCAAACTCAAGAGTTCTCTATTCCTTGAATACCATAGGTGAGTCCGTCATCAAAGGTATAACTCTAACCAAATTCATTGGAGTTTGTGTACTTGCATTCGCCCAATCGAAAATATTTGATGTATTTTACTTTAGAATGTGGTTTACACTAATCATTGTAGCAGCATTGCATGCTCTCCTATTTTTACCTGCTTTACTTTCATTGTTTGGTGGTGAAAGCTATAGGGACGATTCCATCGAAGCAGAAGATTAGCCATAGCAGATTATACTATATTTTACGTAGTGAAAAAATAGGTAAAAATTCGTTAATTATTCTGATGCCACACCAGAAAATCTGTGGGAAAATTTTTCGAGTCAGAAATGATAACACTAACACAGGCTTCGTTGTTATCGTGCATTGAAGTTAGATACTTCTACTATATTTAATCTTTAATAGTGTCATAAAAGTATTATTGGTTTCGGGCGAAAATCGTCATTTTCGCACACAGAACTTCAAAAGAGGAAAGGCCAAAAGAACTAAAACCGATTACTTCGGGGTGATTTTGTTCTGGCATCTTCTGGCACTCTTGGGCATCCTTAGCCATTTAGTATATTTATGAATACATTAAGGTGTTTGACACAAGCACTATCCAAAAGTGGGAGAGAAGCTCCAAAACTATATCAGAAAGTAATATTTCCAGGCCTGTTCAGAGAGGGTATACCAATTGCAAATGTCAAGAAAGTTGATGAAAAAATAATAGATAGCCCAACATCAACGTCAGTTAATGGAGAGGCAAAAAAAATAGTACGGCATGGTGTGAAGTATGAAAGGGAGCAAGTTAAGGAATACCTTTCAAGCCTGCCGACTTTAACGCTTTCTAGGAAACAAATTAGGGATGACTATGATGAGGAACGTGCAAAACGAATGTATATGTTCTCTAAACAAACGAATTCCTCGAATAAATTCCAGAAACTTCTTACAGCAAAGTCTCAAGAGTTTACTAGAGAACTATTGACGCTACTGATAGATTGCACATCGAATGAGAAGAATTCAGGGCCAGAACGCTTCACTCGTAAGTTTCTTAAGTTTAGTAATGACGAGATCCCTCCTCTCCCTGACTTTTCAAAGAACCCTCAATTGTTTGAAAATTATATTGGAATACTAAGTCATACAAAGTTCAATTTTCGTTCATCTTCCAAACTAAATGGTATTGTGCGTAAGATGCTGCGGCACCTACTTCATCCAACCAATAAGACGACTCTGCCGTTGCGTTCTGCTCAAGTTTATAATGACTCAATATACTTTTTCAGTGAGCACTTCGACTTTGCGTCTTGTAGAGAAATATTTGCACAAATGAAGGCTGAGGGGACTAAACCAAATACAATCACTTTTAATCTTTTACTGCGTAATGTAGTGAAAAACTCGCATATTAGAAAAACGAAGCACCCTGACGATGAGGTCCTTTTTTATCTTAGAAGTATGCGTAATCATGGAGTTTTTGCAGATGTAATAACTTGGACGACATGTTATAACTTTCTTCGTGATGAAGTTTCGAGACAATTGTACATTGTTCAAATGGGTGAACATTTAGGAAATTTTAACGTAAATTTTGTTTATACTGTGCTAAGGAACGGAGATTATAGAGCAGAGGACTGTTTAAAAGTTTTAGCAGCAAATTCACTACCGATTTCCCGTAAGACGTTCTATCTGTGCATAGAACGACTACTAAACGAGGAACAACTTGAAACCGCATCTAAATTACTTGACTATGGTTTTCAGCACTTGAAAAGTAATTTTAAGTTGGACTCGGAGGCAATGAATCATTTCATGCGGGTATTTGCTAATAAGGGAAGAAGTGATTTGGCATTCCTTTGCTATAATACTTGTCGTAAGATTTACAAAATTAAACCTGATTCTCAGACGTTCGAAATGTTATTTAAAGCGTTAGTTAGGAATGGCAACACCAAGAATTTTGGGGCAGTCCTACAGTATATCAAAGACTTAAAGGTTAGTGAAGGATTTGGATTGCGGACAAGTTATTGGAGAACCAAAGCAGACTCAATTTTCAAATTTGGTAGTCCTAATACGCTATCAGAAAAGTCAATTGAAAAAGCAAGAAAATTGTTGGGCAACCTGATTGCTTCCGAGGGTGAGTTCTCTTGGAAAATTTGGAAAGAAAGTGATTCTTCACAAAAAAAAATACTACGTTTTTTGGGTTGTATCCCCACTACTTTACGCTGCACCAATACAGCACAAGATCATCAGAAGCCCACAAACCTACCCTCAAACATTTCCCAGAAAAAAAGAGAATATCGAAATCGGGTTAAAGCAATAGCCACAAAGGCTGCTTTGGAAAAAAGAATGGCGTATATCAAAGACAATGATGTAGCTTTCAAAAAAGAGCTAGTAAAGAGGAGAATAGTTGGGGAGGTTTGATGAGGGAGGCATAAGTGCCCTGGCATTTGGACAGGAATTTTATTAATATAGGCATTTTTATTGTACATATATACTTCATAGATCATATTCATTTAATTAGACTTCGAAAAGTTGAATCTCTTACGGCAAAGGAGAACAAGAGAAAGGTTAATTATTAGGTCTTATAAAATTTGTTCAATTAATTATAAAGGTGATTACAATACCGGAATATTGGCCGAACAATACTTGAACCAAATTCAGATGAAATTAATAATAGGTAGACACGAGCTGGTGAAAAACAAGCACAATATAGAAAGGTTCGAATATATTAATTATTAGAAAAAACTCAGATGTTTTCAGAACCGGAGGTATGACCGTTTTGACTAACATGATGATCGGCCTCATGGGCTTCATCATCTACAGGAACTTCAGTAGTCCATTCAACTTCCTCTTCTTCGACTACTTGACCGGGGATATCTCCATTTTGGATTTCAGGTTCTTCTTCTTCTTCACCATCTTCGTCTTCATAGACGTCATCAACGGTCTGATGAAATGAAAGAGTTGGTTTGACTGCAGCCATGTCTAGGGTCCAAGATTCCAAGGCCGATTCAGCATCCATAATAATTTGGCGAGAAGCTTCATAGCCATCGTACGCTGGTCTAGCTTCACCTGGAGTGACAGGAGAGTCATCTAGCAGCTCCAATAAGGCCTTTCCGTATCCAGCAATCAGGGCAAATTTTTCAGAAAGCTCTCTTAATGAATCAAACATATAACTATAAGCAGCCTTTAATTTTTCACGTGTGATATTCGATAATTGAGCCTCCGCAACCAAAGATTCAGCTTCGGCACGAACTAGTTCTTGCTCTAAAACTGGGATTTTTGTTGATTGAGGATCTTTATATTTCAAATGGGCAATTTCATCTGTGATCTTTTCCTTACGATCTCTCGAAGGTTGAACAGAGGCTTCAATGTTCCTAATTGATTTTAATGTGACTCTGTATTGATCATATTTATCGATGAACTGGTCCTGTAGTTCACCCAACTCATATATTAAGACGCCTAATTTGTCGGTTACGTCGGAAACATCATCATCATTGTCAGCACCCCATAGAGACAGTTGCTTTGCAGCTTCACGGCGTTCGCTGGCAACAACTTCCATAGCTCTAAGGACACCTTTTTCAGTCTTAACCAATTGAGATAATTTACGAGCCAACTCTGGCCCAAAGTTACCAGCCGCATTTTTTCTAAAACTAGACGCAATAGAGGCCTTTCCGAAGAACTTGGACTTCGTTGAGGATGGTGGTGGTGGAGGAGCTTGTAGCTCAGCAGCCGTTGGAGCTCTTTGATTTCTTAAAGAGTAAGTTCTGTGCATTCTTGTGTTGGAGCTTTGAAAGTTTAATCTTTCGTATACCAAATAAAGAGAATTTACGGTCAAGCATTGGAATTGAGGAAAGAGGTTAACTGATTTTTTTCTTTTCTATCTCACCTGTTTATATATTGCGATTTAGCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:551960-566895

CAAAAAAATGAGTCGCCTCTCTTTCTTTCTTAGGCCAACTAGACAGCCGTAGATGAAAATATGGAAAGATATGATAGACAGCTGAGACTATGGGGAGCATTGGGCCAAGATAGTTTGAACCGGTCCCGTGTGTGCGTGGTAGGACCTGCTACACCTTTGCTGCAGGAAGTTTTTAAGAATCTGGTGCTTGCCGGAATATCATCTCTTACTTGGCTCAAAGTAGAGTGTGCAGTTCAATCGGGTTCTCTGTTTTTAGCAGAGCTTAAAAAAGATCTTGAGCCATTGGCTTCTAAACAGCTAGAATATGAGGAAAATGACCTTAGAAAGACGTTACAGCAACCTCAGTATGATTGGACCCGCTTCTCGGTGGTGATCTTGACTTGTATTGGTGAGCAAACTGCGATGCTCGATTTAAATGAGATTAGGCGGCAGAGAGGAACAAAGTTTCCGCCTGTTCTAAACACTTTCGTCTCTGGATTTTATGGATATATATATCTGGTACTCTCAGAAACACATTTTGTTTTGCAAGCACACCCAGATAGTAAGAAGTATGATTTACGGTTACAGAACCCTTGGCCTGAACTAATAAATTACGTAGATACATTTGACCTAAGTAAAATGGATACAGCCACGTTTTCTGGTATTCCATATACTGTTTTGCTCATGAAGTGTATTGCAAAACTTGAAAGGGATGGTAATAATGGGAGGATAACGATTGATCAGATGAAGAAAGTTTTAGACCAAATTTGCCTTCCTTTAGGGAATGATGTTATCTACGAACCCAATTATGTGGAAGCTAAACGCTATGCTTACTTGGCCTGCTCTCAAAATGATTGTTGTAAAGAACTGGAAGATCTGCTCCGAAATTTGGAAATATCAGATTATGGGAACGATTGGCATGATACTTATAACTACGAGATTCTCACACTATTATTGACTTTGAAAAATATTGCTAAAGAGAATGGGGAGCTCAGCTTTCAACCTTTAACGGGCACTCTCCCAGATATGGAGTCAACAACGGAAAATTATATCAGACTCAAGAAACTGTATGAAGTAAAAGCAAAGCTTGACAAGTCTCGTGTGGAGGAAAGTTTGGCTCGCAGTAAAAAAATAGTTTCACAGGATGTCTTGGAGACATTTTGTTCTCATTACGGGGAGGTCAGGAAAATATTGCCGCCAAAAAGTGACTTGTTAGGTATTTTTAGCACCTCGAATGCCCTTTTAGATGCATTAGTTATGGTCCAATTCTGGGAGCAACCGGCAGTAACTGCAGAGGATAAAGATGAGTTTATTGGTTTACGAGTCGACGATAACTATTCCGTAATGGCCTTTTTTGGAGGTGCAGTGGTTCAAGAGGCTATAAAGCTTATCACACACCATTACGTTCCTATTGATAACCTATTTTTATATAATGGCATTAATAATTCATCCGCAACATATAAAATATAAAATTTTTTCGTCAGCTCTCCGAGTTCATAGAATGCTTATTTTATTGTACTTCCCTGGTTTGCGTTGATGCAAATAAAGACTAAATGTAAACTTTTATGATGCATATGATATCGAATGTTTACAACAACGAGAGATCACCGGTAAGAACTGTGCTCAATAAAATACAACATCGATAAATACTTAACGCTCATCCACCATTCCTGTTCAAGTCAACTATCTCACAGTTGCCTCGTAATCCAAGAGGGATCCCAATACAACGCCTCTGCACCACCTTGATAATCAATCCACAATAAACCGTTAGCGACCATTTCATCAAGAGCAGATTTACTCCTAACAGCCTCCCATCCCAAGTTTGCCTTTAATAAAGAGATACTTGAGTAGCCCAGAATTGAGCATATTTCCAAAATCTTTGTTTGATCTGATGTCAACTCATTTGGAACACTTCGTAAAAACTTTTTGCCGCGAATTTGAAATATCTCAAAACACTCTAGGCTCTTTAGCATGTCGATAGATTTTTCCAAATCATCGAGTCCAACATTCAGCTTACGAAAATGCACCTTCTCCAACTCTTGAAAAGAAATGACGCCTCCATTCATATCTTTAGTTTGCCGACAAATTTCTATAACTTTAAGACATACTTCATAATAAAAATCATTCACTGTAAATAAGTGCTTATCTCGATCAAATAAAGATAGGGGATCAATCCCAATAGATGAGCACATATGCATGAATTTTGAGCGGAATTCAGGTGAAGCTTGAAGCTCGCTATTGTGTTTCTTGGCAAATTCTACCAGTCGTTCTTGGAATACCATTAATTGGTCCCTTAGTTCGACAGATTGCTTTTCAAGTATGGTTTTGTTTACGTCATTGTACTTTCCATCCTTCAACTCGTCAAAGGCTGCCAGTCCAAACTGTTTCATGTTAGTGAGTTTCGAAGTTGGCTGTTACGCCAAGCATTTTCAAGTCGTGGTAAAGTCTTTGGTCTACTGCATCGCCTCAAAAGGTTATAATATATCCCAGAATTGATGGATTAAGTTCTTGAAATAGCACACCGTTATAAGTGATAAATATATTGTCTTCGAATAACGAATTTATTAGATTTCTATGTATTTCTACTTGAAGTTAGGAATAGATCTTTCTGGAATTGTTTTCAGCAAAATTATGCTTAAGCTATAACTATAGTGAGAATCAAGAATATGTCTGCCAATGATTTCAAGCCTGAAACGTGGACTTCAAGCGCCAACGAAGCCTTAAGAGTTTCTATAGTTGGAGAAAACGCTGTTCAGTTTTCACCATTATTCACGTATCCAATTTACGGTGACTCCGAAAAGATCTACGGCTATAAGGATCTCATCATCCACCTAGCATTTGATTCAGTAACATTCAAGCCGTATGTTAACGTCAAGTATTCAGCAAAATTAGGAGACGACAATATTGTAGACGTGGAAAAAAAATTACTCTCATTTCTACCAAAGGATGATGTAATTGTTAGGGATGAAGCTAAATGGGTAGATTGCTTTGCAGAAGAACGAAAAACACATAATTTATCTGATGTTTTTGAAAAAGTATCAGAGTATTCGTTGAATGGGGAAGAATTTGTTGTATATAAATCGAGTTTGGTTGACGATTTTGCCAGGAGAATGCATCGTCGTGTTCAAATCTTTTCATTACTTTTTATCGAAGCCGCTAACTATATAGATGAGACTGACCCGAGTTGGCAAATCTATTGGTTGTTGAACAAGAAAACAAAAGAATTGATTGGTTTCGTCACTACTTACAAGTATTGGCACTACCTTGGAGCAAAATCTTTCGATGAGGATATAGATAAAAAATTCAGAGCCAAAATATCTCAATTTCTGATCTTTCCACCTTATCAAAATAAAGGCCACGGATCCTGTCTTTATGAGGCTATAATCCAATCTTGGCTAGAAGACAAAAGTATTACTGAAATTACTGTAGAGGATCCAAACGAAGCATTTGACGATCTTCGCGACAGGAATGATATTCAAAGACTGCGAAAACTTGGTTATGATGCTGTCTTTCAGAAGCACTCCGACCTTTCTGATGAGTTTTTGGAGTCAAGCCGAAAATCTTTAAAACTGGAAGAAAGACAGTTTAATCGTCTTGTGGAAATGCTTCTTCTTTTAAACAATTCTCCATCATTTGAATTAAAGGTAAAGAATAGGTTGTACATTAAAAATTATGATGCCCTAGATCAAACTGATCCAGAAAAGGCAAGAGAAGCTTTACAAAATTCATTTATTTTAGTCAAAGATGATTATAGGCGTATTATAGAGTCGATAAATAAATCTCAAGGTTAACTGTTTATTAAATATATAATAACATATTTATTTGTTTAACAAGCCTGAAATAAGAAATTCTTTTATAAATACATCATCGAGATGATCATCAAAGTGTCTCTATAGTTAATATAAGCTTATGCAAAGGTTGAAGCCGTTATGTTGTCGTAATTCTAAATTACAGGTTATATTAAAGAGATTATCTTGACTGATATAAAATTTCTTATCATGGTAGTGATCACAAATAGATCACATGATATATTTTTTATTTTTAATTTTTTTTAATTATAAAAATAATTTTTTTCTTTAAATTAAACAAAAATAAAAAATTGTTTTTTGTTGGTTAAGATTTCCGAAAATAGAAATATTATTCAGTTGAAAGACAAAAAAACATAAATATTTCTATGAGCAAACAATTTGAACAGAAAAATAAAATTGGGGAAGTGACACACCATGGTAGCGGTTCTAAAGCGAAATCGGCAAAGCGGCTAAATAGCAGTTTTGATGACTTACTCCACACTGAAAATGGATGACCTTAAATAGGAGATAAAGCTTTTTCATCCCTATGTATTTAAGATGACTGGCTTGTCAAGCATTCTAATCATAAAAAAAAGATCGTATTTGATCAAGAATTTATACATAGACGCCGCTAAATAATTGAATACAAAATGGTACAAAGGCTTCTACCGGGCGCACATATATGCAGAAGGTCCTTCAATTCGTCTGCAATTATAAAGTCTTCTGCATTGACTCTCAAGGAAGCATTAGAAAACGTGATACCTAAGAAAAGAGATGCTGTGAAGAAATTGAAGGCCTGTTATGGCAGCACGTTTGTCGGACCGATTACCATTTCATCAGTTCTAGGTGGGATGAGAGGTAATCAGTCAATGTTTTGGCAAGGAACATCATTAGATCCCGAACATGGCATTAAATTTCAAGGTTTAACGATTGAAGAATGTCAAAATAGATTACCTAATACAGGTATTGATGGCGATAATTTCCTGCCAGAATCAATGTTATGGCTGTTGATGACAGGTGGTGTGCCAACTTTCCAGCAAGCTGCTTCTTTCAGGAAAGAATTGGCTATTCGTGGAAGGAAATTGCCACATTATACAGAGAAAGTTTTGTCAAGTTTACCCAAAGATATGCACCCTATGACCCAACTTGCAATTGGTTTAGCATCAATGAACAAAGGATCCCTCTTTGCTACAAACTACCAAAAGGGCCTCATAGGAAAGATGGAATTTTGGAAAGATACTCTTGAAGATTCGCTAAATTTAATTGCTTCACTCCCGCTGCTGACTGGGAGAATTTATTCGAACATTACAAATGAGGGACACCCATTAGGTCAATATAGTGAGGAGGTGGATTGGTGTACAAACATATGTTCCCTGCTCGGCATGACAAATGGAACGAACTCTTCTAATACATGCAACCTTACTTCCCAGCAATCCCTGGACTTCATAAACTTGATGCGGTTATATACCGGTATACATGTAGACCATGAAGGTGGTAATGTTTCTGCTCACACCACCCACTTGGTTGGAAGTGCGTTGAGTGACCCGTATCTCAGCTATTCATCTGGAATAATGGGATTAGCGGGTCCTTTGCATGGGTTAGCAGCACAAGAAGTAGTAAGGTTTCTCATAGAGATGAACTCTAATATTTCCAGCATTGCACGAGAACAAGAAATCAAAGATTATCTTTGGAAAATTTTGAATTCAAACCGTGTGATCCCCGGTTATGGGCACGCAGTTTTGCGTAAACCGGATCCTCGATTTACAGCAATGCTTGAATTTGCGCAAAAGAGGCCTATTGAATTTGAGAACGACAAGAACGTTTTGTTGATGCAAAAATTGGCAGAAATAGCGCCTAAGGTTTTGTTGGAACACGGAAAGAGTAAGAATCCATTTCCCAATGTTGACTCTGCATCGGGGATTTTGTTTTATCATTATGGAATCAGGGAATTATTATTCTTTACCGTCATTTTTGGGTGTTCAAGGGCCATGGGACCCTTGACACAACTTGTTTGGGATCGCATTCTAGGTTTACCAATTGAAAGGCCCAAGAGTTTGAACTTGGAGGGTCTGGAAGCACTTACCAAAGCAAGCAATGTTAACAAGTTGTAACGCAGTTCCAATTTACAAGAATGCTTCGTTTGCTATTACAATATTGAAATATAAATAAAATTCCATACAGCATGTCTAATCATAGCTAATTTATACATATTCATCATGAAAACATATAGGGGAAAATATGGTCGGTTAACACACCTATCAAAAAATTATTCAGCAATTCCAATCTCGTTAGTAAAATATATTCTTATTTTTTTTTTTTTTCTCTGATTGTATTATTTCTGGAGTTTTGACTTATTTTTTTACCACATCGCGCTTTTCGTCCCCAATCTCTCTGATATATGATGCTGTCTATAGGTAGCCACTTCCCCGATGTCGGACCTCGGGCCGTTTACAAACTTTATTGAGATGACCTTATTTCTCCACATTCTAGTCATTCAACTTTTACCCTCATATGTTTACCTTCACTAATGTGAAAGCATGACCAAAGAAAGTGTATAAGGTATATAAATCTGCCATAATGTATGTATAACTTATTAGGACTTTCTCAAATAGTATTTTGGTATTTTCTACTGTTCTCTGATGATCGAGAGCAAACAGAATGTTTTTAGCCAAAAATCTAAAAAATAATAAAATCAAGGTATGCTTGCCTAAAAAGAAATTTGCTGCGCTGAGTACAGCGTCTATACAAACTAATGAAAGACCAAATCCAGATAAGGTTTTGAAGGACATCGCGAAATATGTCCATGAAACCCCATTAAAATCATCTTTGGCTCTAGATACAGCACGACTCTGTTTCCTTGATACTCTAGGCTGTGGCTTGGCGGCTTTGAAATTTAAGCAGGCTCAAAATATTATTAAACCAATTGTGCCAGGAACAATAGTTCCCAGTGGAACAAAAATATTGGGCACATCTTACGTTATGGATCCAGTGAAGGGAGCTTTTGCCATTGGTACTCTAATACGTTGGTTAGATTACAATGACTGCTGGTTAGCTGCCGAGTGGGGGCACCCATCAGATAACCTTGGGGGAATTTTAGCTGTCGCGGATCACTTGTCCAGATTAAACAAGGCTACCCACGGAAAGAATGGAAAACAGTTTCTTGTTAAAGACGTATTAGAGGCAATGATTAAAGCGCATGAAATCCAAGGTATTATAGCGCTCGAAAATTCTTTCAATAAAGTAGGTTTAGATCATGTGGTACTCGTGAAAGTAGCAACGGCTGGTGTTGTCTCGAAGATGCTGGGCCTGAGCCAGGAACAAACTATTGAAGCATTGTCACAAGCATTTGTAGACGGTCAATCACTGCGTACTTACCGTCATGCCCCAAATACTGGATCTAGAAAGTCGTGGGCGGCGGGAGATGCAGTTTCGAGGGCTGTAAACTTGGCTTATTTAGTCAAAAATGCTAATGTTGGCACGATACCTTCAGTATTAACAGCTAGAACCTGGGGATTTTATGACGTTTTATTTAAGGGTAAACCTTTTTCATTCCAACAAAGATCAAAATATGATTCCTACGTCATGGAAAACGTTCTGTTCAAGATATCATTTCCTGCCGAATTCCATGCGCAAACTGCTGTAGAAGCTGCTGTAAAAGCATATAGGATTCTTGCCAAACAAGGGAAAACTTTTAAAGATATTAAATCGATCAGAATTAGAACTCAAGAGGCGGCAATGAGGATTATAGATAAATCCGGTCCTCTGTATAATTATGCCGATAGGGATCATTGTATCCAGTACATGATCGCGGTTCCGCTGATTACTGGTAATCTCACAGCTACTGATTATTCGGATGAGGTCGCAAGAAATCCTGAGATCGATAACTTGAGATCGAAAATGTACTGTATCGAAGATACTCATCTCACTCAAAACTATCACGATCCTGATAAAAGGTCGATAGGAAACGCTCTTCTCATAGAGCTGAACGATGGGACGCAGTTGGATGAAATTTTTGTAGAGTACCCTGTTGGTCACAAATTTAGACGAGAGGAAGGAATACCATTACTAATGAATAAATTTCAAAGGCATCTGCGCGAACATTTTGTAGAGAGCCCTGATAAAGTCGACCTTATAATGAAGGTAAGTTCAAAAACAAACTTTTTGAATATGCAAATCGACAAATACATGGATTTGTTTACTGAGGGATGAATGGTTGGCTCTTTAAGAGCGAACGGCATGGTACCTACTTCAATTTTTAAAGACAAAAGGCGCCGTTTCGATAAACAAGAAATCACTTTCAAAACATAATTAAACCAAAGAACATGCGGTTTTCTAATTATGCTGGCTTAATTTTACTGGTATTTATCTACATAATAATAACTATTAAAAAATTAAATAATTGGCTCTATTTATTTTTCTTTCTTCAACTTGCAAGAGTTCGTCAATTCATGGAAAAATACAAAAATAGAAATGCGAATTCTGTGGATCGAACACAGGACCTCCAGATAACTTGACCGAAGTTTTTTCTTCAGTCTGGCGCTCTCCCAACTGAGCTAAATCCGCTCAATTTCTATGCTCTAACCACCTTAGCTAAAAACTCAATACAGGATTAGTTGATAAATGGGTGTTATCAACTCAATCCACAGTGTTGGAATCAGAGTCAGTTATCATCTTTGGGCTAGTATTATTGTAAGTGTTGGAATAAAAATTCTAAAATATCATCCATTTAGTAGTGTTCATATTACTAATATATCTGTTGGAATAAAAATCCACTATCGTCTATCAACTAATAGTTATATTATCAATATATTATCATATACGGTGTTAAGATGATGACATAAGTTATGAGAAGCTGTCATCGAGGTTAGAGGAAGCTGAAGTGCAAGGATTGATAATGTAATAGGATAATGAAACATATAAAACGGAATGAGGAATATTCGTAATATTAGTATGTAGAAATATAGATTCCATTTTGAGGATTCCTATATCCTCGAGGAGAACTTCTAGTATATTCTGTATACCTAATATTATAGCCTTCATCAACAATGGAATCCCAACAATTATCTCAACATTCACCCATTTCTCAATATCATCACGTGCGGTCTAAGAAGATGATATGAAGATTGAGAATAGTCATCAGGTGTAATGGAAGCTAATTGCAAGGATTGGTAATTTAGTAGGATGATGAATGACAGTCACATAAGATGAAAAGGAAAACAATAATGCCATTATATCGAGAATATCGATCTCTTCGTGGATTCTTCTCATAGAGAAATTCTAGTATAATATATATACGAAATATTATGGCCTTTAACAACAATAAAATTCCAACAATTATCAACTAATTCGAACATCTCTTGACAATATACATTATTAATTTTTACATTTCGACTTTCTTTGAATTAGGGACTGTCTCTCAATTCATCTCTTTCTCATACAGAATATCACTTATCCTATATAACTTATATAAGATTAGAATCTAACTAGAGCGAGGAGAGCGGAAACTCGGATCAAAAGTGATTGTTTAAGTGTTTGTGCGTTTGTGCGGCTCATTAAGACAATAAGGTTTTGCTTTTGTATTCAATTTTGTGGGTTTTATAACGTATAAATGCGCTTCTTGAAAGCTTGTTAACGATTTTATCGTAAAGAAATAAATAAACTAAAGAATTGAGGAGACAATACTGTTTTGATAAATAAGCCCCAAAAATATTATAGGGCCGCAAGGAATAAATTTCATAATGCGCATATGCCCAGACTCCTCTGTTTCTTTCGAAGTTTTACACTAGACTTGAATTAAATAAAGTATTGGACATAAAACTCTCCGAATCATTGTTCGGGACGTTGTTCCCTTTAATTTTCATTTTCTCAATTTCATAAAGAGCCGCATCAATGCTATCGAAGTACGGAGAATATGTCTCTCCTGCATCACTAAATGTGTTGCTAGTATTATTTTCGTTGTTATTTGCTTGCGCTCTTTCCACACTAGCAGCTACACCTGCTTTGAATAATCGCCTTCTTACTTTGTCATTTATAGATACATTGACAAGGTAAATAAAGACATTGCGCCTCTTGTAACTAGTGATAATTTCCTCCAGCACTTGGGCGGCTGAAGAATCTATTGAGGTCATCCCACCTAAATCGAAAATGACATATTTTATGGAATCCTTCGAGCGAAGTGATTTCCTTCCAGGATGTATCTTAGACGAACCGTACCTCTCTATTCTGTCAAGTCTCTGTTTTAAATCTTCGCTGTTTGTAAATGTGAGAGGCTCAGGTATTCTAACAATCATGCATCCCTCGATTTCTTCTGTGCCCTCAACATCCAGAGAGTTCCTTTTCATGTTCATCATGTAGTCGTCAAGATTCGTAAAGTTCGACGTTCCCGCTACCCTAGCCAGAATTTGGATTCTTGACTTTGCTGAATGCTTTATAATATTTATAATTGAATAGACACATCCGATGCATATTCCTGCTTCGATTGAGTAAAATATTGTAGTGCAGAAGGTAACAGCAAAAACAAATAGTTCACTAAAGCCACCACATCGCAAATGGAACTTTATGTCGCCTGGCACTTCCTCTAATAAACTAATTCCGATGATGGTTGTTATGACGGATAAAACACAATTAGGAATATAATGTACGAATTGAAGAAGTAAATTCATTGTGATTAGGGTGATGACACCCATAAACACTCCCGACATTACGCTTTGTGCTCCTGATAGGGCGTTGATCTTGGATCTTCCATATCCGCCGAATGCGGGAAGAGCACCGAATAATGAGATGACAATATTCATGAATCCTAAAGCTACTAGTTCTCTATTAGAGGAAACGGTAAGATTGTAAGTTGTTCCAAGAGATTTCGACGCGGTCGTAGATTCAAAAAAACCCAACATTGCCACTATTAGAGATGCACTAAAAAGATCTGGTATTAGCTTACGTCTAGGACGAGTTAAAGGGTTTTTCAATTCATCAAAATTGTCCATGCTAAAGTCGCCAATGATAGAAATACCATATCTGTGTTTTAAATTAAATTTCATGGAAATAAGAATAGTAACAATTACCACCAATAATATATCTGGAAAAAATATTGCGCTCTTGTGATATTTCATTAATTTCCTCTTTAGTAGACGCGTTAAAAAGAGGACAATCAAGCAACATCCGCTGAATATTGCCGTTGGTATATGGTATTGTGCTGGTGCATAATCAATGAGGAAAAGTATTTTCTCGAAAGGGGTATGGTAGTGTTGAGGCAAGCTTACTAAAAATTTGTCTAGCTTTAATTCAGAAATCAAAGAGTTGATTATCATAACCAGTCCTACTGAACTTATGAAACCTCGTAGAAGTGCCTTGCTAAGAACATTTCCAAGGAAACCAAATCTGGAAATACCAGAAAAAAGTAGGATAGTGCCACTAACAAATGTTATTACTGTTGAAATATCAATTAGAGAAACATTTTCTTTATGTAGTGTTATAGATTCGACTGCTTGTCCCACGACCAAGGAAATTGCACTTTCGGGCCCAACTATCATCTGAGGAACAGAACCTAAAATACCATAGACAAATGGGCTAATAGCCAAAGAATATAGTCCGCATAAAGGTGGGACATGTGCAATTGAAGTTGTGTACGATAGCGCAAGTGGTATCTGAAATGACGCTACTGAGATACCTGCGATTACGTCGCCCCACAGTTTATTGAAAGTGTACTCAGGAAGCCATGAAAAGCAGGGCAGGTAATAAGGTAAAGTTTCAAACACTGTATTCTCATCAACGCTATCATTATTGTTCGTATTACTTGTATTACTTGTATTATTTGTATTATTTGTATTATTGGTGCATCCTGATCTTGAGTTGTTGGGTGGGGGTACCCCAGTAGTTGAATTAGATGCTGCAATATAGGTCCTGCCTCGATTGGATGAATCCTTATCATAATCAAAATTGTCCGAGAAAGTGTCACGCTGGTCGACTGATCTTTTGAATCTTGGTGGAGCGGTAGAGGAATATGACATCCTTCCACGCCCCAATAACGAATTATTTGATGTCATCCTATAATTGTTTCCGTAAGTTCTTGGAAATCACTAGGAAGTTTGTGGAGTTATTGTTCTCCTCATATTCTCCCATCTGGAAGAACTCTATTATTCCTTTGCCATTTCTCGTAGTCTTTTATATTTAGTCCGCTTTACACCGAAAAGGTCATTTTTAAAAAGGCAAGAGAACTAGGAAAAGTAAAACGTGCCCCCTTCAAAGCGAAGAGATGAATATATTTAGAAGTTAAGAATTTATTTATTTATATTTACCAAGTTTTTCAGTTAGTTCAGGGACTATTTTGTAAAGATCCCCTTGCAACCCATAGTCAGCGACATTAAATATAGGGGCATCAGGATCATTGTTAATGGCAACGATAACTTTCGAATCCTTCATTCCCGCTAAATGCTGAACTGCACCAGAAACGCCAATGGCTATATACAAATTTGGTGCGACTACCTTACCAGTCTGACCGATTTGTAGAGAATTATCACATAGTCCATTATCAACAGAAGCTCTTGTGGCACCTATAGCAGCGTGCAAAACATCTGCTAGCGGCGATAATAGCTTCTCAAATGTCTCCTTATCCTTGAGTGCCCTTCCACCAGTTACCACGTTCTGTGCAGAAGTAAGTTCAGGCCTTTCACTCTTGGTAAGAATAGTTTTAACCCAGGTAACATTTAAGTCACAAGGAGGAATATCAGTTCTCTTCTCAATGGTAACAGAATCCATACTACCCTCTGCAATTGGTGGAAAAGCTGATGCCCTAATAATCAACAGTTTTTTTTCTGCCTGGCATTCTATTGTAGAAATAATGTTACCTGCATAAATTGGCCTTATAAAGGTCTTAGGATCTTTGATTACAGTAACCTCACAAACAGGTTGGACGTCCAAGAGCGCACCCACCCGAGGTAAAACACTTTTTCCAACAGAGGAGTTTGAGACAACAAAATGTGAATAGTCGCCGCCTTTTAATAGTTTCACTAATAACGGAGTTAGTTGTTCGGGAAGACAGGTATCTAATTTTGAATCTTCAAATATGACAAGCTTTTCTAAATTGCTGCATGAATATGAAGATTTTAGCGCCTCAGCAGTTTTTTCAGCTTTGCTACCTGTGATTACAGCTGTGATAGGGTTAGACAACTTTTGTGCAGCAGCCAATAAACTCAATGATGACCTTGAAACAGAGCCATCTTTTGAGCTTTCAATGAAAGCTAAAGTGGAGGCGTAATTTTTCTGGAGGAACTTTGCCTTGCTAGCTCTAGGCAAGACAGCAGCCAATGATTTAAACATAGAAATTAACAATTAGCTGCTTTACCGTTAATGGTAGTAAATTATATCACTAGATTTTGTTTGTTGATTATTTTAATTGTTTTTAATTTTTAGTTAGTAGATTTTCGTTCGAGGCCCTAAAAATGTACCGAAAAGTCATAATAAACGGGCGGAGTCACATCGTAAGAGTAACATATACAATATGCGAGCAGACTTTGTCCATTAAGCCAAGTAACAACAAAAGAACCAAAAAAAGGAAAGTATCTCGTCTCTGTTGAGTAATTCTTATATCTTGCAAGATTTAATTCTCACTACTAATACGGAACTCAATCAAAGTGGCTTAATCCCAAGACATGCATTGAATACGGTATCATTGGCTGTTGACAGTTTAAGAAAAGTAGTTGTCACGTTCCTGAGGTTACTGGGGACAAGGGAAAGTAGATACTCGTCTTACGAAATTGGATATAGTTACTCTCTAATGCTCAATCCATGTAAAGCATGAATCATCTCAACAGAAAAATCTGGGAGAGCATATTTGCAACAAAAGAATCCAAATATCAGTATATAATTATATAAGTGAGCTAAGAAGTGAACAAAAGAAAAGGAAGAGGGGAAAAATTTTGGCTGGACTTGTAGAACGATAGAACGAAAGAGTCCAAGGGGGAAGTAATAAAGTTATTGAACGAAACAACAAAAATTCGATGGAGATATTAACAAATGCATAGCAGCGCAGCTAACCGACCCGAAGCTAGTACCAACGAATTTTTCAACTATTCTGTGTTGATTGTCTCCTTTGCAACACCGAGCTCTTCAGTATTCTCAGCTGAAAGTTATTATTGAAATCACGTTGGGGACTTTCATGATCTAGTGGTCTTGGTGAGTAGCATTTAATATTTTGACCATTGAAAGGGCATCTCTCAATTGGAGAAAGGCCACTCTTAGGGATAGGCGTTTTAACAATCTGTTTATGGGATGAATGATATATTTTTGAGGATGGATTCACGATACTGATATGTTTCCCGTCCGCATTATTCGGATATGTAGTGCCTTCTTTCGATAAAATAGATGCCAATCCTGGCGTATGCTTTGTTTCGATGACGGAGCTTACCAATTTTTCACTTCGTATTTTCGATGAGTTCTTATTTTTACATTTGACGTTCAATATTCCGACATACGTCTCTCTTTCTGAAATGTTGGAACTCTGTGGCCTTGGATTTGGTGTTTTTTCACCCGAAAAATTGTTGATAACTGCACTTTTCTTTGAGGTACTACTATTTATATCTTCCTGCTCTTTTGTTCCCCGCTTAAGATGTTTTGGATGGCAAGTTTCAATAAACTGCGGTTTTATTCCTGCTTCTGAAGAGGTGCCCGAGATGTGAACCTCATTTCCACCACTACCAGTATAAGTAAAGTAGTCCGTACCTTCTTTTCCAAAGTCATTTGAGGAATATACCAAAAAAACACCTTCCTTTACTTGAAAGCGATCCACGAATGGGAAAGTATCCCCTTCCGAAGTCACATCTGAGGGAACAAATTTTAAAACATATGAGATGTTGTTTTCATCCACGGCATCATAAAATTTACAGCAATTATTCTCATACATCAAGTTTTTGAGAGTGTAGTCATGCAATCCTAAATCTTTGAAATGCATCTGATCTATTTGTTTCTGTATTTCTCTTTTCTTGAGTTATATAAACGGAATGATTAGTAGTTTGGCAGAATTTATAGCAAGTATTAAATAGTTGAATACCTCAATATTCTCCATAATAAACGCCATATCGTACATAAAGGCTAAAACAAGAATGCCTGATACCGTTCTGCTTTTTGTTTTATCTTTCCCTATATTTTCTTTCCCTTTTGATGCTTTACGTAATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:567104-569197

CTGTTTCTGCGAGGATATCTTGGCAAAACAAACACTAACTTTCGAACTAAATATAGTGATCGTGGTCATAAATTAATAAAAAGAGGATAAATAGAGATAAAAGAGATATGTGACTAAGTTGCTGGCAATATGTATTATTTATACTTTTATCTTCTTGAAGCGTATTCAAAATTGCGTTTCGGTAAAGCTCTCACCAGATGTACTTAAAGTTTGGGATGAAGCACCGTTTTGGACAACTTTCATTAAGGAATCAACATATTCTGCACCAGACCATAGCTGGTGTGTCATGATATCACAATTAGTCTCCTTTTCCCGTTTTTGCACTTTTTCGACGTATGCTTTCATTCCGTCACTTTGGAAGCTATTGGCTAATTCCCAGAATGATACTCCATCTGAATGCAGACCGGCAAGGGAAACCAGTTGCAACGTGAAGCCTTCTTTTGCCAAGTCCCATACGAAGGATTTTAATGCCTTATCATCAAAGCCGTGAGCGCTCCAATTGAAACTAGGAGATAAGTTATATACTAGCTTGGTAGCTGGAAGTTGTTTATGAATTTTTCTTGAAAATGAGCGTGCCTGCTCCAGGTCAGGAGTTTTCGTTTCCAGCCAAATCATATCAGAATATGGGGCAAACACCAAAGATCTTCTAATAGCTGCTTCAATACAACCGTTAAACATGTAATATCCCTCTTTGGTCCTCGGAGCATCCCAGTCAAATATAATTTTCTTTAGTGGTGTCACTTCTTGAGCTAAAAGTTTCATTTCTCTTAAGCTTAGGTATGCTCTACCCAGCTTGTTTACCATAAGGTCTTCCTTCTTTTCTTTATAGCTTTCAAACTCGCTTGCCGTAAACTGCTTTTCTAAGGCCTCTTCAAATGTAAACAGCTCATTTTCATGGTACCATTCTTTTTCCATGTCAGCAATGGCGGAGTTGGGAATTTTTTTGTCCTCCATCTCAATCAATTTTTCGCTCCAAGGCACCACGTTATCTCTTATTATACCCCTAATGAATTCGTGGTCTCTCGGATCACTGCTTGAACTCAACAGCTTACCATTACAGGAATCTGTTCTTGCAATAACCAAATTTTCTGTCCCCATGATATCCCATTGAAACCTGGTGGAAATCAATCTCATAAGATGTGTTGCTGTGGGCACCAAAACAGCCCCACTTAGATGGCCACACCTTTTGCCTCCCACCATCTGATCTTCAAGATGAATACCAGCAGCCCCTTTCTCCGCAAACAACTTAGCAACTTTCATTACAGTCGTTGGGCCACCGTGACCCATGTCTGCGTCCGCGATAATTGGTTTTAAATAATCAACAGGAGTAGAACCTTTGATGGAGGCCTCCAAGAAAGCCTTTCGATCGTGCAATTGCTGCGCCTTGAATATTCTCTCCACTTGATTCGGCACAGTATCGTATGGATAATCGCCAAAATCCGGCGATACTTCATTTGTAGATCCAACTAATGTGGAAGAACAAGCCCAACCAGATATGTAAGCAACTTTGATATTTCTGCAACGGGCCAACTGACTCATTTGTACAGGATCGATAACTCCCAACGTGTGAAGTGGAGTACCATTCTTGAAATTCTCTTCTAGTAAGTTGAACAGCTTTCGAGCTTGATAAGATGAAGGATAAATTGAAGTATTAGCAGGAAGGCTGCCCCGATGCTTTACAACATCCGTAGCTGAGTATGGACGACTGATATTCTTAAATCTGGCTGATTCCCACCATTCTTCTACTTTACTTGATTCCGAGAACACGAAGTCTTTAGTACTGCTTGCCCCGTTGAAAGATCTTCGCAGTGACTTGTCTGATGACAAAACCAGCTTCTTCAGTGTTCCCGTAGTTTTTCTATTGAAAGTTTTGTTGTTAATCATTGTAATCATCGGCGAAATACTAGAAAAGTCGAAATCGATATTATTATCGGCGCTGTAGCTTCTTTAGGCCACTAGTACTTTTATAAGCTCTTCAACCGCAACAAAAGTTAAGAAATAAGAGAGTTATTCTTAAGCCCATTTTTTACATTATATAGTGTACGTATGATATCGCTAGCATGATGTTAGTGTTTCGGCGCTTCTAATTGAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:569329-572405

TAAAAATTCAGGCATATACAATTATTTCGTCCTCTCTTCTCAGTTTAAGATCTTTAGTTACCGCATCTGCAACAGGATATTCGTTCAACTTGACCATCCCTTTCGTAGCCAAATTCAGTAAGGATAGGAAGGCACTGGCGGCTATCTGTCTGCTGACACCTCTTTCTACATCATCAAAGTTAGCTCCCGTTTGAGCTTCGCCCATGCGGCTTGGGATGATGTCAACCAACAGCATCTTTCTCTTGAAAGGCGGATTGGAGCGCGTTGTTCTTCCGACAACAATTGATCTTTCTTTGATGTAATCGTAGAATTTTTTAGTTTGATAATCCAGAATGACGTCTTGAAAATTTGTTTTGTCCTGCTGCAAATTTTGCTGAGAGCCATCAGAAAAACAACTGTTGCTGGAATCGTCTTCCTCGGCAAAATTCTGTTCAGATGGCCCGACTCTCCTTCTGAGAGCACCAACTATATCTTCATTGAAACCACTAGACCTGGTTGAGTTTCTGGTATGACTTCTTCCAAAACTTGAAGGAGGTAGATTCAAATTAAAATCTAGGATGTTACCTTGAGAGTTTTCTTCAATATAGTGCCCATCTTCCAAATCCTCATTAATTTGTTCAAGGTTTAAAAGTAAATTATCATTTTCCATATCGGAAGAATAATTATCGTTCTTATTATTGCGAAAACTTTTCCTACCATATTCGTGACTTCTGGTACTACTTGAGCTTTGGGTTGATACTAAAGAATGTGCTCTTTTTCTCCCTCTTTCAACTGAACTAAAACCTTGGGGATATAAGTCCCATTCGCTAGTCTTTATATTGGAAAAGTCGTTAAATATACTTAACCAATTTGTTGAAAAAAATTCTTCCTCACCACATGACCTTACCAAACTACTTATGTTAGAGGTGAGAAAATTTTGGCCGGTTAGTTTTCTAATCCTGTTTTTTTCCATTAAGTGACTGTAATTTCCATGGTTGAATTTGAGAACTTCATTTGGATAACTCGTTTTGGCATCAAATTGTACCTTAGAAAATTGCCCACCTACATCGGCGCGATGTCCTCTTTGCATTCTGGTGTTAAGTTTCTGTTGAAGATCGTTTTCTTCTTCAGAAGCCTGCGCTTCTAACCCCAATTCGTAGTCTTTGAGATTGGCTACCGGCCCTTCATTTTCAACTGATGTATCTTCTCCTCCATTACTGTTATTTTCATTATCGTTCTCAAAATTCAACACCAATTCATCTCCTTGATAATTAAACTTGAAATCGTTTCCATCCTTCTGTGAACTTGAGTGAGAGCCTAAAGGTGTCCCCTGATGGCTCACTATATCATCTAAGTCCAGGTTAAAGTCCACATCAACGGGAATTTCATCCAGCGGAAAAGAATTTCTAACGTTAGATCCTAGATTACTTTGCGCGTCTGAGTTAGTCATGTCCCCATGAAGCTCGAACCTGTTAGAATTACTTAACTCATTGATGTAGTCTTGTCTCCTTATTGATTTAGCTTCCTCAATAAAAGATACATTATCTTGGAGAGTAGTGTTAAGAAACTCCAGTGCGGGAACTTTAGTAATATCATATAAGGGATCGTCATCGAAAAAAACGCATTCTTCCCAGGTGTAATTATTGTTTTTGTTTCCTATAATACTGTTATTACTATTCAATCCATTAATCCTCGTAGACTTATTTTTGGCCTTAAAAGCGTATACATCATTTTTTTGTAACTGCACAAGCAGGTGATTTAGGTCATTCAACACATACTCGGTTTTTTTATTATAGCAAATTGTCACTCCATATAAAAGATTAGAAATGTATCTAAGAGAAAAATCATTTTCGAAATTTTGAATTTCATCACATGTTTTTGGTATGGAAATATTTACGATGTCTTTTTTCTTAACGGTGGATGAAGATATGTTTCCAGTGGAGTTGCTTTTGTTTGAATAATAATTGTTACTTTCCTTTACAATGGAATTTCCCAACGCAGAAAGCAACCACACTGTTGTGAGGCCCTTATATTTCTTGTCATCTTTAAAGTTCAACGAAAGAGGTGCCATTGCAGAATATTTGTAATATTAATCTATATATAGCAAATGCTTTAGAGTTGCTGAGGCTAAAAAGAAATTATAGAACAACTATAAAATATTAAGTCCGGATACACTGCTTCCTTTATACCATGCCCTTCCCTTTATAGTGTAAAAACGCGTAATCTTAATCAATCTGATATATTGGTTTGCCGCCGAAGTCAAGTTCTCCTGCTAAAACGAGACAAAAAGAACACGTGAAAGAAGAAAGAAAAACGTTACGATAAAATAAGTTTTATACCTACTTTCATATCTACCAAAGGAACACAATGAATTGCCGTATGTTATTCTTGAAGTAAGAGTCAAGTATTATTTATGGACTAGTATTCACGTTACTAGTACATTATCACATGCGGTGTAAGAAGATGATATAAAAATTGAGGGACAGTAATCAAATTCAACGGAAGTCAAAAAGGAAGGATTGGTAATGTATAATATCGAAAAATGTGCGAAATAGTTGATAATTGTTGGAGTTTTATAGTTGTTAAAGGCTATAATATTACGTATTTAGAATATACTAGAATTTCTCTATGAGAAGAACCCACGAAGAGATCGATATTCTCGATATAATGGCATTATTGTTATCCTTTTCATCTTATGTGACTGTCATTCATCATCCTACTAAATTATCAATCCTTGCAATTAGCTTCTATTACACCTGATGACTGTTTTTCAATCTTTATGTGATCTTTTTACACCCAATGTGATAAAGTACTAGTAACATGAATACTACTAAACAGATGATACTTTAGAGTTTTCATTCCAACACTCAATTGTAAAAATAAGACAATATTATGATTTTTTGGCTGTATAACCACATCTATTTAGTAGCAGGGTGACATGTTACTCCCACACAATACTTCGCGCAAGTGGTTTAGTGGTAAAATCCAACGTTGCCATCGTTGGGCCCCCGGTTCGATTCCGGGCTTGCGCAATTTTTCCCCCTCGCCCTGAAGGGCGTAACGTTAACGCTTCCGGTAATTTGCGAATAATTTTTCTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:572575-576047

AAAAGGGAGAAAAAAATTCAGTAAAGAAAAAAAATAAGAAAAAGAGAAAAGAAACAAGAGAGGGCTACAGATTTCTAAATATCCTTTTGCTGCACATTTTTTATTTACCTGCTAATTGGTCTTAGTAATACAGAGTCGTGCATTTCCACTTTATAAGAAAAAAAAAAGGGATAACAGCACCAGCACTTGATTGAAAACTAGAAAGTTCACGTTTTATAAGTCCTTTCCGTTCTCTTTATCAGTTATAATAAAAGAGCCAAGACAAAACGTGGCAGGGAAGCTTTTCCAAGGAAAAGAGGGTTGTAATATTAAACAAAAACCGTAATCAAGCAAAATAAGACCCCGTGGTTTTTTATCATAGGAAAAGAGTTCTCTGTTGTCACTCTACCATATTTGACAAGAAAAAGGAAACAAAAGTATAGAAAAAAAAAACCTAAAAAATAATGGTCTTGATAAATGGCATAAAGTATGCCTGTGAGAGGTGCATAAGAGGCCATAGAGTAACAACATGCAATCATACAGATCAACCGCTTATGATGATCAAACCCAAAGGTAGACCTTCCACTACATGCGACTATTGTAAACAACTTCGAAAAAACAAGAATGCAAATCCTGAAGGTGTTTGCACGTGTGGCCGGCTAGAGAAGAAAAAACTGGCACAGAAAGCCAAAGAAGAAGCAAGAGCTAAAGCCAAAGAAAAACAAAGAAAACAGTGTACCTGCGGGACTGATGAGGTTTGCAAATATCATGCTCAAAAGAGACATCTAAGAAAGTCCCCTTCAAGTTCTCAAAAGAAAGGAAGATCCATTTCTCGTTCTCAACCAATGTTTGAAAGGGTATTGTCTTCTACTTCACTTGACAGCAATATGTTATCCGGCCACGGAGCACTATCAGATACCTCTAGCATACTGACGAGCACATTTTTAGACAGTGAGCCGGGTGTTGGTAAAATTTCAAAAGATTACCATCATGTCCCTTCATTGGCCTCCATTTCATCCTTACAATCCTCGCAATCGTTAGATCAAAATTTCAGTATACCACAAAGCCCGCCGTTATCTTCAATGTCATTTAATTTTCTCACGGGAAATATCAATGAAACCAACCAAAATCACAGTAATCATCAGCATTCAAAATCAGGCAATAACTGGCAAGATAGTTCGGTAAGCTTGCCAGCGAAAGCTGATTCACGTCTTAACATGATGGATAAAAACAACTCTGTGGGTCTTGACCTATTAGGCCATTCAAAACGAATATCGCCGATATCAAACTCTCGTGTGGGCGAAGTTAGCGTTCCGCTAGAAGAATATATTCCTTCTGACATTGATGGGGTTGGAAGAGTTACTGATAAAAGCTCTTTGGTCTACGATTGGCCATTTGATGAAAGTATTGAGAGAAATTTCAGTACAACCGCAACCGCTGCAACTGGTGAAAGTAAGTTCGACATTAACGACAACTGTAATAGAATTAATAGCAAAAGTTATAGTAAGACTAATAGTATGAATGGAAACGGTATGAACAATAGCAATAATAATAATATCAACAGTAATGGCAACGACAAGAACAATAACAACTCTTCTAGACAAGAACATCAAGGAAATGGACTATTTGACATGTTTACAGATTCATCGTCGATTTCAACGCTTTCCCGTGCAAACTTATTATTGCAAGAAAAAATTGGTTCGCAAGAAAACTCTGTCAAACAAGAAAACTATTCGAAAAATCCTCAACTTCGTCATCAATTAACTTCCAGAAGTAGATCATTTATTCATCATCCGGCAAACGAGTATTTGAAGAATACTTTTGGAAATTCACATAGTAATGACATCGGAAAGGGAGTTGAAGTGCTATCTTTGACACCGAGTTTTATGGATATTCCCGAAAAAGAAAGAGAAACGGAAAGATCGCCATCATCCAATTACATTACTGACAGACCTTTCACTCGAAAACCTAGATCTTCTAGCATTGACGTAAACCATAGGTATCCACCTATGGCACCAACAACCGTAGCGACATCTCCCGGTGCATTGAACAATGCCGTAGCAAGCAATCTCGACGATCAACTGAGTTTAACATCACTAAACTCTCAGCCATCATCGATAGCAAATATGATGATGGACCCTTCAAACCTAGCTGAGCAAAGTTCTATTCATTCAGTTCCTCAGTCAATAAACTCTCCGAGAATGCCTAAAACTGGAAGTCGCCAAGACAAGAACATTCACACTAAGAAGGAAGAAAGAAATCCGCTAAATAACATACACGATCTGTCACAATTGGAAAATGTACCAGACGAGATGAACCAAATGTTCTCCCCACCATTAAAAAGTATGAATAGACCGGATGCCATAAGGGAAAATTCATCTAGTAGTAATTTCATAATCCAAGGAAATAGCATGATCTCTACGCCTTCCGGAAGGAATGACCTTCCAGATACCTCTCCAATGAGTAGTATTCAAACAGCGTCACCACCAAGTCAATTACTGACCGATCAAGGATTTGCGGATTTGGATAATTTCATGTCTTCGTTATGATAAATTTGCTTTTCGTCTCTTGCTTCTCTGTAACTGTAGTTTTCCTCCTCCCACATATATATATATATATACACTTTTATACACCTAATAATATCATCGGCATTATGATTGCTTATACATTTTCATAATCAATATTACTGTTCACCATTTGAATCACTGCAGAAATATGCACTGCGCCTTCTTTTTCTTTGCCTGAAGCACCCACACACAAGAACAGGAATGTGAATGGCCTCCCCATCTCACTTTTACTTAATAGTATTCTGACAATATAAGGTATCAGAGAGTAAGACCATTATTAGGCAAACAATAATCTTCAGAATTTTTAGTAGCGCATTCTCAACCTTTCTAGGTGCGTTTTTCTAATGAAATAGTATCGTTTTCCTTCCGCATTCCTTGCGTAGTTTGTTGTGTAAATATAGCAATAAGAAACCCTATAAATCATTATGATGTAACTCCCGATTCTTTTAAATAATTACATAAACTAGGAAGGCAAGTCCGAACACGCAGAGATGAGGTATTTGCACTCAATGACAAATCTAGGTTTAAACTACGGGGCTCCATACCTTATCTCTTCACTTATCAAAAGTAGGCAAAAGAAAAGAAAATAAATATAATTTCTTTTTCTGCAGGCAAGATTTTAAAAGAACTTGCGCGTCCTCTGTGCAATCTACCTGGGGAGTCTCGGGCTTTAACCGCTCCCCATTCTAAACTGCTTCCATTGACGTGTACTATACTGCTCACTTCTTGCTCTTCGAGCAACAAAATCTGTATTACGTTTCTTACACTAGTCGAGTGAAAGAGATAAGATACCCACTTTTACTTGCCGGGAGAATGGAAAAGAGAAAACGGAAGAAAGGGCTTAAATACATTTTCCTTTAATATGAACATCCTACTGTAAGATAAAAATTGGATGCTGATAATGGAAAGGAGACATGTACGGTATGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:576285-582922

TTCATGTTTATCAACCACCAAAGGTTAAATGGAGGTTTGACAAAAGAAATTTTCTTGCTAAAGGTTAGCATTTTTTTTGGAATTTTTTTTCCTTCGACTGGCTGTAGTTGTCCTTCTATATTACGTACAACAAAAACTTTCTTGAATGAAGAATTAGTTCTATCATATAGACCATAAGAAAGAAAACGCACTTGGATAATTTTTAACAAAGAAGAGGGCAAACTGACGCTCACCAAGCTATTGGTTTGTTTGGATCAATCGTCAGATATGAAGCCGAACAATCGAACTTGTGATGTAATTACCAACAAAGATGAATCTCTTCCTGCACTTTTGCTGCCTGCACTGAACAGTTACACCTGTGACGATTCATTGCTAAAAGGACAAATTTCAAGCAATGGCAGATATCAACCATTCGGGTTTTCTGATTGCTCTTTACTGCCAAAGCGTTTAAACATTCAGGCAGGGCAAGGATCTATGCCAGTTTCTTCGATTCAATGTGCAGACCACAGTTATAGTAATTGGCAAAAAGAATCCGAAAAGACTAAGCTTCCCAAGCTTGGTTGCCCAACAGAGTACACTGAATACTATAAAACTGTTTCTTCCGGCGAAACAACCGATTCAGCGGTTGTTTCATCTATAGCAACGAACAGACTCAAAAGAAAACGTCAGAGGGACGGCCCAAGTTGTGACTCTTGTAGGATAAAGAAAATAAAATGCAATGCAACAATCATTATCTTTTTACAGGATAGGAACCTAATTTCATCAATTTCTTCAAATTTGCATTATACACTTTCCCAAGACGACATAAACCAGTTTCGAATGAAGTTTTTCAGGAAACTGCCTGACGTGATGGGCACATATGAAGTCATAAAACACCTTGATAAAATAGTCCTTTTCAAAGCCTGCACCTCTTGCAGTAGAAGAAACCAAAAAAATGGAAAGTGTCTTTTTTCGAGAGGATTTACAAAATCTGATATGAACGTATTTCCCAAGATAAATAGTAAACTTAAAGACAAAAGTATCTTCGAGATGACTGTCGATGATTATGTTGCCGCTGGCTTCCAAACCCTTTAGGTTTCATGCATGTAATTTCCTCCTATGTAAAATATAGGAATATTAATAAAACGCACCAATAATAAGTTAGATATTTTTCTGCAAGATATAAATTTGTTTACTCATACATATATATTCTATTGCGGGGCGCTCTTGTATAAGTAATTCAATAAAAAACCTCTATATGATACAATTGACCAAGCCTTCATTTACCATTCTATATCAATTTGGAAAGAAGGGTATTTCTCTATTTGGGCTCTACATTATAACGCAATCTTATACCCATTGCGGATAGCTCAGAGTCCAAGTACTTCAACACAAATGGTATGGCCACCGTAGTTGTTTCATTACCACCAACAAATTTGTTACCTTGTCCATCTTCCCAAATTTGAGAGTCGTCAATAAAAATTTTCTCTCCATCTTCTGATTTAGTCAATAGCTTCTTTGCATCTTCGAATCTCATGGAACAACGACGGCAACAAACGGTGGAAATCGAACCAATTCTTGGCACACTCTGTTGCGTGGTCAAAATAGAACCACACTCGCGACATACGGATGCCTGTGTGTAGTCTGATGAATTTAGCAGACGATCTTGTAATAGAAAAGATGTACCATGCCCAATCAAAGCATCTCTTTCCATTTCACCGACACGAATACCACCATGTCTCTTTCTACCTTTGACAGGCTGCATAGTCAAACTATTCACAGGACCAGTGGAACGAACTTGGAACTTGTCATTGACCATATGACGTAATCTTTGGTAGTAGACAACACCAACATAAATATCTGCCCTTAATTCTTCACCAGTAGCACCTGAGTACATTGGCTCATTACCATGGTAGTTGTAACCCGCCTTCGCTAGTTGCTCACCAAAGTAATCGGCTGGGGTATCGTCCTCGTTAAAGATCCAAGGTGTAGAGTCCTGTGCAATACCATGCAATGCCCCCGCTTTACCTGCTAAAGATTCGACGAACATACCAATGGTCATACGCGAAGGGAAAGCATGAGGGTTAATGATGATGTCTGGTTGGATACCTGTTTCGCTAAAAGGCATATCAATGGTTGGCCATTTTCTTGAACAAACACCTTTTTGACCGTGTCTAGAAGAAAATTTATCACCAATTTGAGGCGTTCTTCTAATACGATATTTTATGCTAACAGTTTGTAGTTCTTGGAACTTATTGGATTCATCACCGATTAAATTTACCTCTTCGATATATGCTGGTTCAGAGGAGTGATATGTCTTGATTTTGGTCTTATTTAAAGTATCGTCAAAGTATGCGCAGATTGGATCACCCTCTTCAACATAAGTGCCAATGTATGGCAAACCATCCTCGTCTAATTTCTCAAGCCACTCCTTTGGCCATTCGTCATTCCCGAAACCAAAATGCTGTGTAATTGGGTCACCACGGTTTCTGTTAAGTGCTAAATCCACTTTCTCAGTCTTATACATAGTACCATAACCGAAACCTCTTTCATCTGCTGATTTGTTTATAATCATTGCATCATCCATATCATAACCAGTATACGAGATGACCGCAACAACAGCATTAAACCCGTTTGGAAAGTTATCCATGCCATAATCATCATATAAATTAGCTTTTACGATAGGCGTTTGACCTGTTTGCAACCTATACAGCTTATTGTCGGAACGATGGCACAAAGCTACACCCGGAGTACCCATTGTTTGTTTACCCATCTGACATTGATACATGTTTCTTGGAGACTGGTTGAAATCAGAAAATGGAGTCAAATTAGCCAAAATAGAAAGAATATTTGTGGGCGTAAATTCTACGTGTGTATGAACGTTATTTTGAATTTCTTGAGGAGTGACAGCAATGTTCATGTACACTTGCTCAAAAGGTCCAACAATGTCTTCTTTATCCAAAGGCAGGTAACGAACAGGACGCAGCATCCTAGAATGACCACCAAATAGGTAGAGACCTGGATATTGACCACGAGTTGAGGGAGGAACATATCCAATTTCTAGATCAATCGGTAACCCAGGCGTCTTGCCTTCAACTTTCCAATATCTCAATGTATCCGCAATGATCTTACCTTGTTCATGAGAGACCCAGCCAATAATTTTACCATCAATTTGAACACAACACAGAGAAGGACCAGCAGCAAAGGTGTGAGATGCCGGAGCAACACCAAGTGAGTATAATATAGAAGGAATTCTTGAGACGTCAGATTGCTGAGTTGATATACGACACTTGTGCGCAAAATGGTTTAATAAACCACAAGGAGAACCATCTGGTGTATGAACAGGGCACAGGAATCCCCACGACTCAGGTAGCAACTTTCTGACTGTGGTAGTTTTCAATTGCGCAAAAAAGGAGCCTCTATGAACCATTCTAAAATGAGAGATAAAACGGTAGAAGTTAATTTTTTCTGCAACCACAGTATAACCAGAAACTTGTTGTAAATCTAACCCAGACTGGGACACCAGGTTACCAGTTGATAAAAAGTATTGCATTTTGGAACCAATGTTTTCATTAACCCTCATTAAAACTCTTGACATGTACCTTTTGTCTTTGAAATTAATGGCCATACCACGGTTAATATCCATCCTGACTTGAGCAATAATATTCTGTAAGTACTCATCAATCTTTTCTTTTAGGATCATACCATATAAGAAACCACCCAAAAGAACTTCTTGATGTTGCGTAGCATCTGGGTTATCTGGAGAACATTCGCCTGCAACCAAGGAATACAACTTTCTGATCATGAACAATAACATTCTGAATTTATCCTGGCTGCCATCCTTACCCAAATGCACGAGAACGATGCGATCAAGGACTTCTTGTCCGACTTCTAAATCAGATTGATCAGGGGAAGCTTGAAAGACAACACGAAATTTGTCTCCTAAATATTGCAAGACTTGTGTGCGATTTTGTAAATGAGGATATCTTTTCTTAAAACCACGTAACAGTAATTCTAAACGATCGGTCAAAAAGGAATCCTTAACGTCATTACCAATAATACCATCAAAAATTTCCCTATCGCTGGTATGACACAAGGCTTTTAAAATCATAACAACAGGAACTAAATATTCATTTTTTCTCCAAGAAAATCTAAATGTAACTTGACCGTCATTTAAGTAATGCAAAACATTAGTTTGGGAAGTTTGATCCGGCCTGACAGATCTAATTTGAATACCGTAATGAGAATAGGATGCACCCCTGTTAGCGAAGGAAGGTCTGATGATAGCCATAGGATGATTTCTACGTTGCACAATCAGCATTCTAATAAGCTTTTCTATACCGTTAACAATGAAATAACCACCTATTTCATCGGATTCTTCCTTGTGTTGTACCAGTTCATATGGTGACATCTTGTTCAAGTGACATCTGTTACTCTGTAGCATAACTGGTAGACCACCACAATCTCTTACTTCAAATAAGTTCTCCTCGCCATTGTTCACGGACCACTTCAACTTTAAAAGTAATTTACCTCTGTAAGAAGTAAGCCTTTGTCTTGACTCACTTGGGTAAACTTTTCTCTCTACTGCAGAAGAAACACCATCGTTAGACATTGGCTTCGCAATAGACACTTGTTCCACACTAACAGAAAGCTTATTCCCGAGGTATCCGCTGTTGGATATTTCGTCTTCAGAATTGAGTGGTTTTCCATCAAATATAACTTTTTCACCGATGTCTTTAACACCAAGATTTAACAAACCTCCATCCGGACCTTCTGTTAATGCGTTAAAAGACCCAATATGAGGTTGAACAGCTTCCTGTAATAGTGGAAATGCTGATTTATCCTTAGGTGGATTGATGAACCTAGATTCACGTTCTAAGGTACGGAAATCAGCAGTTCTGGCTTGGCCAGGCGGCTTAATCACTTTGCTCATCTCACCAAATGCGTAATTCTACGTTTATTTGTCAATATTCTTGAGGAAGACTTGCTTGAATATTACGAGACAGCTGAAGTAAGTTTGAATAATTAAGAGATGAGATGAGTCTCTAAGATGCGCTTGAAAAATTTTTCATACGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACACTCGCAAGAGTAATCTCAATAATAATTTCCGTCATTAGCGATTATAGCATGAAGGGAGGCCGAGAGGCCGCTTCTGCGGTATGATAATTAAGTGGTAGTGCAGAGACTCAAAAGGGCGCTGAGAATCTATTAGAAATGCCATTAAGTGCTTTGAACTCTTGTAGCATGTCTGCTTCTGTAGATATAACACTCTGATGCAGATTTATGAATAATTTCATCACTCGATGTCATCAGCGTCTTCCTTCATTTGATGCTTTTTTGAAGTTTTCATGGCATGATTTAGCATTTGAAATATAATGAGAAAAGAGCCCTTTAACTTACAGAAGTAAATGTACAAAACTTAATCGGAGGAAGAAGCTTAAACATACAAAAACAACAGCAGGATGACTACAAAGAAGCCGTTAAACAAATCTTTTTGTCTCCGTTACTAATTCACTAATATAGTAATTTTGCTAACCTCTATCGTCATTGAAACTGATTTGTCCTCGAGAAGGCAACAATCAAACTGCAAAAGAAACGTAAAGCAACGACTTGAACAAGTAATCGCTAACCACATATTGAGATAAGCAGATAATCGCTGTTAAACGTCGTTGATACAGTCAGTCAATATGAATAGTGTAGTATTTTATCGTTAGGTTCACCTTCCAAATATTCGTTAGATAAAGATGTTTCGGTTTTTTATTTCAACAAAAGAGCCTTGTTGGCGCAATCGGTAGCGCGTATGACTCTTAATCATAAGGTTAGGGGTTCGAGCCCCCTACAGGGCTTTCTTTTTTATTGCATGGTCTATCATCAGGTTCCCTTAACCGCTGCCAAGAAAGAGCACGTGTAAAAATGGAATGATTATACATCAATTAAACATATAGTCATGGTGGTGTTGACATGTATATAATATACATTAGTTTTGTCATATTTGAAGAATAAATAATATTTCGATTTGTTCCCGACAATTATTGAAAATGTTTTAAGTGTAGATATTAATATAACAAATCATCAACATGGTTTTTAATCCTTATCTTTGGCAAGGACTTCATCTAAACTAGATAATTCTGGGTTACCTGTCAATCTCAAAGTCTCGTCAGTTCTTAATTTCTTATATGTGAAGTATGTCCCAGAGCATAAAGCTACACCAACAGCGAGAAATAACGGTGTTAATTCGACGGGTATTTTGTAGCCACCAGATGTTTTTTTCTAGTTTTTTGTTAGTATAATACTCTATAATCTTGTAGTTAGCATTCATAATCAACATAATTGTTTTCTTAGAAAGCATCAAGTCAGAATGAACGCATGATTATCCGTTTGTCACAATAAAAAGAAAATATCCCTTAACATACAGCTGTATTCAACAGTAACTGTGCTGGTCTCATTTTTCTATATTTTTCTTTTTTTAAAGTATTGTCAGAAGTCGTTCAGGAAACTACCAAAATTAAATAAGTCTCAAAACAAAGTTAGCTTATACTGGTATGGGAAGAGTTATAGTTGCTTTTGAGGAGATGGCGATGCCTTTAAAGTCTGTTCTCATGCTCATCATAAAGTACGGGAAATCCCCCGCTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:583028-585840

TGGTTTTCGCTGACCCAAGCCTGTCACCTCAAGCTCACCAATTTCTTACAGAATCACATACAACTTCGTAAACTAGCCAACTCACTGCAGTTGAAGGAACAACTTTAAAAAGGTTTGCAGCTAAGCCTTTGTAGTAACCGCTAACGCCTTCTGCTCTGCCGATTGTCACGAGCGCATCCCAGACACTCGTGTATCTAAATCCCAGTTCATTTCCGCCCATTGCGAGAACTTGAAATCTTCTTCTTAGCAGATCAAAGGGATAAGTGATTGTTTGCGCAACCCCTCCACTTATGGCGCCAATTGTTAATTTATAGAGGTTACTTTTCCAGGAAGGCTGAGCATCGGAGGAATTGACACCGAATTCTCTCAATTGTTCGTAAACTGCAAAGTTTAGTGCTACATATGGAACAACACCAAGACTCGTTGGCCATACACCCCTATATAATCCCCTGAGACCGCCTTCGAGTCTGTAAGTTTCGCTTAGTAATTGCCAGATCCCCGGAGGCTTTGATATACTTTTTGCCTTTGAGCGGTTTAAACTGCTCAAATTTGCTGTCTGAATCGATAGTCTTGTTTTGATCAAGTCCAACGGGTAAGTAGCCACCACACTACAACCACCACACAATGCACCACTGAATAGTCTTTGGGTGTTCGTTAGTTGTTCTTGTCCATTATTGCCATTTACATGGAATAACTTTTTCTTACAAGCTTCGTATACTACAAACTGGACTGCACTATAGGGAAAAATTCTTATGCAGTTCAAACCATTTCCTCTGAATAAACCTTTGGTTCCCTCCTCATGGTAAACCTGCCGTATAGAGCTAAAGATACCTCGGTTATAAGAAGTGGTTGAACTTTGAACTTGCAGCAGTATTTTAACTCTCTCAAAAGGTGAAACAACGGTTCGGGAAACCGCGCCAGCTACTCCACCAGCTAGAAACGCAATATTTGAATCCTGCTTGAGAAAATCTTTAATTGAGTTCGGCTGCTCGAGGACGGTCAGTACTTCTGCCATGTTAGCGAAATAACGATTAAAAAATTTGAAAGTCAATACTATGAAACAAGGAAACGAGCAACTTGGTATACTTCCCTCACCTTTGTTAAATTCACTTGGCCTTACTGGCAATCATAATCATTTTGACGAACTGCGGACATCGAGAGTACCCTGCAAATATATCTAGAAAAAGAGGTAAAAAAATATTGAAGGGTCAACCTGAAAAAAATTGAAAAGTGAAAATAGATCTGCTGATAAATAATGCACGGCTTGCATCAAGTGATCACATGGAACTTTCCCAATACCTCAACTACGCATTTTCCCTTGCATATTATATCATCATCCATCTTCTTTGCCTCTCATATATTTACGAAATAATACATAAACATAAAAACGTCTTTGTGCGTCCAAGTAAACTTGAAGACGCACTCCCGTTATATAAAACTGGGAAGAACACTAACAAAGAAGGTGACTTGCGCTTAATTAGTTTTATTCCCTTGCTTCTAAAGTCCGTAAAACATTCTATTAGAGTCTATACATAGTTTTGCCTTACCTTTGAATATGAGTTCTAAAAATTCCATTGCAATAAAGCTTTCCGTTCCTATTGTTTCTATGTAGTGTTTAAGACTTTGTTTCTTTTCCTTTCATGGCTTTTCAAATGTCTCAGCATATTGCTTTTCACATTGAAGGATTTTGTGCAACCCTCCCAAGTACATTTGAAAGGAGTATCTCCCGTATGAATTAAGTAATGTGTCTTCAGCGTTGAGGGCCTCGAACAAATTTTTCCACATACTGGGCACTGCTTTCTCAGCTTTGTGGATGATATTCGGGTGTCAGTTTTCCAATCAGAAAATGTTGCTGAACCGTTCAACACGGCACCAGGTTCGCTTTTTGTTCTGCCGTTACTGGCTTCCTGCATGGTTGGAAGTACGCCATACCCAGGTGGGACTGATTTTGGCCTATCGTGGCATAGCTCTAAGGCAGCGTTTGGGTGACTCGCCATTGATATTGCAGTGAAGTTAGGTTCGGAGGCAATTGTTATTGGTTCTTTGTCGTATGGTGTCAATGGTTTATATACTGTTGGGACCATGACTGGCATCATCAAGGGAGCAGAGGAGGTCAAATGAGGAGACTGGCTATGTGGTATTGGTTGCTGACTTTCCGTATAGTAGATAGGATATTGATCAGATGTTGCGTTCATGGAAATTGGGGTGTAGATCTCATTAACAATGGGTACAACATTCATGCTTTGATAAACTTGCTGTGGAGGGAATTGAACCCTTGAATCTACGTTAGGTGGTGTATTATTTTCAAAATTAGGCAAAAGGGATGAAATTGGTGGTAAGTTTATTTTCGTACTATTATAACATTCCCGTTCATTTTTGTAGCTATTGTGGCCATAAAATTGAGTCCCCTTACCAGTGCTCAGCTGATCAACTGCGGACACTTGAAGGGGGAGGTTCGATTTATAATTGACTGTACACATTCCTATATTAGGAGATCTTGACTTGTCTGTATATGATGATTGTTTTTCTGAACTTTGCTTTGAAAGGGAAAAATTCATGTAATTTACTTTAGTGGCGTTTACTGCTATTTTTCGAAGGTAGGTGATGAACTTGTGTTATAACTAAGAAGCTCAAAACTAAAAGTATACTAATGTTTGAGGAATTATTGTGAAGCCATAGAACAATAAAAAGCTAACAATTGTATCTTTCGTTCAACTTGTCAAACCCTGACAGGCATATAAAAGAGGTATTTTGAAACATCAACATGTAGTAGTCACATATATAGCAAAATAGTAAGTAAGGAAAAAAAGAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:586375-587388

AAGATTTTCCAATCGGGCTTTTTTTCAATCTTGAAGGCCCTCCTTTTCATTTCCATTTGCTCTGACATTGCGGCTATGCATCACAGGCAAAAGCTGAAAAGGAAATTTTGTAGCGTATCGGTTTACTGCACAGTCTCAGACCCTTTGTAGTACTGTTACCTGGAAGAATAGTAGGTGCGTACAACAGTGATTATGTAGTAGTATCTACTGAAGAGCCTACGAGCGAAAAAAAAAAAAATTATCGGCTACATTACGTTGTTTCCTACGGAGACAAGAACCAATATAAGCTGCAAAAAATCTATGAGCATTTTAAGTTTCCGATACAACAAGATGTATGCGTACTATTCACGTCGTGTTATATTGCTCACGTAACAACTTCTATGACAATAATAAAAAATAACCTTTCCATTGTATCATTAAGGTTATCTACGGAGGATTGTCAAACCTAGCGGATATGAAATGTACTTGATTCCTAATTCGGGTTTATTTAGAGTTCAGACTATGTGGGTCATTTCTTATGCTAATAATAGGCACTGAGGTAAGTCAAAATAGCGACACTCAATTACTGTTGAATGGGAAGAAAAAACCGAGAAAGGGATACAGAGATCTTGCCCACGCCTTTTTTTCAAAAAGAGCCCTTCGCAAGGTTGCTCAACGGGATTGTCATAGAAAGAAAAAATCAAAGCCAATAACTACAAGGCCAAAAGTAATGGTAGGGAGCTACTACAAAGTGGGCTCAGCCTACCTGAAGAAAATAAACAATTAATGGACAAGATCTGTTAGCGGACATACAAGAGATCAAATTACCTTCTGGTTAATGCTGTAGGCGAAGCAAACCATTCAATTGAGGAAACCTTATTCCCAATTGCGCTTTTGCTCCCTGGAAGCCTATAACAGCGTGTGGGCAAATAAAGTTGTTTTTCGCCCTCAGCGACTTTACTTCGGAAACTGAAGAGCGGCTAGAAATTTCGCAGAAAAGATTTTCCTTTGAGGATAGAAAAATGAAAAAAAGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:587506-591243

AAATGCAAGACATACAGAAAGTTGCCGCTTTATTGGCTATTTTTTTGGGCGACAGCCCTGGCTAGCCTCCTCATTGGGTTGTAGAGGAAACAAAACTGAGATGTCTTTGGACTAATGTCAGCAATAATAACTCGTAAAATCAAGTCAGAATTTCTATCCATTCAATAGGTATTCATTGTTTATGAAACTAAGAAACGAATGTAAATAATTCTGGGATATAACAAATAGTTCCCTTTGGATTACTTAAAACATAGTACTGCAGCTAAAATTTGTAAAAATGTTAACGTTTCTTTGCGTTGAGTAACTTGACCTTCACACGTAGTTGCAAGTACCGATGCAAAATTTTTACACTGGTGACAACCTTAATGGTATAATCCAATTAGCGACATCACCGAGAAAGTATCCAAGTCGATTTGATGAATAAAATAATAACTTAAACATTCAACGCCGTTTGTTAATACTGACACCTGAAGGAGAGTCAAAAAGGCAAACTTTCTTGCAACAATCATAAAGCTAAGGCACCGCTAGAGCTTACGATATTGGCCGCAAAAATAACTATTACACTTTTTCGTTTCTGTGGAAATGTAGGGTGATCAACTGGCTAATTGCTGCCTTTTAAGATATGCGGAGGAGATTGTGCAGCCATTTTCATTTTAGCGACTCATTGATGGAAGTATTCAAGTCAAGATCACTTGTTTAAATTCAAGACTACTGTTTAAATTCATAATTTTTTATTGCTATCTTTTTTTTACCACAGATCTGACCGACACTCCCGCTTATCGCCCATTGCGGCATATACTTAGGCAAGTCAAAAGCCGAGGACAGCAGTTGAAGACAGGCTACAATTTCTATAGTAGCTTTTTTTCGTTCCTAATTTCTCCAAACACTTTAAGTTTCTTGAAACGTAAATGATACTGCGAAAAATTTGATTTCGTTCTGAAGATACTATCAATTAAACGTGCACTAGGTGCTGTTCCCTCGATGAGCTGCCGCGCTAACCCGTACCCCCCAATTTTGAGCGATTTTAGTGAGTTGTGTTATATAATCCAGGGGTACTCTGCTCCGCGATTTGTGTGATAGCAGCCATAAATGCCCCACGCCAAAGTTCCACGTTCAAATAAAACTTACATCAAAAATTCTTTCTCTTTGAAGTAAATATGCGTGGGGATTGCTGAATAAGCAGCCCAGTGAACATCAGCGCTTTCTGTAAATCATTTATCAGCTAACAATAATTACATAATATAAACCTCCAATAACTGTCCTGCTAGTGGCACGTTGTTGGCTGTCAGAAACGAAATGTGGGTCCTATTTACCCCTTGGTTTTAGTATGGGAGCACGAATGGTAAACACCTTCTCATAAAATAACTGATAACGTCTTAAAGCGACCAAATACTTTATTGTTGCGGGCAAACATTATTGTTAAATGCGTGGTCTAGAAGTAAAATTTTCTGCATAGTTCACTGTTATGTAAATTTTGAACTTGAAATCTTTTCTTAGAAAGAGTCTGTCATCCTTGGAAACATTGCTGACCAAGAATACGATATTGTGAGAAGACATTGTACCCAAAAAAAATTTTTCATTCCTATAGTTTGGATTGGAGATGATTCAAACACAGCATATTCATGTGTTACCTTCCCGGTTATGCACGAGGTCAATGAGACCGTTCCCTTGTGTTGTACCAGTGGTAGGGTTCTTCTCGGTAGCTTCTCCGCAATAAGAATGATTGAATCATATTGTAACATTAGATTTTGGCCTTTCACTAATTACCGTAGGTAATTTTGTTGGTTAAACTGACAAAGAATAAGAGTTTAACCAACAAAATTAAGTCTTGGTGCATTGAATGGAAGAAAAGATGATACAACGCCAACCTAAAGAGTGGAAAGCGTTCTTTCAAATGAGGGTAGTAGGAAATTCAGCGGGAAAGTTTGAAAATGTGGTGGTAAAACAATAATCCTGGTTTTTCTTTGTTATCCGATAGGAAATTTATCCCCTTCTATGTTCCACTAATCACTTCATGGGTTGACTATCACTAGCGCATGAACTCCTTTTGACCAATAATAAGCACAATACTAAAGGTTGTGGTAATTGATAAATAAAGACTTCCATTGAAATGACAGAAACGATATGTATGAATCAGAATATCAAGCATGGATATATCATTGCGCTCAAACTTAGTCAAATTCCTTTGTTTTCTTAGTTTGTTATGACTCCCTTGACGTAATTATTCTTGCATTAATTTTGAGCTTCTGTAAACTTCATTGTTCCAATGGATCATTATATATTAACAACGTTGGCATATACGTGACCGCAATTTGAACTACCTACATTTAACATACTTTTGTAGAGGAAAGAGGCTGTTTGTTCTTTAACCATGATTATACCAATTTAACCTTTTTTTTTTTTTTGATAGTGAACTGCATACTAGTCAGGTAATTGAATTCCTGGTACAGAGATTCATCAAGACATCCGTGTCGGCAACGTTGTACTAAATGAAAAGGTCCTTTGTCTTACGAACTAGACAGAATAAAATGTATCGTGCGGCAGTATAGAACCGTATTACAAATGCTGATGCATTCGCAAACAAATTTCTTGTAGAAATTATAATTCGAACAAAAATCCTCTCACTATTCAAAAATCGGAAGTCAGTAAAAATTGATTGTTGGCTACATGTAATATATTATATGGAACTAATACATATCTATACTCATTTTACTTGGTAAAAAGTGTCACACCTACATCAAAATCACACTGAAAACAAAATATTCTAAACAATGCTTTCACTGATGTTTTTTCTTTGCTATTTTCTTTTGATGGGTTCTTAAATGCCTTAACATGTTACTCTTGACATTGAAAGATTTGTTGCAATGCTCCCAAGTACATTTGAAAGGTGTGTCTCCCGTATGTATTAAGTAATGAGTCCTCAGTGTTGAAGGTCTCGAACAAACCTTCCCACAGATAGGACATTGTTTCCGTAGCTTTACCACAGCGCGCAGTTGCTTTTGTATAAGATCTAAGTCGGTTTGTGTTTGGGATAATAGCGTCCCAGGATTTTGCCCTATATGCACATTCGGGAGGGAGTACTGCTCGTTGCTCACCGCTCTGTGGTTTTCCTCCTGAAAATGCTGCATTGATGGAGGTACAGATTGGGCAGTATAAGAGGAAGCTGCCGTTGAATAAATAGGGCAACAAGATTGACGTTCAACGAACGTTAAAGGGAAAGGTTGCGGTGTTGCTATAACCGGCGAAAAGATAATAGAGTTGGGACTTGATCTCCATACGGGATCCTCTGTCTGATGCAGAGAAGAAGGTGCGTAATGGTAAGCGGGAGGTGGTAGTGCGGCCTGGTTTATTTCAGGAGTAAGTGGAGCGTGCATAATCGACGAACAAGGTGGAAGATGCACTTCCCTTTTGGTCGTGTTCGAGACTTCCTTTGAAGATTGCGCATAGGATCCCCCTATGTTAGACGATGAACATTTCATTGGGCTACAAAGCATAGATTCTAGCGTTTTTGTTCTCCACATTTAATTAGTGTTGAAGATGAAAATTTATGTATATTAAAAGTTAGAAACGGGTCAATGAAGACGTTTGCTTATCGTATTGGATCCTTGCAATGCCCTCCAAAAAGAAGAAAAAAGTTGGACCAAGAAAACAATTATAATTTTGTAATTTGAAATATCTACCAATGAGGTCAAAAGAGCGACAACAACTAGCGCTTATATAATATAAAGAATTCTTGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:591441-593231

TCTGGAAACAATAGAGGAAGAATTTTTGGCGTACGAAAAGGAACGATGCCCCCAACACCTCAACAATACTACGGAAGTTTCTTCGAGCGGAAAAACATCGAAATACTAGCTGTTTCTGGATATGAGAGTGGGTATGCGTGGCAATGGAACTCAGGGAGTTGTTGCTATTTCAGTGAGTACGATGGATCAGGGTGTTTATATCTCAAGAACTACCAAGTTGAAGAGATGAAACGTAGTTCGCTTGATAGCACATAAATGGACGGCTGACTTGTTGTACACCATATATATATATATATATATATAATTTTACGGCTCACTTCTGTACCGCTTGTGAAAATCTTACCGCACAACCCCCGGTGTTCTATTAGCTTTGTTCGATTTTATTAATCTTTGCCAAGAGATACTACTCTCCGGGTTCTGGTGGAGACAATAGTATGTCCTAGCAGCTAGACAAAAAAGCCTTCAAATGGTCTACGTGCGGTGCAATTTTTCTTGGAGAAGTTCTATATTGTCTAACAGATACTTGGAACTGAGCAAGTTGTCAGAATAGTCGGAGAAGCGGACGGAAAATCCATATTATGCAAAGAATTTGCTTAGAAACCCGTTACATATGCTTCGAACAAAGTGACTACATGTTACAATTAAGACGCCTACTTAAACTGCAATGAATAGTCACCCATAGGTATAAGAAAAAAAAAAAAAATAAAAGAGTACATAATATACATACAACTAAAATTAAAATGCATAGAAACCTAAGAAAAAATATTTGTTATACCAAAAAAAATACCACAAATGATACGTAAGAAGATTATTGCAACATGGGGACTCTTTCGCATACAACTGTAAACAGACTTGAGGAAGGAGGGGAATCCCCTCAGGAGTACCTGACATCTATGAGTAGGTTTCAATCAAAGTATCACGTAGGTTACCTGAAATGGATTCTGGTTGGGCATCTTGCAAGCGGAAAATACTTTCAATAACACTCAATTCTGGGGCTGTAGTATCCAGACCTGTAACTGCCAAGTAATCGTTCACAACCATACCGGCACCGACAACTGAACTACCACGGTTAACGGTACCAGCCACCAAAGGAACTTGTAATAAGGAGGACAATTCTTCTTGATCTTGGACACTTGTTTGTGGATGCACTAACCCACCTTGATTACTTAAAGAACAATATGACCCAACTAAGATATTACCTGATATGGTTTGACGGAAGACCTCAACGCCTAGTACATCACTTATCAATTCTTCAGTTTCTCTGTCGATATCTGGATGCACTAAAGCAACGTAATCATTACAACAGATGACGTTACCCAAGGCAGATAGTCTTTCCTCTACCCTTTGAATCTTAACGGAATCCGGCAAACTATTTCTTAAATGTTGTAATTCTTGATCAGTAGTTTGGGTTGGAACTAGCAGACCTCTACGGTTACCCGCGGTCATTCTACCGATGATACGCGTACCAGCAATAGTGGTATGAACGATGGGAATAGCATCTCCTAATTCAGCTTCAAATGCAGAGTAAAAGTTTTCAGAACCACCAACAGCAACCAAACAGTAAGTATTCGTTAATTTGGAGAATACACCGATTTCATTGGAGTTTTCAAATTGAGTCCTGGTAGCCATTATTGTTTTCTAGAGTTAGTTGAATTATGCTCTTGTTCCAAATACTCTGTCGTATTGCTTCTTGTAATTATACTATAAGACCAACGAGGGATGAGGCTTCTTTTAATTATGCAATATTGAATATTGCGTTACATACAGTAAAAGAAAAAATCTGCACAAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:593257-593958

TAAAAATTTTCCGAAAATTTTCGTTTGGCCCTCGGAAAAAACGGGTAATGCTCATCCATTAGGATTTCGTCCAGAATGCCTATATTATTACATAAAGTGATGCTAGTAATGTAAACCAGAACTACTTCTATAGCTTGTTATAGGTGGCCCATGCCAGTGAAATAGGTGGTTGGTTACTCTTTTTTTTTTCTGGTGGCGGCAACCTATTTTTGTTCTAGTGCCTACCAAACTAATTCCTTCCCATAATTTGAAGGCTTCGCAAGCTTAGTAGATGCAAAACTCTTTCTTCATTCTTTGTCTGATCTTGCACCTTACATATTATTCCAATAGGACCTTTATCACAATCAGCGCATATCAAATATTTCAAGCACTTTTTAATCTTCCAGCTGGAATTACCATACTCAAAGACAAAATCACTCTTATCACTCAAATCCCCTAATATAGAAGAAGGAATTTCTCTAGATACACCAACATTATCAAAGTCCCAAACATCAGGGACGACCAAGAAGTTGCTCTCGCTGGGGGTAGCATCTCGCATAGTTCTGTTTTCCAGCAACTTGAATTCGCTGTGCACCTGCTCTGGTAAGTTTATTATGTTATCATCGTTGATGGTAATAACTGCACTATGACAGCCCTCAAAGGAACACGTAGCCTTGCTCATGTTCTCTGTTATTCCCCCATTTTTCCAGCCCTTTTAATTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:594284-607411

AAGATCTACATCGTTAAACCAAAAGGTTTGCGAACTGACTAAAAAATAAAATTCTTATTGGTTCCACTTCTTGAAATACATCATTTTTCCAGCCAATTCGTTGAGGAGAAGAACATTCTGTTATTGCTGTTACAGAGAATTATATGTTTTAGTGAACCTCAAGACAGAAGAGAATCGAAAGGAAAAGGGAAAATGGAGCAACATCTCAAATCAATTCCTCTACAGGACGACACTAAGAAAAAAGGCATACTATCTTTTTTCCAGAATACAACTACGGTAAAGAGTAATAAGTTTCTCACGAAAGAGAAGGATGTCATCACTCTAGATGATCCTAAAGAGGATGTCAGTGGACCTATGATAGAAACTGTTAAACAAGAAACCATGAAAAGCATCAATAAAGAGTGTGCAGATGAAATGAAAACGACACCTAAGAAGGCCAATGCTGAAGACAAGCTTTTATGCTACAAAAATTCACCCATACAAAGTACAAAATACGATAGAAACACCAACAAACAAGTACCCAATGGAAATATAATAGCTATCGAGACAAAAAGCAGAAGCTCTTCTCCATGCTCTAAGAGAGAACTTTCCTCATCGAAAAAGGAAGAAGCTAAAAGAGAAAAGGAACTAAAAAAGCAGCAACGTGCAGAAGAGAAACACAGAAAAGAGTTATTACGACAAGAAGAGAAAAAGAAAAAAGAGCTAAAGGTAGAAGAGGAAAGACAAAGGCGTGCTGAGCTGAAAAAGCAAAAGGAAGAGGAAAAGCGTAGAAAGGAAGAAGCCAGATTAGAAGCCAAAAGAAGAAAAGAGGAGGAAAGATTGAAAAAGGAGGAGGAAATACGTTTGAAAGAAGAAGCCAAGGAAAGAGCACAATCCCGTATTGGTAACTTCTTTAAAAAACTAAGCGATTCTAATACGCCTGTGGTTGAAAAGTCGGATTATGAAAAATTTTTTCTACCTTTCTATGCTAAAGATGGAGTTAGAGTCAGTAATAAGTGGAAACTAACAAAAGTGGAGCTGGAAGGTAGCAAAAGAAAAATAGATGATGAATTACTGAACAGTAAAGATAAAACAAGTAGTGACGACTTATTGAATTGGTTACAGTCTAGAAGATTACCTAGAGGACATAAAATTAAACGTAAAGCTGTTGACGTTCTACAGCAAATGCCTTTGAAGGAGAAAACAGACGATGAGCTCCAATCTTTACTTGCACAAGTTCCGCACAAATATATAAAATTCTACGAAAATGTTAGACCTCCGTTTATCGGAACCTATTCTATGGACTTTACTTTGCCACCAAACGATCCCTTTTCTACGAAAGGTACTGGATTCAATTATGATTACGATTCTGACGTTGAATGGGTTAATGAAGAAGAAGAAGGCGAAGTCGATAACTTAGAAAGTGGTGAAGAGGAGGAGGAGGAGGAAGATGATGAAGACGTACCTAGCGAAGGAGAGTTTGACGGGTTTCTAGACAGCGAAGAAAACAGTGATTTGGATGGCCTACCCTGCGCCAAGAGAAAATTTGTAGGCCCATTGATACCAACAATATGCCTAAAATCCAATTTTGAAAACTTATCAGAGGAAAATAAACGATACTTACAACAACTCAAGGCCGAAGTTATCATAGAAACCGACGGGCCAATCGATCCATTCAAAGAACCCAAAACATCGTCTCTACCATCCAAAAGAAGTAATTCCGACTTACAGGCACAGACCGCTAGCCAATCTCAAAGTCCCGAAAAGAAACAAAAAGCAATGATTACAGACCCCATGGACTTACTTCGACTTTTTGATGGGGTTCAAGACAGCACGTTTTCTTTGGGTACTGTGACTGAAATAGCACAGAAAAATTTGCCGCAATACAACAAACAAACAATTAAAAACACCATAAAGGAATATGCCATAAGAAGTTCTGGAAAGGGTGATTTGCCCCGCAAATGGGTAATCAAAGACGCACAAAACTGGGAGAATCTTCGAGCCAATGCAAATATGCCAACCCCGTCTTTGTAACTTGAACGGATCTTTAGTATATAGAAACATACAGATAAACTGATTATTTATTGGTATACATGAAAAAGGCGACAACACTACGATCGACAGTCAAGCCTTTTGGACTTTGAATAAAATCCAGCACTTCTCGCATGCAACAAAAGAAAATCTTCTATATAAGCTGAACTACATTTATCTGTGTCAGCCAACTGCATGTTTTATATCACTTCTTTTTGGAATATTACGAGTAGATTCATGAAAACGCAAACACTTGGTTTACTCTTTCGGGAAATTTAATGCTAGTTCGCCGCCTCGAAAATGAAAAGAGAAGAAGAGACCAGAAGAGCAACTTCGCATTGGCACTGTTTATTTCTTTAAGAACATCTTCAATACTAAATAAGACAACCCATCTTCAGTTATTTTTACTCTTGGTAGAGCCCAACTTAGGATCCTTTTGAACCTCAAGAACTTAAAATGTCTCAACAGTCTAGCTCTCCAACAAAAGAGGATAATAACTCCAGCTCCCCCGTTGTGCCTAATCCTGATTCTGTTCCACCACAGCTTTCTTCCCCAGCTCTATTTTATAGCTCCTCTTCATCACAAGGTGATATCTATGGTCGCAACAATAGCCAGAACTTAAGTCAGGGAGAGGGAAACATCAGAGCTGCTATAGGTTCTTCTCCACTAAATTTTCCATCTTCTTCCCAAAGACAAAATTCCGATGTTTTCCAATCTCAAGGCAGACAGGGCAGAATTCGTTCTTCTGCGAGCGCTTCTGGAAGGTCTAGATATCATTCTGATCTGAGAAGTGATAGAGCACTGCCTACTTCTTCCTCTTCTTTAGGCCGTAATGGTCAAAACCGTGTACACATGCGAAGAAATGATATTCATACATCTGATTTATCCTCTCCAAGAAGAATTGTGGATTTTGATACTAGATCCGGCGTGAATACTTTGGATACTTCTTCTTCTTCTGCTCCTCCATCGGAAGCCAGTGAACCCTTGAGAATAATTTGGGGTACCAACGTCAGTATCCAGGAATGTACAACTAATTTTCGTAATTTTTTGATGTCTTTCAAGTATAAATTCCGTAAAATATTGGATGAAAGGGAGGAATTCATTAACAATACTACCGACGAAGAACTATACTATATCAAGCAGCTTAATGAAATGAGAGAACTTGGTACCTCTAATTTAAACTTGGATGCTAGAAACTTACTTGCTTACAAGCAAACAGAAGACTTATACCATCAACTATTAAATTATCCTCAAGAAGTGATTTCTATCATGGATCAAACTATCAAGGACTGTATGGTTTCCTTAATAGTAGACAACAATTTGGATTACGATTTAGATGAAATAGAGACCAAGTTTTATAAAGTAAGGCCTTACAATGTAGGTTCTTGTAAAGGTATGCGCGAATTGAATCCAAATGATATTGATAAATTGATAAACTTAAAGGGTCTTGTCCTGAGATCAACTCCGGTTATCCCTGATATGAAGGTAGCGTTTTTCAAATGCAACGTCTGCGATCATACAATGGCAGTGGAAATTGATAGAGGAGTTATACAAGAGCCCGCTAGGTGTGAACGTATTGATTGTAATGAACCCAATTCCATGTCACTGATTCACAACAGGTGTTCATTCGCAGATAAACAAGTCATTAAGTTACAGGAAACTCCAGACTTTGTGCCTGATGGACAAACGCCTCACTCTATCTCATTATGTGTTTACGATGAATTAGTGGATTCTTGCAGGGCGGGCGATCGTATTGAGGTGACTGGCACGTTCAGGTCCATCCCCATTAGAGCTAATTCCAGGCAACGCGTACTAAAGTCGTTGTATAAAACATACGTCGATGTGGTCCACGTTAAAAAAGTTTCAGATAAGAGGTTAGACGTCGATACTTCTACTATTGAACAAGAATTAATGCAGAACAAGGTAGATCATAACGAGGTCGAAGAAGTAAGACAAATTACTGATCAGGATTTAGCAAAAATTCGCGAGGTTGCGGCAAGAGAAGATTTATACAGTTTATTAGCCCGCTCTATTGCCCCAAGTATTTACGAGCTAGAAGATGTCAAGAAGGGTATATTACTTCAGCTATTTGGCGGCACGAATAAAACCTTTACCAAGGGTGGCCGTTATAGAGGTGACATAAATATTTTACTTTGTGGGGATCCTTCTACTTCCAAATCGCAAATTTTGCAATACGTTCACAAAATTACTCCTCGTGGTGTGTATACTTCGGGTAAAGGTTCATCTGCCGTTGGTTTAACTGCTTATATTACAAGGGATGTCGACACAAAACAACTTGTTTTGGAAAGTGGTGCATTAGTATTGTCTGATGGAGGTGTTTGTTGTATTGACGAGTTTGATAAAATGAGTGATTCTACAAGGTCCGTCTTGCACGAAGTCATGGAACAGCAGACTATTTCAATCGCAAAAGCGGGAATTATCACAACACTTAATGCCAGAAGTTCTATTTTGGCCAGTGCTAACCCAATTGGTTCACGCTACAACCCCAATTTGCCTGTGACTGAAAATATTGATCTACCGCCCCCACTACTTTCGAGATTCGATCTGGTCTATCTTGTCCTTGATAAGGTTGATGAGAAAAATGACAGAGAACTAGCCAAACACTTAACAAATCTTTACCTGGAAGATAAGCCCGAACATATTTCTCAAGACGACGTGCTACCAGTTGAATTTTTAACGATGTATATTAGTTATGCAAAGGAGCACATACACCCAATAATCACCGAGGCCGCTAAGACTGAGCTTGTTCGTGCTTATGTAGGAATGAGAAAGATGGGTGACGATTCGAGATCCGATGAGAAGAGAATCACAGCTACCACAAGACAACTTGAAAGTATGATTCGTTTGGCTGAGGCGCACGCCAAAATGAAATTGAAAAACGTCGTAGAGCTGGAGGATGTTCAAGAAGCCGTTAGATTAATTAGATCAGCCATAAAAGATTATGCAACAGACCCTAAAACCGGTAAAATCGACATGAATTTAGTTCAAACAGGTAAATCAGTTATTCAGAGAAAACTACAGGAGGATTTGTCAAGGGAAATTATGAATGTTTTGAAGGATCAGGCATCAGACTCAATGTCATTCAATGAGCTTATAAAACAAATCAATGAACACTCTCAAGATAGAGTTGAGTCTTCTGATATCCAGGAAGCCTTGTCAAGATTGCAACAAGAGGACAAGGTCATTGTCCTTGGCGAGGGTGTAAGGAGATCAGTTCGCCTGAATAACCGTGTCTGATGCTGTCTACTACAATCATTCCCTGCGTAACAATTAATAAATACTAATTAATTATAGCAAGTTTGTATTTTTTACATCCTTATGCTTTGTAACACTATTCAATACTGTATGTAGGCTCGATTGAGTGGGCGGCTTTTTTCTTATTCCTGATTGGCTGAAAGAAAATATTGTTAAACGCACTAAATTTATCCCGAAGGATGATTACATTTAAAGACCGAAAAATGAAGATGCAAAGATCCCTCATATTTTCTACTCCAGTCCAAATCGACAAGATAAACCTGCCGATAAATCATATTTCAGAACGCTAATCAATTCATCATGCTAAGCAGGATCCAAAATTATACCAGTGGGTTGGTTTCTAAAGCAAATCTTTTGTCATCAAAGGCTTTATACTATGGTAAAGTCGGTGCCGAGATTTCAAAACAGATTTATTTAAAAGAGGGTCTTCAACCACCAACTGTTGCCCAGTTCAAATCAGTGTATTCGAACCTTTATAAGCAGAGCCTAAACTTTGCTCTAAAGCCTACAGAAGTTTTATCGTGTTTAAAAAACATCCAAAAGAATGAACTATTAAAATATGGCGCATATGGTATTCAGTTGATAGGGTTTTATTCTGTCGGTGAAATAATTGGAAGAAGAAAATTAGTGGGATATAAACATCACTAAGCTTTTTAATTCTATCTATTCGCAAAACCCTTGTATATTCGTTAATTAAATTAAATCAATGTACAAATAGAACAAAACTAGAAAAAAGAATATATATTCATCTCAATTCTATTTATTTTCTTTTCATGACATACAATGGCATTAAAAGCGATATCGAGTTATATTACATTAGCTTCTTGCCGCCAGTTATTTATGAAATAGGCCAATATAACTTTTCTGTAAAAAAGAAAACTTGACCTCAGAGCTTTCATTACACTTATTAAGAACAACATACTTGTTGCACTATAGTAAAAACTACAGTGAAATTGATCTCAGGATCATTAGTAATTTTTCTCACTATAAGAAAAAAAAAAAAACATATATTTTGCTATGAATTATAATAAGTAAATATATACATATATATGTACAGAGAAACTGACGAAGAAAATAAATCACCCGTTAATGCTTCTTAGGTGCTCTTGAAAGTTTTTATAAACTGAAGAGTCAAACCTAGAAAAGTTATTGTCCAAATCAATGAATGTTTTCGCAATTTGACAGCTTTTATAGTAATAATTGGCATGTTTTCTATCATCAGAGTAAAACTTTTGCTGTGGGAGTTCACCGTTACTATGAACTACTGTCTCTTCATTGCCTGCGTCGTCATCGATACAAAATCTCTTCCTACCCTCTCTGCTTTTTAATTTGTTATCGGGGGAGGGAATAAAGCCCTTGAATAATTCATAGGCGGCCAGAGTGAACCCAAATTGGGGAGAACTTCTTAGGACACGGGCTCCACCACCTTTGAAAAAGCTTCTAAAGCTCTCTTCCTTTAAGATAGTTCGGATAGCATGAAATATACCGTTATACTTTGTCTCACCTTTTCGAGGATCTATCTGGAGCCTTGTTTTTATAACATCAAAAGGAGTAGTCAAGAAGGCAGCTGGCATACCAGCAATGGCACCGGCAGTTAAAAGCTCCCATGTTTTTAATCGATTCCTCTTTGTTTTATCATTTGGATCAAAATCAAAGAGATCTTTTTTTAAATGTGCATAAGTGGGAAAATAAATAGCAGAGAATGGAACATCTCTCATTAAACATGCGGCTACACCATTGTACAAGCCCCTCAGTCCTAATTTTTTGACTATTTGAGTGGCAGTTTCATTGGCTTGTTGTATGTTTTCACCAACATAGTCGGATTGGACCTGTAGCCTAATTTTTACAATCTCTAACGGATTAGTAAATATAACTTGACATGCACCAGCTGAAGCGCCAGAAATAATTTCAGGAAAAAGGCTTAGCTTGCCGTTTTTATCAGTCAACCTGTTTCTCATAAAATCATTGACAGTCAATTTTATCGCCTTTTCAGGAGCAACTCCTATTAATTGTGGCCCTAAGCCAGAGTAGAGACCTTTTATTCCTTCGCGGGATATAATCTTCAACAAACAATCAATTGAGTTTTTGTATTGGGCTAAAGATCTTTGGGCTTGCATCCTTGTTTTTATAAAGTCTATTGGGTATACTACAGTTGCACCAATACAACCCGCAATAGAACCCAAGGAGAAATTGTACAACGAATCGAAAATTGGATAAAAGTAGTAATTAATATACAATGACTCATTTTGATTTTTTTGCAATTCCATTTGGTGAACTAAGTCGTTCAGGTAATTTGGGTTCAAAATTTTCATGAAATCTTCAATTGTTAAGTCAGAACGCATCGTTGCTTTATCTTTTTTACCTCCAAATACAGATTCAAACAAGCCAGTACTCGCTTTTGAAGCTTTTTTAACACCAGAGTCTTGGTCAAATCCATCCGAGAGATCATGATAATAGTCATTAAAACTTTCTAAATTTTTTCTGGATCTGCTTACTCCATGCAAATACTCATTATGGATAAAAAAATCAATATCTGAATCATAATGGTGATCATTTAATAGCTCGTCATCTCGATCTTGATTTCTCTTTCTTAATCTTCTGTTTTCCTTTGAATTTGCGACGATAGAAAATAGTAGGTTGATTTGGGAAGGAGAGAACTCAATGATATTGTTTACTTTGTTATACTGGGCGTTTAAAACTGTCATAAAGTCATTTTTAGTAACTATTTGTTCCCTAATATCCTGCTCATTCAAATTATTTTCAGTAACATACTTGTGAAATATTTGGTTCAGTAGGTCAAAATTTTGAAATAAATAAAATATATCCTTGAATACATTGTACGGAATGGAATTATTGTCCGCTTTTAGTAATTCGGTGTTTGATAGATTCAAGGAGGAAAATATATCTGCAGACACCCTGTGAGAGTAAAATAACCTTAGAAGATAGGTGAGTTGATTTTTGCTTAGGGCTAAACGATGCCCTTGTGAGTCCATCTGTGCCAACCTATCAAAACCTATAAATATTTTTTCATTCTTAAGATCATTTTGTAAAATCGTGACCAGAGAGTTTAAACTCAAATACTCTTCATTTTCATGATAACATTTGTAAAATTTCAGAAATCGAAAGTCATTCCAATCAAGTAGTAATTTGTTATCTTTAACAAAATTATCATCAATAGATTCGTGCAACAGGCGGATAGTATCTTTGAATTGGTTCAGATTCAAAAGAAGATCATCAAAGCTTAGAAATCTGTTACCATAATTAATTGACTTAATTCGATCATCTGCAGCCTTTAAATTAAACGACGAACTACCAAGCTCTTTTTTTTGTTTTGCCTTCAAATTCTCTACATCAAATTTCCTAAAGAACTCATATAGAATAATGAGATGATAATTATCATATTCTAATAAATTATTAAAATAAAACCAATCATTAAGCGTCAGATATCCCTTGTTTTGTTCATCAATAGCGAAGAAAATACACCCGAAAACGTTCTTGGGTATCTGGTTCAAATTGAACGAATGGTCCGTAAACTTCGAATAAATAGTCTTTGAGCTAGATATCAGTTCAATGAAATCGTCGTATGTTAAAATTAGTTCTCCTGTAAGCTTCTCCGTGTCAGGTTTCCCATTTCCTGCTGTGAGTTTACTGGAGTTCACTGTCGGCATATCTAACATACCATTACTGATACTAATAGGCTTGTCCTCTTTTGTAAGGACACTTGCAAAATATTTGAATACTTCCAATTGTTGCTTCTTTTTTCTACTGTTCGAATTGATTTGCTCCATAATAGTATAATAATTCTTTAAGGTCGGTAGCAAAGCTGCATACTTTCAAACTACGCTATGAAAGTTATGTACTTTTCCAGTGAAATATGTTCACAAAGAAGGGATCAGGCTACTTCGAAAATTATGGCAAACGCGAGGTTGTGAGATAAAACTTGAAAGTCTGGTGAGATTAGATATCAAATCTTAACATATAAAAGACAGGTTCGTCTTGAGGTATTTATCTATCTTCGAAATATTTTTTTCTTTGCTTCGAATACTGGTTAATTCTGAGATTCAATATATGTTTCGAGATGTTTTTCCAACATGCCGGCAGTACTCCCCTAAAGCGATGCTGCAGAAATTTTTCATAACCGCTTGCAGTGGGATGACCAATAAAGAAAGCTCTTTCTCCTACGTAAAACATAGATCATACTTACATGTAAAATATGAAGCGCAATTATATACAGTGTCGATTTTATTTAACAATTTCACAGCTGGCAGTTTACAAATGTTTTCATAACCATTTCATTAATCTAACAATAAATATGATGATTTACCAATATACGAATATAAACTAAACATCAAACATGTTATGACAAGTGGGTGACGTTTTCCCTAGGCTCCTTTCCAAACAATTATCGAAGAGTTTTCCGAATTCGCGCCCTAAATCCCAGTAGCTCTTGTTGAAAATATCTCTCATAAACTGCATCATCCCGCATAGAAAGTGGGTATTAGAAATATGTTGAAGTAAACTCGCTTTTGCCCAAACGTCATTCTGAAAGCTAACTACATCGAGTGAGCTATCCACATATAAGTTCCGATACATTCTCAATAGGTAAACTTCAAAACTTTCTATTGGAATGTAATTGTTCTTTTCCTTTAAATTGTTGTTTGCAATCGTCGATCCATTATTATCAGTATTGCCTAGAATGTTTCCACCATTGCTGTCATCTGGTTGAAAGCATTCATCCTTTGAGGCTTCTGTATTATCCCATATGCTAACTTCACAGCCATGTAATGCAAAATTACAAGACCAAATTAGGAGTGAAGTTAATGCAATCGCATAGGGTCTAGTAATCACAGGATCAGAATTTATATTGTAGCTCTTCACTACGGTTGGAACGTTATTTTCCTTAATGATAAACATTTCAAATAAGAACTGGAAGGCATAGACTACAGCTACACCCCCATTGTAGGGGTCCTTAGCGAACTGGAGAATCCTGCGACTGATCATGTCATATTCATCGCGACCAATTGGTACATTCATTCTCCAAGGTGCTCCTGCATATATGTAATAATCATGATGAAGAATACGTAGGACAATTTGAGAGATATGAATAACGGGAATTTTACAATTTGACGGATTATCGGAGGAAAGCAAGTCCAAATCATCATCACATAGTCCATCTCCATTATCCTCGTCAATTTTTCTGTTCGTTAGTGTCTCCTCAGATGGAGTACTTATCCTACATGCTTTCGGATCAGTGCAGCTTTTCTGAACTTCGTGAAGCCAATAGTTCATTGCAAATGATAAAATATCTTTCCATGAAAGGCCTAAATGATCAGTGATTCCGCCCCTAAAGTTAGTAATGAAATAGTCACCATTAACTTCCTCTTGACATTGAAATAAGATCGAAATTATCCCCGCCAAAAGAATCTTTTTACCAAAAAGACTCTGAATATTCCAATCTGTAGTGCTTTCCAAGTCTGTAGGGGTACTCTCTATTCCACCATTGTTGACTTTGTTTCTCCGTATATTATTATTTCGTAAGATTTGAATGACATTTTTCATTAATTGCATTAACGCAGACAAAAATGTATTATTCTCATCTCTCTTTGTGCTGCCATACCCATGCTCCATCAGAGTTTCATAGCTCAAATCATAAGATTCCCACACTTGATCTGGACAGGGTAAAGTTAGTTGAATCTGATTGCTATTAATAAATAAATTCCAGTATCCAAACACTACAGCATGTGTAGTGTCCATATAAAATGCGTAGAAAGCTATTCTTTTCAACATTTCAAAATCAATCCATCTTTTATAAACTTCTTGTGGGTCTTGAATTGAATTTTCCCCAGAGGTTTTGCCGGTTTTGACCATTAAGGGATGGCCGCCTAAAGAGGGCGTTCGCCTTAGCAATTGAATGGTCGTTCCGTGATGTAAAAAAGACCTTTCATGTAAATACCTGTTCGTACTTGTTTTTTCATATCCTTCGACTAATAATAAACTTTGAATGATGTAGGTTTTAGAAGGTGGTTGAAAATCAGCATGAGAAAAAATTATCCATCTTAGAGGACCACAAATTGGGTCACTAATCTGTTCACGATACTCGCTTCCCAAAAAACTTGCGCCAGTCATAATTAGTGCCAAATTCAAAATTGCAGGCTGTTTATCAACGTGAAAAGAGGGTTTGTGAAGCAGACCGTATTGTGGATGGAAGTTCAACCAGAAGGATTTTAACGATTTGTGTATAGATTCAATAGAGACATAGCGTAATTCTGGAACAAATGAAAACATTTCTTGACATTTTTCTTTTGATATCTTATACTTTGTTAAGGGATCCGGATGGAAAAATGACGGGACACTTTTCATAGAGTGACGCAACTGTTCCTTGTAGTTCAGAGAGGAATTGTTTCCTACTCCTGAATCTTTAGATGATCTCCGTTTTAGCTCGTTGATATTAAGCTTCTGACTGGAAAGATTGTCCTTCACTGAAGTACTGGGGTTATCGTTGAACTTCGGTTGTGCTTTGGGAATTTTAATGTTATCTTGTGGTAACTCAAACATAACTGGAGGATTCTGGAACCCTTCGTCTTGTTGAACAGGTTTTTCATTAGGTGGGATTGTATTCTTGTCAGAAAATGTATCTTCAATACTTACTTGCGGGGCTTCAGAAAGTTCTTGCATGAAAGATTGTAATGGGTCGCTGTTCAAAAAATTTGTAGAAAAAAGGTCCTGCATAACTGACAAATTAGCACCGCTAGAGGAAGATGTTAATGGATCTCCAAATGGATTCTGGGGTGGTAATTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGGGCAAGCTTTTGCTGCTGAAAGTACTGTTCCTGTTGTTGATCCTGGGTAAGTGGCTGGAGTGGCTGCTGATATGAACTACTTGCAAAATTTCTGTCTTGATATCGTTGCTGCTGCACGGCTGGATTGATATTCATATTTTGGTCATTGCCATTACCGTTGTTATTCGCTGCATCCACTTCAAAACCATTAACGCCTGTACGGTTATCAAATATCAAATTAAAAAATTGATTACCATTTTGACCGTTGTTCCTTATTCGAGGATCATACGATGGAAAAGTAGGACTTGCTTGCTGTGGATGCATTTGTTGCTGCAACATAGGTTGTTGCAATGGTGCCCGCAGTTGCTGCGGGAATTGAAGTTGCTGCAGTTGTTGAATTTGTTGTGGTTGTTGTGATTGCTGAACCTGTTGAGGTTGTTGAGCCTGTTGAAGAAAAGGACGAAATTTTGATTCTTGTGTGATAGATGGTGGTGGATTCACAGAATTTTTTATTAAGTTAATCGTAGAAGTTCCACTTTGCGTAGAAAGGGGTACTTCACTGGGATTATATGGTGCATTTTTGGAGAAGTCCTTATTTGATGAGGAAATCTGGTCCTTGCTTGGCCGACTTAATCTGTTTTTCACCTTTGAATGCCTCTTTTCATGTCTGATCAGTAAATCTTTCCTTACAAACGTTTTATTGCAAGGCGCATTTGTAGTAGGAAGCACGTAAGAACAAACATATATCTCTTTCGGCCAGTGGTTTAGCTTGTGTCTTGATAAATGTTCCTGACGTGAGAAAGTTTTATTACATTCGGGATGTGGACACCTAAATCTTTCAGCAGGAGAAGAGCTTGAATTTGGTGATAAATCGTTATCATTTTCCCTTTTCCGGAGCCTGCCAGCCAACTCTTTGCCGTGCATTTTTGCCAATATTAAGAGCTAGCTTCACTGCTTTATTGGTCACTTTTTATAATTATAAACATAGTAGATGAGTCCTAGAATCTCAATACAGCCTTTAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:607602-608203

CAGTAATTTTTCTTAAAAACGATTGGCTCCTACATGAAATCCACGAAAAAGCACGGTAGTCTTGTTAGAGGACACTGATATACGAGGAAAGAATTGATAAAGCGGAAGGTCTTTGGAAACAATTCAAGACCGATGACATAACTTTTAAGAGGTAGGTGGGGAAGCCCATATGGAGAATTTTAAAAGCAATAGGGTGCTCGCTTCCAAGCAAATTAGTACTTTTTTTTTTTTTTTAGCAGGAGAATAAAGCTTCAAGCTAATGCACTAGAGTTCGAGGTGCATCATTTCAGTTTTTTTTGCTAGGGCATAATTGATCAGCCTGTTAAACTCATTGCATAGTCAGTAAATTTACAATCCCCGAAAATAATGGTTCCCTTAAATAAGCGAGTTAAGGACTTTTTTTTTTTTTTACAGCAGTAGACCAACCTGTACATGTTTCATAGTCAAGTAATAGCCTGACGAATATCAAACGTTTCCTCTTTTTCATTCCTTTCCTTCAAATGCCTTGGGTTGAAAGGATAGACGTGTATTTAATGCAAGCTCTATCTATAATGAGTGTTATTACAATTGTTATGCTTCTGCATTGAGCGATGAATAAATAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:608761-610074

GAGTTATTGCATAAATACGGAAGAACTAAATACTAGAAATAATCCCAAGCTAGAATATAAACGTCTCACATACCTAAAGCCACTCCTTCGTATTGGCTAGACGTATTTACATACAGAGCATCGTCACTTCTATTTGGATCCTTGTCATTGAAGTATTCGTCCACATGCATCAACAACCAAACCAAGAAGTCTTCGGTTTGTTTGATTAAAAGCTGACAGCTTTGTAGATCCATTGTAGTAGACGAGATCAGCTCTGGTAAAACACTTATCAACCTTAACAGATGGATAGCCCCATAAATTCTAATTGGTACTAGTGGCTTTTGATCCTTCGATGATTTTTTCAGAAGTTCGTCATATTGCAGCCGTTCCAACCTATATAAAAGCATATTACCCAGGCACTTGTCAAAATACAACTTGAGACCGGCACAGTATTCGCTCAACTGTGACTGGGACCCTGGCGATTCCAATTCTTGACTCACTTCATGTTCGTATTTATTCAGTACCATCTCTACCGTCACATCAGCGGGTAGTCTGCAAATTTTTTTGTCCTTCGTTACGTATTCCCAATCGTCGACTAACACGCTCTTCAATTTTATGGGAATTTGAAGGGAAATCTTGGGGGTTGGATAGCCGGCAATATGATGTAGCATATTTGGCGATAGCGAAGAAGATCTTCTGCGGTCATCATTCCCATTTTGGTCGGATGACGAGCGCAAAGAGCTGCCAGGATGGAGGGAATTAGCGGAACTTCTTCCGCTTTTCCTGCCGCTCACTGAAGATGTTAAAAAACTCTGTGAAGTGCTCTTACTTATACTAGCATTCGAGCGGCTGTCTCCCTTTCTTTTTCCACCATTACTAGGCCCTCCCAGACTAGTGGAGAGCTTCTTTTTTTTCTGCTGTTCCAGTAACGATTTCTTAGCTTCTTTCGCCTCGTTCGCCAGTCTTTTTTTCATGGCAATATTCTCTTCATTGTAGGCCCGTATCCTATCATATCCAACCCACTCATCCCAACTCGACTTCCAGCCTTGGTAATGTATGAAAAAACACTTCCCATTAATGATCTCTTCTGGAATGCTTTCATCTTCTCCCAGCTTTTGTGGCTTTATTTCCTTAGTTGCTTGTGAACTACCACCTGGCTTGTCATTAGGAATGCTGGTATACATTTTCGAAGATGGATCCCATATTTTCAAGATCTTTGCTTCATACATAAGAGGACCATGGAATGCCAGACACCGCCCACCGAGCGCAAATTCCTGCTCCAAATCAACCATTATACGTTCTTCAATAGGGTAAATCCAGTGACGAGGCCTCACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:610313-614560

AGCGGTAGTGAAAAGGCAATATATCGGAGTTGGTGAAGTGAGTTAAATCTCTACCTTGCGTTTTTGATAAGTAAAAAGCAAGCACAGCTTAAAGGATAAACAGGATTTTATTGAAGCAATTTTTAATTATAATACATTGTGGATAGAACGAAAACAGAGACGTGATAGATGAACGTTTCAAAAATACTTGTGTCGCCCACGGTCACGACAAATGTTTTACGCATATTTGCTCCCAGGCTACCTCAAATCGGTGCTTCTTTGTTAGTTCAAAAAAAATGGGCCTTAAGATCAAAGAAGTTCTACCGTTTTTATTCTGAAAAGAATAGCGGTGAAATGCCTCCTAAGAAGGAAGCTGATAGCTCTGGAAAGGCATCCAATAAATCCACGATATCTTCAATCGACAATTCGCAACCACCACCTCCATCGAACACTAATGATAAAACCAAACAAGCGAACGTAGCTGTGTCACATGCTATGCTAGCAACTAGAGAACAAGAGGCCAATAAAGACTTAACGAGTCCTGATGCACAAGCAGCCTTTTACAAACTTCTCTTACAATCAAACTACCCGCAATACGTGGTCTCTAGGTTTGAGACCCCCGGTATTGCGTCATCGCCTGAATGCATGGAACTGTACATGGAGGCCCTGCAGAGGATAGGCAGACACTCGGAGGCTGATGCCGTTAGACAAAACCTACTGACAGCCAGCTCTGCTGGCGCAGTTAACCCATCATTGGCGTCATCTTCATCAAACCAGTCAGGTTATCATGGTAACTTTCCATCGATGTATTCTCCGCTTTATGGATCTCGCAAAGAGCCACTACATGTTGTCGTATCTGAATCAACTTTTACTGTTGTATCGAGATGGGTAAAGTGGCTGCTTGTTTTCGGTATCTTAACCTACTCTTTTTCTGAAGGTTTTAAATACATCACAGAAAATACAACGCTACTAAAGTCGTCAGAAGTAGCCGACAAATCAGTTGATGTAGCTAAGACAAATGTTAAATTTGATGATGTCTGCGGTTGTGATGAGGCCCGTGCGGAATTGGAAGAAATTGTTGATTTCCTGAAAGATCCAACTAAGTACGAGTCCTTGGGTGGTAAACTACCAAAGGGTGTACTGTTGACTGGACCTCCTGGTACAGGTAAAACTTTGTTGGCTAGGGCCACTGCCGGAGAGGCTGGTGTAGATTTTTTCTTTATGTCAGGTTCTGAATTTGATGAAGTTTACGTCGGTGTTGGTGCTAAACGTATCCGTGATTTGTTTGCTCAAGCGCGTTCTCGTGCACCAGCTATTATTTTTATTGATGAATTAGATGCCATCGGTGGTAAGCGTAATCCAAAGGACCAAGCTTACGCCAAACAAACGTTGAATCAGTTATTGGTCGAATTAGATGGTTTCTCACAAACAAGTGGAATTATTATTATTGGTGCCACAAATTTCCCTGAGGCTTTAGATAAGGCGTTAACTAGACCAGGTAGATTTGATAAGGTTGTGAATGTGGATTTGCCAGATGTTCGTGGTCGTGCTGATATTTTAAAGCATCACATGAAGAAGATTACATTGGCAGACAATGTGGATCCAACTATTATTGCGCGTGGTACCCCCGGTTTATCAGGCGCTGAGCTGGCAAATTTAGTCAACCAAGCAGCAGTTTACGCGTGTCAAAAAAATGCTGTTTCCGTTGATATGTCCCACTTCGAGTGGGCTAAGGATAAGATATTGATGGGTGCTGAGAGAAAGACTATGGTCTTAACAGATGCAGCCAGAAAGGCCACTGCTTTCCACGAGGCTGGACATGCCATTATGGCCAAATACACCAATGGTGCTACCCCGCTATACAAGGCCACGATATTGCCTAGAGGTAGGGCATTGGGTATTACTTTTCAATTGCCAGAAATGGATAAGGTCGACATCACCAAAAGGGAGTGTCAAGCCAGACTGGACGTGTGCATGGGGGGCAAAATTGCAGAAGAATTAATTTATGGTAAAGATAACACCACAAGTGGTTGTGGGTCTGACTTGCAAAGCGCCACCGGCACAGCAAGGGCTATGGTTACTCAATATGGTATGAGTGATGATGTAGGTCCCGTTAACTTGTCAGAAAATTGGGAATCTTGGTCTAATAAGATTCGCGATATTGCTGATAATGAAGTGATTGAACTTTTGAAGGACTCCGAGGAAAGAGCAAGAAGACTATTAACTAAGAAAAATGTTGAGCTACATAGACTTGCGCAAGGTCTTATTGAATATGAAACTCTAGATGCCCACGAAATCGAACAAGTTTGTAAAGGTGAAAAACTGGACAAACTGAAAACTTCCACCAATACAGTCGTAGAAGGACCAGACAGTGATGAACGTAAAGATATAGGCGATGATAAACCCAAAATTCCTACAATGTTAAATGCATGATTTTATTCTAAGAAGTTAAACGTATGAAGGAACCTACCTCAAGACCGAGAATGCTTTGTTCTTTTCTGGTCGGTTTCGCTTTTGCTTCATAACACCAGCAATGAAGCATGATCGCGGGAAACTTTCAGAATCTACATCTTCTCCTGGTCAGCTTGAAACTTCAGATTATTCGTAAGGAGAAATTATAATATTATTTCTGTGATAAGAAAAGAGGCATTAAGCTTGGGTATTTGCGACAAAATACTTCAGGATAACCGATGATCGCAAGTGGGTTATTAATTTCTTTCATCCCTTAACCAACCGTCGCTTTCCCCCAGTGACAAGCCTTAAAAAAGTCACACCATGGAACGGAGTATCGTTGATGATTAAACCAATCATTAATCTTTCATAAAAGTTAAGATAAAAGCACTTGTTGATATATATAGGTACATGTGTATCAATACGCCATACATTGTAAATAGAATATTCAATGGATAAACGTGTGTAGCAAAAATAATCACATTGTAGCGCTAGTTAGCAATTTACTCATTGTCACATTTTTTGCAGTATATATTCATGGCATGAAATAATATAAAATGGCGCCGGTCTATATACCTATGCATCTTAATCTATATATATATATAAAACAGAAACCTACGGTAACAGAGCTGTTTCATGTTTTTTGCTTTTTCTCAACGGTGGACGAAGTATCTTCTCCATTCAACTTCCTTTTTAATTTCTGAATCAGTGTTGATGGATTTTGACAATAATAGTTTTTTGCCGCAATTTTCTTGGCCTCTTCAGTACTCGGAGGTTTACAATCTTCAATAATACTTTTACACTCGCGTATTATGGTTAGTAACTTCGCGGAGTCTATCGAATATTCTTCGCTCTCTGTGGACTTCTCTTTGTTTTTCTCAGTTGTACTGGCATCATTTTGTGGTTCTTCTTTTTCGTTTCCCGGTACTGATTCCTGGCTACCTTCTCTGCTGGGAAATTTTGTTTCTAAATACCTTGTGACCAAGGCTTCATCCTCAATCAATAATGTTGCTAGTGTTATTTGGGGTGGAGTGTAGAAATATACGACATCGGTTAATAATGCGGCAGTTATTCTCTTCTTACACCTATCGTATATTTGGCCCATGTAATTTAAATCAACCTTACCATAAAGGACGTTCTGGATATCTAAGAAAAACCCATGAAGCGGTTTGTAAGGATGATGGTTCAACAGTGAAAATTTCAATGATTCTAACAACTTAAACTCGAATTTGAGAACACTATCTCTAGTAGATTTGGCCTTTTGAGCAAACGAGTCCACGCTAATAAAATAGTTCTCCGATTTGCAGGCTAGAAAGATAGTAGTATGTACAATACTTTTAGGATCTATTTGCATAACAGAATTTTCTAAGAAAAAACGCCTAAAAAAGGATATCGCAGTGGCCACTACTTCGGTTGGCAAATTTAGATGCTGTGCTATTACCTGAACTTTTTTTGCGTAGAAATTCACCAAATCGAGTTCTTCTTCCATTGTCAAAGGGATAGCCTTTGCTTCTAGTACTTTTATTTCTTCTTCTGTTAAATTGTGTGCTTCTCTAAATTTTAATAAATTTTCCTCAATGTAAGCAATCGCTCGGGCATTGGTATCTACCCTTTTCTCCTGAAGTTGATCTTTAGTGTATGACCACATTCTATACTGAGAAGAGTGCCTATATAAATCATCGTCAGAAATTCTTTTGTAGTTCGGTGGCTTGTTATTCTCATCAGCCGATTTTAATTTTGCCTCTTTTTCTTTTGCTGACATGGTAGCAGAAGGAGTATCTAATGTACTCTTTCCATTTAGTTGAATATCCGTCATTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:614803-615082

TTTCTTTCAGGTCACCTCTCAGCCGTCACGTCTCTAGCTGAAGCTTTGTTATTCTCGCTTCACTAAAAACAAGTGTATCTACAATATTTACCAGTCTATTCGTATATCCCTTATCATTCTTTTTCAATAAGGGCAAATACTTCGGAAAAAGAAAGGAACATTCATCTTGATTCTAGCCGTAAAGCTATCACGTTCACTCTAAGCAAGCGGAAAGTTGAGCAAAATCAACGAACAATCTGAGTCAGCAAGGCAGTACAAGCATCTCTTCTTTGCCCCTCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:615271-621445

AAAAGAATCTTATTGCTCCTTAAAAAAGGATTCATCAGTCCTTTATGAGAGCCTGCTAGTATCACCTAATATTGCATCTGTTTTTACCGAAATTTCCTCATTCCAATAATGAAAAGAATAAGATCGCTTTGGTTCAATGCGGAGGCTTCTTATTCAAACCTTAACAATTCTCCTAGTTTGAGGAACAAAAATAGTACCGGTAATAACTCTCGCTCTAAAAATTATCGTTCTTTCTCAAGGTTTGACTTGATCAACTCTATACTTTTACTGATGATGCTATTTTTATTAGCTATCTTCGTCACTGCATTATATTTAACAAAGAGTTCCAGGCTTACATACTCACATGCCTCGAGGGCTGCCCTATTTAACCCTCTGGGTGTGATATCGCCGTCATTGGGAAATCATACGTTGAACTACGATCCAGAAGCAAGGGAATCTTCTAAAAAACTTTATGAACTCCTTTCTGATTTCAACACGGCATATTATGATGATGAGAACATGATTTTGGGAAGTAACTTGTTCTCAAAGAATACATACTCGAGACAACCATATGTTGCTAACGGTTATATAGGTAGTCGTATTCCCAATATTGGGTTCGGCTATGCCTTAGACACCCTGAATTTTTACACAGACGCACCAGGCGCTTTGAATAACGGTTGGCCCTTAAGAAATCATAGATTTGCCGGTGCGTTTGTATCGGACTTTTATTGTCTACAACCAAAACTAAATTCAACAAACTTCCCAGAATTGGATGATGTAGGATATTCCACTGTCATTTCATCTATTCCACAATGGACCAATCTACAGTTCTCATTAGTGAATGATTCTAAGTGGTTCAATCCACAAAATGTTACGTTGGATGACGTAACTAATTATAGCCAAAACTTATCAATGAAGGATGGTATCGTAACTACGGAGTTAGATTGGCTAAACAGTCAAATACATGTTAAAAGTGAAATCTGGGCACATCGGCACATTCATCCACTGGGAGTGGTTTCTTTGGAAATTTCCCTGAATACGGACCATTTACCTTCGGATTTTGATTCATTAGATGTTAATATATGGGATATACTTGATTTCAACACATCACATAGGACTGTTCTACATAGCACGGGAACAGACGAAAAAAATAATGCGGTTTTCATGATTGTTCAGCCAGATAACGTTCCATCTTCTAATTGCGCTATTTACTCAACGTGTACTGTAAAGTATGAAAATTCCACCAATCCAATAAATTCTAGTGAATCTTTTGAAGAAAAAGATGTTTCTTCTAATATTTATAATGTTATTTTGACAGAGGACCAACCCAAGATAATCGTTCATAAGTATGTTGGTATTATGTCTACTGAGTTCAATAAGAACAAAGAACAACAAGACAATACTAATATTGGTTTGGCCAAAATGATAGCTCTAAACAGTAAAGGCAATTACGAGAAGCTTCTGTCAAGTCACAAACGTGCGTGGTATGACCTTTACAACGACGCCTTCATTGAAATTCCTTCTGACAGTCTTTTAGAAATGACAGCAAGATCGTCCCTATTCCATTTACTAGCAAATACAAGAGATTACAATGTCTCGAGCGATAGGGGTCTTCCCGTGGGAGTTTCTGGTTTGTCATCAGATTCCTATGGTGGTATGGTGTTCTGGGACGCAGATATATGGATGGAACCTGCCCTATTGCCTTTCTTCCCAAATGTGGCTCAAAATATGAATAATTACAGAAATGCTACACATTCGCAGGCAAAGTTAAATGCAGAGAAATATGGATACCCCGGAGCAATATACCCCTGGACATCTGGTAAGTACGCTAATTGTACTTCTACGGGACCTTGTGTCGATTACGAATACCATATTAACGTTGATGTCGCTATGGCCTCCTTTTCCATATACTTGAATGGACACGAAGGGATTGATGACGAGTATCTGAGATATACTACATGGCCAATTATCAAAAACGCAGCCCAATTTTTTACTGCTTATGTTAAGTACAATTCTTCCCTAGGATTGTATGAAACATATAATTTGACAGATCCCGACGAGTTTGCTAATCACATCAATAACGGGGCTTTCACGAATGCTGGCATTAAAACACTTCTAAAGTGGGCAACAGACATTGGCAATCATCTCGGCGAGGTCGTTGACCCCAAATGGAGTGAAATTTCCAAAGATATTTATATCCCTAGATCCTCATCTAACATCACTTTGGAATATTCTGGTATGAATAGCTCAGTGGAGATTAAACAGGCGGATGTGACTTTAATGGTTTACCCACTTGGATATATCAATGATGAATCCATATTGAACAATGCAATTAAAGATCTTTATTATTATTCAGAAAGACAGTCTGCGTCTGGGCCTGCAATGACATATCCGGTTTTTGTGGCCGCAGCTGCTGGTCTGCTGAATCACGGCTCTTCTTCTCAAAGTTACTTATATAAATCGGTTCTTCCATACTTACGGGCTCCTTTCGCTCAATTTAGTGAGCAATCAGACGACAACTTTTTAACAAACGGATTAACCCAGCCAGCATTCCCCTTTTTAACAGCTAACGGTGGATTTCTACAGAGCATTCTGTTTGGGTTAACAGGAATCCGATATTCTTATGAGGTTGATCCAGATACTAAAAAAATTAACCGTTTGTTAAGGTTCAATCCAATAGAACTACCGTTGCTCCCTGGTGGTATCGCTATTAGAAACTTCAAATATATGAACCAAGTTTTAGATATAATAATTGACGACCACAATGGTACGATTGTTCATAAATCAGGAGATGTTCCTATTCATATAAAGATACCAAACAGATCTCTAATACATGACCAGGATATCAACTTCTATAATGGTTCCGAAAACGAAAGAAAACCAAATCTAGAGCGTAGAGACGTCGACCGTGTTGGTGATCCAATGAGGATGGATAGGTATGGTACCTATTATCTTTTAAAACCGAAACAAGAGCTTACAGTCCAACTGTTCAAGCCTGGCTTAAACGCAAGAAACAACATAGCGGAAAATAAGCAAATAACAAACTTGACGGCCGGCGTTCCTGGTGACGTTGCATTCTCTGCTCTAGATGGGAATAATTACACGCATTGGCAACCCTTAGACAAAATTCACCGTGCGAAGCTATTGATTGATTTAGGTGAATACAACGAGAAAGAGATTACCAAGGGAATGATTCTTTGGGGGCAGAGGCCCGCAAAAAACATTTCCATATCTATTTTGCCTCATTCTGAAAAAGTCGAAAATTTATTTGCGAACGTGACAGAAATTATGCAAAATTCGGGAAATGATCAACTTCTTAATGAAACCATTGGTCAGCTTTTAGATAATGCCGGAATTCCTGTCGAGAACGTTATTGATTTTGATGGCATAGAACAAGAGGATGATGAATCTTTGGATGATGTGCAAGCCTTATTGCACTGGAAGAAGGAAGACTTAGCCAAGCTAATTGAACAAATACCCAGACTTAACTTTCTAAAAAGAAAATTTGTGAAAATTCTGGATAACGTGCCAGTGAGCCCAAGTGAGCCATACTACGAAGCAAGTCGCAACCAGTCGTTAATCGAGATATTACCCAGTAATAGAACGACTTTCACTATTGATTATGATAAATTGCAGGTGGGTGATAAAGGGAACACAGATTGGAGGAAAACAAGATACATAGTTGTGGCAGTACAAGGAGTGTATGATGATTATGATGATGATAACAAAGGAGCTACAATCAAGGAAATTGTTCTCAATGATTAAATGAAATGATGCATATAAGTAGCGCTTTTTTTAATATTATAAGTTTGGATAAAAGTTACCAATTTTTTCGTAGGATATATATTTTAAAGGCACTATATTGAAAATATCATGCATGCTTATATAAAAGCTTTTTTTTTTCTATAGGGTGACATTTAGGAGCAATAATTTTTACTACAAGCTTTTTTTGCACCTTATATAGTAGTGACCTTGAAATTGGTCTTTTGCACCAGCGTACTTTAATTCCACTAAGTACTGTTTAGCAGCCTGTTTTCCAGAGCCCACAACAGTTTTCTATAAAATTTTCACATGCATTATATAGACATGATCTACCTACCAATTTGATCTTCCTGCCATTGAGATCAGTTCTTTCATTACATTGATTGCACATTTTTAATTGGCGCCTTTTCTAATTTTTTGTATGAGTCCATATTAAAAAAATAGACTTCAAATTCCTACTAGACGATTCTGATTCCATCGGGATTACCACCAGATTTGATATTGGCTCTTCTCTCGTCAGTAGGGTTTGAACAGAAATATTCCTAAATTTCTCGCAACTTAAATTAAATTTGCAACGATAATGTTTGCATACATTTTTATATTCTAGATTCAATACATTAGAGGTAACTTGATGTAGCGCCAATCTGAAAATACAGAAGCCTACTAGGCAAATATTTAAAGCTCTATATACTATTCACGAAAGAAAAACGTACTTTGTATAAATTGAAGAAAATGAGTTTGTGTTAGTTGGGTCCTGCCATTTGGTATCCTGAAGGTTTTCTCAAGGTGGGGTGGGCTAATCTACAGGAATAGTTTATAGTAATTGTGTGTTAAGAAGTATTTTGGCTTTAAATGACGTCCCCCACAAATTTATTACTTCAGGTGTATAATGTATTCACAAATATGTTCGTTTCTTTTTTGCTCTTCATCGTCCCCAGTTTTTCCTCACCCTTACAAAACAAAAACGGCAGGAAAAGGGTCCTATGTAAATTAAGCAAACACTGCGGGGTAGAACCTAAATTTTAATGTATTTTTTTACAATCCAACCAAGATTAAACCAATTGCCGAGCTTTTTCCTTTCTCGGTGAAACAAACCTTTACAAAAGATACGCCAGAGTAAACGCATTCCTACAAAAAATGAAAGATCTTCATTATTTACACTCTTGTAGCCCACTAATCAATTGGTTTCGCAACATTGTTCAAAGGCAGTGGTTTCTTTTTCCCTGAGTATCCTACTATAGTACAAAAAAAAAAAAAAAGAGTGAAAAAATCAGAAGAGAAAATTATATCGATTATAAATTTTTCAAGTACATCGTCTATCGAAGCTAAAGACTTGAATAATTAAATTTCTGGAAATGGGACAAGTGTACTTATCAACAACGAATAAGGTATAGCAAAGTTTAGAGAATTATTTTAATTATCCCTATAAAATGAAACCGATATTTGAGATTTGTTTGGGCCTTTTTCTCTCCCATGAGCAGTGAAGCCTACAGCAGAACCGTCCCAATTTTCGTCGGTGATTTTTTCTGAAATTTGATAAAGCTGAGACTTAAAATTACCTGATATTTTTCTAATGTTTGATATTTTCTGGAAAACGCCATTAGCAATTCCTTGGCTGTTTTCGTTTAAATTGCCCTGTATGTCCGATAATTTATAATTTGTGAACTCATTTGAAGCGCCTTTTGTATAACAAATCTGCTGGGCCAAGCCTGGGAAAGGCAGAGCCGTCTTCTCGCCAAGTTTGAGAATCAAACAGTTTTGGTTTAGTTCACTTCCTGAAGTATTCATATTTACTCCTAAGTATAGGTCGAGAGGTTCAAATGTTGTTTTGATTTTTTCATTCACATAATTTGAAGGTAGCTCGACGTATTTTGGTTTAATTAGGTCATATAACCTTTGCGGTTCATTGATACCATCATTTTCGAGCTTGTTGATAAGCTCGATGATTAATGAAAACATTAAGATTACAACTCCTAGCCCACAGGATATCATATTGGCCGGATTTTCACCTACAGAAAAACATGATACCATAGTTTGAATTACTTGAAGTGTTAGTTTAGTGTCATCCAGTTTCTTTTCACTAACAGATTTTGTAGCGGCAGGTGCAGGTGCAGTAGAAGTTGATGTCACCGTTTCATATACAGTTTTGATGATTGTAACAGTATCTATCATGTCATCATCATGGAATGCAAAAAGAAGACCCAGGAGTGGGACGAACGAAGCAAGTATTCTGTAAATACCAACCATTTCTTTTTATCTGGCGCTTTATATGTTTATGAATAGTACGTTATGATGATTGTTTTTTTACAAATGTTTGTGAATTACACTAATGGTAATTCCCTCTTTAGTTAGAAGTAATGGAAAATTAGTACTTTCTAATTCTTGTGATCAACGCTTTTTCAACGTTGCCATCATCAACAGAATCTCGATCTGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:621657-621928

CGCTGATATAATTTGAAACCTACATTATTATTTGTTCGTTTGGAAGACACGTTAGGTTTAGTATCAATAAACTTCCCATCCGAAACACTTATTCTACTAGTGTGTTTCATAATGCGTAAGCCAGCACGTATATATTCATCTCAATTTGTTACACACTTAACATACTATATAATTCCTGAGAAAATGCCCAGCTCATAAACATCGGTAGTCCAATTCAAGAACGGGGGAACTGAATTTGGGAGTAATCAAAAAAAAAAAAAGACGTTACTTCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:622020-622699

GGGATCATCAAGAGATTTTGAAAAACTGTGGAGCCAGATATTTATTTGTCAACTTTGGACATCTACCTTAGTCTGTCTGCTTCCCTCTTTTTGACCTCTTTTAGTAAACTCTGAGGTGGGATGACTGACTCTGACGGAGAAAGTATGTAGATATCTCAAGAAAGTATCAGTCCACGATATAGTAGGAAATATTATACAATACGTAATGGAAGCAAAGTGTGCTTCCATGAGTTTTAGACAAATTTATGTCCCTAAAACTTCGAACTTTTAACGGGAACAATTTTGGCCGTGATAAATTCTTTTCCAACGCTTATATTGATTATCCGTTATTGGTTTTTTGTTGGAGACATTAAAAGATGGCCAATGGCGTAAGAAAATTTTGAAAAAAAGTCAGACATTCAAGTTGAAAAACTCCTTCATCTTCCTACTTGAGTCTATATTTTCATTGATATTTCCATAAGAGAAGGAGCAGTCAAGTTCAAGAACCAACTTTCCGCAGTTGGCAGGTCGAAAAAATAAATGCGAATTCTGTGGATCGAACACAGGACCTCCAGATAACTTGACCGAAGTTTTTTCTTCAGTCTGGCGCTCTCCCAACTGAGCTAAATCCGCATATCAGAATGAAATAAACAAGCATTCTTGTGCTTTATAAATGGTCCAAGCGTCTAACTTTTAAAGAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:623395-627424

TATGTCCTTCAAAATTTTTTTTGATTTAAAACTAAAAAACATTCCCTTGAAGCTTGTTATTCCGAAAGAAAGAATCTAAAATTGCAATTGGTAGTGAAAACAAATAAACAAAGACATAACCGCACTCCAATCATGTCCGAATATGCATCTAGTATTCACTCTCAAATGAAACAATTCGATACCGTATGTAAGATGGTTTTATTGGTTCCATCGTCATCATGGTTCAAACAGCCAAATGACCCGACACACGTAACCGAAGCAGTTATACTAACAAGAAAGCTAATTTTCACCCTCCTTGCTACATTTTTTTCTACAGAAGTACTCTGGTAATAGAATTTTACAGCAATTAGAAAATAAAACTAATTTGCCTAAATCTTATTTAGTTGCTGGTTTAGGTTTCGCTTATCTCCTTTTGATTTTTATTAACGTCGGAGGTGTAGGTGAAATTCTTTCCAATTTTGCTGGGTTTGTGTTGCCAGCATATTTATCGTTGGTTGCTTTGAAGACACCAACGTCCACCGATGACACACAACTCTTGACCTACTGGATTGTCTTTTCATTTTTGAGTGTCATTGAATTCTGGTCCAAGGCAATTCTATATTTGATTCCATTCTACTGGTTTTTGAAAACCGTTTTCTTAATCTACATTGCCTTGCCTCAAACTGGTGGCGCTAGAATGATCTATCAAAAGATCGTAGCCCCATTGACCGACAGATATATCCTAAGAGATGTTAGCAAGACAGAAAAGGATGAAATTAGAGCTTCCGTCAATGAGGCTTCTAAGGCTACAGGTGCTTCTGTTCATTAAGAGGCAACTCACCTATATCCTCAAATCAAACTCTCGTTTTTGTTCTCTTTGTTATCTATTCTATTGAGAGCATATAAGTACATATGTTATTAGTTGTTATATATCGCTACTTAACATATAAAATATTTTGGAGTCGTTTATGGTGTCCCAGAAGATAGCATTTCTATTCATCGTGTTGTGTCGTGACGTGTCTCTTGATATGCGCGACAGACCATCCAACGCAAGGTCATTAATCATGTTATGTTCTGTAATTTTAAAGGCATTTTTTATAGAGTTTCATCGAATTTGTGATCGAACTGTTCATTGGTGATAGATGAAGAGCCATTTAAATGAAAATCCAACTTAACTCTTAACTTCAGTTTCCCAGATCCAGAAATTTTCAATGACTGCTTGCAAATTTGGCTGGCGTTTATTGTGGAAGATGGATATAACTGGCCTAGTGTTAGCTTTTGAGCTTTAGGAACGGCACAGAAAGTTTTTAAGTCAGATATTAAAGACTTTGCCTGAAAATATAAATCCAAATGTGCTAATCCAGAGTTTGCAGAGAGCAAGGAAGCATATACATTCAGTGAGGAACTGTCATATATCTTGTTGGCATCCAATGGTAAGGTGACACCTGAGTTTGCCTCCACTGCCGACGAATGATTGATTGATTCTTCCTTGTTCGCATTTTTGGGCACCTGAGCAATGTCATTCTTCTCTCCAAAAATCTCTTCTAATATGTCAATTGGTTTCACATTGTCACCAGTAGAAGCCTTGCTTTCAGCCTTGCTATCCTCACCCAATAAATCTGACAGCAGATCAACTGGTTCGTTGGAGATAAGGTTTTTCGATAGAGCTTTTCCATTATCCTGTTCCTCGGTAATTTTTTCAAATTTAGGCATTGTTTCTAAAATGATCTTCTTCACAGAAATTGACTGATTGAAAAATATCTCGTATTGATTGCTTTTCATTTGCAGTGATAAATCAGTGGAATCCGTGTAGCTCAATATCAGTTGTCTTAGTTTTTCAATATTTTTCGCGTCATGGAACCTCACAGATAATTTTAATGCTGCTGTTAAAATGTAATTGATTATCTTCAGATTCGTTGCTGTGTAGAGTTCTTGCAAAGTTAGTAAGTAATCAGTAATAGATGACTCATTGATTATGTCTGCACCATTTTTATTGCCCTCGTTGAGTACTAAATCGCCATATTCGCCAATGCACCAAATCAAAACCAACTGCCAACCAATATTTTCCTCGGAAATCTCCGCTGATGTTCCATTTAGTGAAATTGTCAGCATTTTCCGTAAAAATTCAGATTTGTCGGATAACTGGCTCGTATTATTTATTATGATTAGAATATCATTAATTTTTTCATAGTTGATAAACGATCCCACTAATTTTAAGATATTAAAGAAAACATCTAATTTCCAGCTTTCATCTTTGACAACGCGGGTATCAAAAGTGTCAATTAAGTGATCTATAGTGTATATTATGAGATCTTTTGAATCTTCATCCTGTTTTGCCAAAAATTTCATCAATTCGTTAACCAATTCCACTAAATTTGAATCGTCCAAGATGGCGAAGCTCAACTCTAACGCTCTCATGCGGATCGACACATCGGTATCCTGCAGACAATGAGAAATGAATTTTCTATGCCTTTGTACTGCGGTAGGCTCTTGGGGAACAACTTTTAATAAGGTGTTTAATGAAACGTATTTAGTATTATTATCTTTTCCTGCAAGAAACTTGGCCAAGATGTTAATACCAAGGACACGTAGAGGCTGGTTCAAATCCAACGAAAAGATCGTCTTCACGGTCTCATAAAGAATGGCCTGTCCGCTGTTTTTCGTTGAATCCGTATTCGTCGCAATACGAGTCAATAAATCGCAGAAATTATCTTTGTAGTCCAAAACATTGTTCGAATTTAAGAGCTCACCAACTTGAAAGTATAGTTTTAAAGTGTAAATTATTTCACACTGCAGAAATGGGTCACAAATACCTTGGACATCATATCCAGGTTCAATATTTTTAGAATTCATATTTTCCAAACGAATGAAAAAATCACGCAAAAGTAAAGATAATGGAGACAAGATGTCATTGCTGTAATCAATACCGTCTTCATCTTCATCCTCATCTTTTTTTCTGTTCAATCCAATTAACAAAATAGATTGTATGATTTTCGTAACGCCTAAAAGTACACCGTGAGTACATATTGAATGACTAGACAATATCTTAGTAATGTCTTCGATGTTGAAGATTTCTAAAAGTGAAACGTCTTTGAAAATTAGTTTGGCAGCACATTGAAGCGCTTTTTTCAAGAGGAAAGGGTCTCTTGAATTTTTGATGATATTTTCGACGTCTGGGTATAAATCTCTGGCTAATTCAGGGGAGCTCAAAAAGCCTAATGAGGTTAGTGCAAGTGACACTGCATATTTGTTGGGATGATGCAAATCGTTGTTCAACATGTTCGTTAAGAGTGTCAATAAATCTTCAGATTCGTCCAACAATAAAGTTGCGGCCAGATAGCCTAATCTTTTATCGACAAAATCGTCAGAAGCAATTAAATTGATAGACTCCACCTGACCGAAATGTGTCTTTTCCCCTAGAATGTATAGATACAGAAGTTTCTGGATATTTACTCGCCTTTTTTCATGTGGTAGATGGTCATCTCTCAATTTTGTCCTAATTTTAGCAGATTGTTTCGTTATAATTGCCCTTTCATCTGCCAGTGTTTTGGCACCACGAACGTCTTTGATAAAGCTTCTCAACGAAGAGCCCATTATGGTGTTCAGGTCTTTCTCGTTGCTAAATCAAGATGGTCAATATTTCTTCTCCAATATTAGCAGTATAAAATCTCGAAAAAGTATGATTTAGTTGTAATTCTCATATGGCCAAGCCCACTAAATTCAGTGAATACAAACAGCTAAGGACGTCAAAACTCAGAGTCGGGTAATCTTCATTTGAATTTTTTTTCTCTTAAGGTAGATAACACCAAAGAAAAGCAATCAGTAGCAAAATATGGACTTTAACGCTGTCAGTTCCAATTGAGAAATATCGTAAAGAAAGTTAGTTGTTTTCACTCGCAACCTCTCTACCTTCGTGGCCTAAAATAGATTTAAATAATCGAATAAACGGTTTGTTCTTATATGTGATACCCTCTTTCACCACCTTCCTGTAGCCCCAGTTGGTATTACTTGTCCCAACCTCATTCCTCTTTCCATTATCAATTAATCGGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:627758-631320

TCCCGTCTCCCGTTCCCTGCATAGTTGTCACGGTTTGGACTATATATATCGTCGTTTCTCTGTTTTATTTATTATGATGGCTCTCCAAGGGTAATCAGTCAGACTAGTAAGCAAAGTCAATCATGCAATCTACTGTCCCAATAGCAATTGCGAGCAACGGCAACAAGAGAGATGTCGTCCAGAACGTTTCTGCAGGCGACGAGGGTGATATATTGCAAAGGCTAGCCCGTAACAGAGAGATGATTTCTACCTCCCTCTCGCCACAAAAATCGTCAGGATTTAGTGGTAGAAGGAGGTCATCTAGTGTTAGGGACGCCCTTTCTTCTTTTTTTGGAACTGGTAATAGTCCAACATCTAGTATGGACGATTATTCCAATTTGATGAACCGTAACTATTCTACCGCATCAACTGCCATGTGTAGGGGGAACAGTTTTCCTTCAGATGTTGGCACTAAGGCTTACAATATTACGGGATCTTACCAACCGGATAGGCACAGGAATTCTGTTCCGTATACCACCATAGACCAGTTACACACAAGGCAAGACACCGGGTTGAGGAGAGAGTCAGATCCAGTCGCGGCAAAACAAATATCTAGTAATAATGATATTGTTAGGTCATTCATAACACATCATGCTAGTAATAGCACTATGTTTATTAATAGGGTGCTATCGGACTATTTAGCGGATCGTGGTTTCATCAAGCAAACACCGTTATATAATAAGAAAAGTGTGCTGGAAATTTCCATTGCAACAAGTGCAGAATCAGTTTTCTTGCCAACTACAAAAAGTGATGAAACAGAGTATCTATCACTGATTCATGGTTCTTTAAATCAGGCGCGAACACAGCCTGTCGGGTCCACTAACACTGCAGAAAGTGATTTCCTCCCTTCATGTCCTACGATGGACACTTTGAATGAAAACAATGATTTATCACTATTTCCGTTACATACACAGCGAACCAGCCCCTCTAATACAGCAAGGACAGGTAATGCTATGGATACAAGCAATTCTGATCGTGCTTCTCCGGCCTCGAACAATAACACAACAGATGCGGATTCCTTTGTTGCGAGTGGCAATAACAACCCTATGAATAATAACAATTCTCCCGCGAGAAACAGACATCCTAATTCTCACTCGCGTTCTCTTCCTAATGCTTGGAATAGCCAAATGCCTTCATTCAGCTTTGCATTGATATTTTCCCTGAATAAATCAACTACCCTTTCTGATATTAAAGTAGAACTCACTTCTAACGTGAGAGTGGTGTGGTTCAATGGTCTTCCCCCTACCAAGAATGTTAACGAGGAATGCTATAATATAGGTTCTTTGGACTGGACCTTAAATGCAGACAACTTTAATCTTTTCATTCCGCAAGGCGCAAAGTCTCCTCTTGATATCGTTGAAAATCATTCCAATAACAGGAAATTGAAAGTGCTCCAGAAATTATCGATGAGGAAACGCCGTTCTTTCTCGAATAAAGCAGTTCTTAGGGAAAATATATTAAACAATTTAAATGCCTCGAATTCTACGAACAAGTTAAATGCTGGTGTTTATGTCTTTACTATCCCCATAGTGCTTGCCAGTCGTATTCCTGAATCGCTTTACTACCCATCAGCGAGGGTATCCTACAGCTTAAGATTAGCGACAAAATTGAAGGATGAACATACACAGTTGGTTGCATCACGGCCACGTTCTTCTTCTATCTCTTCTCCTCAAAAACTGCGTTCATATTCCTGTTCTGATTCTTATGAATATTCTCAAATTGATGACACCATAGAAGGAGAAACCTACAATAACGACAAAAATTCTACTGGAAAAATCGCATTTCCCTCCTCATGGTTAAAAAGTGCGAAGGGGCGCTTAAAAAGGAATAATTCTAACGGAAGGTCAGATAATAATGGCGCATCTTCTAGTGGTTTAGCGATGCAACATGATTCTGAAGACACTATAAATTTACAGTACCCGCTTAATTTGGTGAGAACTCCGCCAGAAATCTCTGTCACTACAGCAAATAAGCCACTTTACATTAACAAGGTTTGGGAGAATTGTCTTTCTTATGAAATTTCATTCGCCCAAAAGTATGTGCCCTTGAATGGTGAAATTCCAATCACAATTAAAGTGGCACCTCTAGTAAAAAGTCTTAGTGTCAAGAGAATTCGTGTTAGTTGTAGAGAAAAAATCTCCTACAGGAGTAAAGACTATCAATATGATTTTGACCAGTTGGATCCATTGGCTTCAGATCCTTGCAATCCCTATCATATGAGATATTTAGTGAGAAAAAAGAAGGACAGAAGCTTGCCTCTATTTGAGGTGGCCTCTAAATGTACTAGTGGGCCTTCTATTAGAGAGGAAGTTGTCACCAATACAGTTGATGATAACTTATTAGCCTACACTTCATCAAAAGAAAACAACAAAGATATCCCATTTTCTGAGTCCTTTACTGTTAAAACGAAGTTAAAATTTCCAAAATATTGTGAAGTGGACGCTACCAAAGCTGCAAGTCTACCACCATATGGTATCGATCTTTTCGACCCAATAAAAGATCCAACTCAGAGTGAGAACACCTCTAATAACGGCAATGTATTGGGCTTTCTAGTGGGTCGCCCTAACAGGGCTTCCAAGACAGTTCATAAAATACCGCAAGACAAGAATCATAATGAGGTCAATGATACAAATGGAAACTCGAATACATCTTTGCAAACTAGCTCGAATGTTCCCATTCAGCACTACACACGGTTGAATAAACCAAGACGCGGTTTATATTTGGACAGTATGCATTTTAAGAATATCCAATGTTCTCATAAATTAGAAATCGTCTTGAGGGTTAGCAAAACTGATAGTGGTAGCTCAAAAATCATAAGGCATTATGAAGTAATTGTTGATACACCAATTTATTTGATTTCTGACCTTTGTAACACTTCAAATATAGACTTACCGACTTATGACATGGCCACCACTGAATCTTCTAAAGTCCTGCCACCAACTTTTGAAGAGGCAACATCAGTTTCAGCATCACCAAGATCTTCTGTATCTTATTATCCCGATGACATTTCCATGCAACAGTTGAATTTGTCTAGGTCGACTTCCCTCGCAAATGGTTACCTGTCAACCTTACATCCAAAAACAACCGCTGTTTCGGACTCGTCTAACGGTGCCCCAATCCGGGACCAGCAAGAGCAACAAGCACGCCCCTTGAGGACTGAAGATTATGCGCTACAAATGGGGAATGAAAATAACGCCTATAGCAATATGGACGGTTTGCTTTCGCAGGATATCTTTGAACAGGAGACCGCGGCCACGCTATTTAAAAGAGACATTGTCACAATGAACTTTAACAATAATATATTCACACCACGGTATAGTCCGCGCACTTTTACCAATACCGACTACAATTATAATGATAATGATAATAATGATAATGATACAGAGGGGCCTGGTCCAATAATTCATCCGGGTCCTGAACCACCAAGATATGACGAGATTTCATCATAAATATTAATATCTTCACTTTTTTTATAAACCTCACACACACATATATATATACATTTGTACAAATATGTACCTGTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:631420-639084

CAAGTTTGAAAGTTTGAAAGCCGTGCAGTTTTTCAACGTATTAGGTTTTTTTATTCAAATAACTTTGACAAGGGCGTTGTACGACTTAGCACCTAATGAATAGGGGATCATTAGATGATGGGCCTAAACTACGTGAAGAAAAGCACTTCCAAGATTTTTATCCTGATCTTAATGCCGATACTTTACTGCCGTTCATCGTTCCCTTAGTGGAAACAAAGGATAACAGCACCGATACTGACTCAGATGATATTTCAAATCGGAATAACAGAGAGATCGGGAGTGTCAAAAGCGTACAAACTAAAGAATTGATTTTCAAGGGGAGAGTCACCACTGAACCACTAGTACTGAAGAAGAACGAAGTGGAATTTCAAAAATGTAAAATAACTACGAATGAGTTAAAAGGTAAGAAAAATCCATACTGCGTTAGATTTAATGAGAGCTTTATATCCAGGTACTATCATATAAACAAAGTAAGAAATAGGAAGAGTTATAAACAACAACAAAAAGAATTCGATGGTGTGGAGGCACCCTACTTCACCAAATTCTCTAGTAAAGAAGCCCCGAATATTACTATTTCGACGAGTACAAAGAGTGCAATTCAGAAATTCGCTAGTATTTCACCCAATCTTGTTAATTTCAAGCCTCAGTATGACATGGATGAACAGGATGAATTATATTTGCACTACCTTAATAAGAGGTATTTTAAAGATCAAATGTCTCACGAAATATTTGAAATTTTAATGACTACACTAGAAACTGAATGGTTCCATATTGAAAAACATATACCCTCAACGAATAGTCTGATTGCTAGGCATAATATTCTAAGGGACTGTAAGAATTATGAGCTATATGGTTCTGATGATGGAACAGGTTTATCGATGGACCAGGCGTGTGCAGTTTGTTTAGGCACAGACAGTGACAATCTGAATACAATTGTCTTTTGTGATGGATGCGATATTGCTGTGCATCAAGAATGTTACGGTATAATTTTTATCCCGGAAGGAAAATGGTTATGTAGACGATGTATGATCTCAAAAAATAACTTTGCCACTTGTCTAATGTGTCCAAGTCATACAGGTGCATTCAAACAAACAGACACCGGTTCTTGGGTACATAACATTTGTGCTCTATGGCTTCCAGAGCTATACTTTTCAAACTTACATTATATGGAACCTATAGAAGGCGTTCAAAATGTTAGCGTATCACGATGGAAACTTAACTGCTACATCTGTAAAAAGAAGATGGGTGCTTGCATTCAGTGCTTTCAAAGAAACTGTTTTACAGCATATCATGTCACGTGTGCCCGTCGAGCTGGTCTCTACATGAGTAAAGGGAAATGCACTATTCAAGAATTGGCCTCTAATCAATTCTCCCAAAAGTATTCAGTCGAAAGTTTCTGCCACAAGCATGCACCTAGAGGATGGCAAACGAGTATAGAAGGTATTAATAAAGCTAGAAAATACTTCTCTCTACTCTCTACATTACAAACCGAAACTCCTCAGCATAATGAAGCTAATGATAGGACAAATTCAAAATTCAACAAAACAATTTGGAAAACACCTAATCAAACGCCGGTAGCACCACATGTTTTTGCTGAAATATTGCAAAAGGTCGTTGATTTTTTTGGCTTAGCTAACCCACCAGCAGGCGCATTTGATATTTGCAAATATTGGTCAATGAAAAGGGAGCTTACAGGAGGTACCCCATTAACTGCCTGTTTTGAAAATAATTCATTGGGGTCCTTAACCGAGGAACAAGTGCAAACAAGAATAGATTTTGCCAATGATCAGCTCGAAGACTTGTACCGGCTCAAAGAGCTGACTACTTTGGTGAAAAAGAGAACACAAGCTTCAAACAGCTTGTCCAGATCCCGAAAGAAGGTTTTTGATATAGTTAAATCGCCCCAAAAATATCTTTTAAAAATCAATGTACTGGATATCTTTATAAAATCTGAACAATTCAAGGCTCTTGAAAGATTGGTTACTGAACCTAAATTATTGGTTATTTTAGAAAAGTGTAAACATTGTGATTTTGATACTGTCCAAATTTTTAAGGAGGAAATTATGCATTTTTTTGAGGTTTTGGAAACTCTACCCGGTGCATCAAGAATACTCCAAACTGTCTCATCAAAGGCAAAAGAGCAAGTAACAAATTTAATTGGGCTCATAGAACATGTAGATATTAAGAAGTTGCTATCCAGAGATTTTATAATAAATGATGACAAGATAGAAGAAAGACCATGGAGTGGCCCGGTGATTATGGAAGAAGAAGGTTTAAGCGATGCAGAAGAACTGAGTGCAGGGGAACACCGTATGCTGAAGCTAATCCTTAACAGCGGATAAAATAAAGGTTTTAATATTGCATTATGTATAATGAGTATGTATTTTTATGCTATTCTTGTAAAAGTTTGGCTTATTATTTACTTTCATGGAACACTTAGTAAAAATAACTTAGAAAGGTCGTCTTTTCTTTATTCTTTAGCATTTCAATACCGAACTAAATATCCGTTTTTATAGTTTAGTTGGTTTTGTTTAATTTCTAGAATCCTGTTCGGCGCTTTTGTTAAAAGTAAAAAATGAAAATTCAAACGAAATGAACCTAATCACGTTAGAATTTAAATCTTGGAATATGTTAAATATAAAACAAGAAGAGCAAGCAATACTATTTCTGACTAATTCTCTATACACATAAGAGCAAAACAAAATGTTCGGTAGCAAACGTCTGAAAAATGTTAAGGAAGCATTTAAGTCCCTAAAAGGCCAAAATTCAGAGACACCCATTGAGAACTCAAAGGCGTCTTTTAAATCCAAAAATTCAAAGACATCTACTATTTCCAAAGATGCGAAATCTTCCTCTTCTTTGAAGATTCCTATAAGTTCAAATAACAAAAATAAAATTTTTTCACTAGCAGAAACCAACAAATATGGGATGAGCAGTAAACCGATCGCAGCCGCTTTCGATTTCACCCAAAATTTATTGGCAATTGCTACAGTCACAGGGGAAGTCCATATTTATGGCCAGCAACAAGTGGAAGTGGTTATAAAACTGGAGGATAGATCTGCTATAAAAGAAATGAGATTTGTGAAAGGTATCTATTTGGTGGTCATTAACGCAAAAGATACTGTGTATGTTTTATCGTTATATTCTCAAAAAGTACTTACAACAGTGTTTGTTCCGGGGAAAATAACATCAATTGACACAGATGCATCCTTAGACTGGATGCTAATCGGCCTTCAAAATGGTTCAATGATAGTTTACGACATAGATAGGGATCAACTTTCCTCCTTCAAATTAGACAACCTACAAAAAAGCTCATTTTTTCCGGCTGCAAGACTATCACCTATAGTATCCATTCAGTGGAACCCTAGAGATATTGGAACTGTTTTAATATCATATGAGTATGTAACTCTAACATACTCATTGGTTGAGAACGAAATCAAACAATCCTTCATATACGAATTACCACCTTTTGCTCCAGGAGGCGACTTCTCAGAAAAAACCAATGAAAAGAGAACTCCCAAAGTTATTCAGTCCTTATATCACCCTAATTCACTGCACATTATCACTATTCATGAAGACAATTCCTTGGTTTTCTGGGATGCTAATTCAGGCCATATGATCATGGCAAGGACAGTGTTTGAGACAGAAATCAATGTTCCACAACCTGATTACATACGCGATTCTAGTACTAATGCTGCCAAAATTTCGAAAGTGTATTGGATGTGTGAAAACAATCCAGAATATACTTCACTACTCATCTCTCATAAGTCAATCAGCAGAGGAGATAATCAAAGTCTCACTATGATCGACCTCGGTTACACACCTAGATATTCAATAACCTCTTATGAAGGTATGAAGAACTACTATGCAAATCCGAAACAAATGAAGATATTTCCCTTACCAACCAATGTGCCAATAGTGAATATACTACCAATTCCAAGACAGTCCCCGTATTTTGCAGGATGTCATAATCCGGGGTTAATTTTGTTAATCCTAGGTAACGGTGAGATAGAAACAATGCTATATCCTTCTGGAATATTTACAGATAAAGCCTCTTTATTCCCTCAAAATCTTTCCTGGCTGAGACCATTAGCCACGACTTCAATGGCCGCTTCTGTACCAAACAAATTATGGCTTGGTGCGCTTTCTGCAGCTCAAAACAAGGATTATTTGTTGAAGGGAGGGGTTAGAACAAAAAGGCAAAAACTTCCCGCTGAGTACGGTACAGCATTCATTACCGGCCATTCTAATGGCTCAGTTAGGATATACGATGCTTCCCATGGGGATATACAAGATAATGCTAGCTTTGAAGTGAATCTATCAAGAACGTTGAACAAGGCCAAAGAACTAGCAGTTGATAAGATATCTTTTGCCGCAGAGACTCTCGAGTTGGCGGTGTCAATTGAAACAGGAGACGTTGTTTTATTCAAATATGAAGTAAACCAGTTTTACAGTGTTGAGAACAGACCAGAAAGCGGTGACCTGGAGATGAATTTCAGGCGGTTTTCTTTGAATAATACGAATGGTGTTCTCGTCGATGTGAGAGACAGGGCACCTACCGGTGTTAGGCAGGGATTTATGCCATCAACTGCCGTGCATGCCAACAAAGGGAAAACATCTGCAATCAACAACAGTAATATTGGATTTGTTGGAATCGCATATGCTGCCGGAAGCCTTATGTTGATCGATAGAAGAGGTCCTGCAATCATTTACATGGAAAACATTAGAGAAATCTCGGGAGCTCAAAGCGCATGTGTTACCTGCATCGAATTCGTAATTATGGAGTATGGAGACGATGGTTACTCTAGTATATTGATGGTCTGTGGTACTGATATGGGCGAGGTAATCACATACAAAATTCTTCCTGCATCAGGTGGAAAGTTCGATGTGCAACTAATGGATATTACTAATGTTACCAGTAAGGGTCCGATACACAAAATTGATGCATTTTCAAAGGAAACAAAATCTAGCTGCTTGGCAACTATTCCAAAAATGCAGAATTTAAGTAAAGGCCTTTGCATTCCTGGTATTGTATTAATAACTGGATTCGATGATATCAGATTAATAACACTGGGCAAATCTAAAAGTACACATAAAGGTTTCAAATACCCGCTTGCCGCGACAGGTTTATCTTACATCTCAACCGTTGAGAAAAATAATGATAGGAAGAACCTAACCGTAATAATTACATTAGAAATCAATGGCCATCTAAGAGTTTTTACTATTCCAGATTTCAAAGAACAAATGTCTGAACATATTCCATTTCCAATTGCCGCAAAATACATTACAGAATCATCTGTTTTAAGAAATGGTGATATAGCGATTCGAGTGAGTGAATTTCAGGCGTCACTATTTTCTACTGTCAAGGAACAGGATACGCTAGCGCCAGTTTCTGACACACTGTACATCAATGGAATCAGGATTCCCTATAGGCCACAAGTAAATTCATTACAGTGGGCAAGAGGCACTGTATATTGTACTCCCGCTCAATTAAATGAATTATTGGGTGGCGTGAATAGACCTGCATCCAAATACAAAGAGAGCATCATTGCTGAGGGAAGTTTCTCGGAGCGTTCTTCAGACGATAATAATGCGAACCATCCGGAACACCAGTATACCAAGCCCACCCGTAAGGGCAGGAACAGTAGTTACGGGGTACTAAGAAATGTTTCTCGAGCTGTAGAAACTAGATGGGACGCCGTTGAAGATAGATTCAACGACTATGCTACCGCCATGGGAGAAACAATGAACGAGGCTGTTGAGCAGACTGGAAAAGATGTAATGAAAGGTGCCCTTGGTTTTTAAATACATACACTAATTCATACAGGGTAATGAGCAACTTCCTTCTATACTTATTTTTTTTTAGTTCTATATGCTTTATAAATTAATTTGAATCGATTTATTTTTCATTATACATGTCTAGTTTTACGAAGGTTTGTAAATACATGAGCTATCAAGTTTATAATCCTTTAATTAAACGAGTGACCTCATTTAGACCATCTTCATGAATTTGTGATAACTTTTCTTGAACAATAGGAACAATGTCAGCCGCACTAACCAATTCACCATCATCATCGGCAAATTCTTGGCCCAATCTTTTGACACGTAATTTACCTTCTAAGTACTCCTCCTTACCGAGGATTACGGCAATGTGACAACCCGCTTTTTCAGCAGCATCGAATTGCTTCCTAGGATTAGCCTTGGCCTTATAGACATATTCAGCTTCAATGCCAGCATCCCATAATTGCTTAGTAACCTTCATTCTTTCGGGTAAATAACCAGTCCAGTCCTTACCACCACCAAAAGCCATAACGAACACCTGTGTAGCCGTTGGCTTTATAGTTGTAGAGGAATTAATTCTTTGTTTGATCAAAGAAAATATTCTTTCAACACCAAATGAAATACCAACACATGGAATTTGAGTAGATTTTTTGCCGGAAGCTTCAGAGAACATGTTGACCAAATTATCATATCGACCACCGGCTGCAATAGAGCCGACACCAACGAATTCTGACGCGTCTTCTGCAGATTTGGCCTTCTTCTTCAATTCTGAAGCATTCTCTGGTGGAGCAGATGCAGAAGTAACAACTTCATAGATCAAACCTGTATAGTAATCCAAACCTCTTGCAAGAGAAAGATCAAAAGAGATGAATGAGTCAATGTCAAATGCTTCGGTATACTTCATCAAAGTAGCAATATCATCCAAACCTTGTTTAGCCTTTTCGTTTGAAGTAATGTTGGCATCTGCGGATAGAACAGCGTGAATTTCCTTCAAAGAACCATTTAATTTAACATACTCACCGATTTTATCAGCAGTTTCTTCGGATTGACCTTTTTCTTCGGTCATTTCCTTCTTGACTGCTTCCCATGGAGATTTGTCCAACTTATCGACAGCAGAAGAGATTTTCCTCACATCCTCATCTTTAACACCAGCGATTTGGAAGATCCCATCAAGAATCTTCCTGTGATTCAATTTGATTTTGAAATCTTTGATTCCCAAACTGGTCAAACCTTCCACTAAAATGGACAAACATTCGGAATCAGGAACCATAGATTCGAATGTGCCTGCAACGTCAAAATCACACTGGTAAAATTCTCTCATACGACCCTTAGTCATGGCTGGTTGGTCTCTTCTGTAGACTTTTGCAATGTGATACCTCTTGATACTCTGAATATTGTTCATGGCAACGTACCTGGCAAAAGGAACGGTCAAATCGTAACGTAAAGAACATAATTCACCACCCTGGTCCTCCAAGTTGTAGATCAGTTTGGAGTCCTCACCATACTTGCCTGCTAAAATTTCTCTTAACTCGAAAACAGGTGTGTCGATAGTGACACCACCATGCTTCTTGAATAGGCCAGATAAAGTGCTAAAAATGGCTTCTCTGATAACCATATCACTATCAGCCCAATCCTTCGTACCCTTAGGTGTTTTCAAAGACACTTGTAGTTTACCTTTCTTTGGAGCCTTTGAAGCTTTTAGAGCATTAGCAGCATTAGCAGTAGGAGCAGAAGTAGCAGCAGCGGTAGCGGATGACATCCTGATTATCGAAGACGACTTTATAGATGTGACTACTTTATTTAGTGATCTACTAAGCATTAAGCAAGAGACGAGCAGAAAGGAACTATTCTAAAGTAACACATTGGGCCGTAAGACTCATTTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:639473-641279

AGGCTATTAGCAAAAGCGCGAGAATTACTACATTATAAAGGATCTGTCAAGAATGACATTGAATAGGAAGTGCGTAGTGATACATAACGGATCGCACAGAACGGTGGCTGGATTTAGTAACGTTGAATTGCCACAATGCATTATACCCTCTAGCTATATTAAAAGAACAGATGAGGGGGGGGAAGCTGAGTTTATATTCGGAACCTACAATATGATAGACGCTGCGGCAGAAAAACGCAATGGTGACGAGGTGTATACATTGGTAGATAGCCAAGGGTTACCGTACAATTGGGACGCATTGGAGATGCAGTGGAGATATCTGTACGACACCCAATTGAAAGTTTCACCCGAGGAACTGCCACTGGTGATTACGATGCCTGCCACCAATGGTAAACCGGACATGGCCATATTAGAGCGCTACTATGAGCTGGCGTTCGACAAATTAAATGTACCAGTATTCCAGATTGTAATCGAGCCATTGGCAATTGCCCTATCCATGGGCAAGAGTTCTGCATTCGTGATTGATATCGGCGCGTCAGGCTGTAACGTTACTCCCATCATTGACGGTATTGTGGTGAAGAATGCTGTAGTGAGATCTAAATTTGGCGGTGATTTCTTGGATTTTCAAGTACACGAAAGGTTGGCTCCACTGATTAAAGAAGAGAACGACATGGAAAACATGGCCGACGAGCAAAAAAGGTCCACCGACGTTTGGTACGAAGCAAGCACGTGGATTCAGCAATTCAAGTCTACTATGTTGCAAGTAAGCGAAAAGGACTTGTTTGAGTTGGAAAGGTATTACAAAGAGCAAGCAGATATATACGCTAAGCAACAGGAGCAGTTAAAACAAATGGATCAGCAACTTCAGTACACGGCGTTAACGGGAAGCCCCAACAATCCGTTGGTTCAAAAGAAAAATTTTCTATTCAAGCCATTAAACAAGACTTTAACCTTGGACCTTAAGGAGTGCTACCAATTCGCAGAGTATCTCTTCAAACCTCAACTGATATCAGACAAATTCTCACCAGAGGACGGACTGGGACCGCTAATGGCAAAATCAGTCAAGAAGGCCGGCGCTAGTATAAATTCAATGAAGGCCAATACCTCCACCAACCCAAACGGATTGGGTACAAGCCATATAAACACCAATGTTGGCGATAATAACAGTACTGCCAGCAGCAGCAACATATCACCAGAACAAGTATACTCGCTACTGTTGACGAACGTCATCATCACAGGATCTACCTCTCTGATCGAAGGTATGGAGCAACGCATAATAAAGGAGCTGTCAATCAGGTTCCCGCAATACAAATTGACAACTTTTGCCAACCAAGTCATGATGGACCGTAAAATCCAGGGATGGCTGGGCGCCCTTACAATGGCCAATCTGCCATCATGGAGCTTGGGAAAATGGTACTCTAAGGAAGATTACGAAACGCTGAAAAGAGACAGAAAGCAGTCGCAGGCTACGAACGCAACAAACTAGTGGTAAGGCGCAAATATCCAAAAGGGATTGTAGGCGGCTAGAAGGAGATGAGATCTCGACCCATTTTTCTCAGCGCCGGTAGTAGCTATCAGTAAGGAGTAAGCGGGTTTCCTTCAAGATTCAGTCCACCCCCTACTTTGAGTGAGGGACATATAAACAAACGCGATAACTCGATGAACCCATTCTAATATAAAAAAACTGTATAAATAGTTATATAGAGATGAACTCTAAGCTAGTGAGGCCCACTGTAAACAGCCATTTTTCAATATGCGCTACCCGGCGGCGGAATATCGTCCCAGCTACATGATAGCCGCTTTTTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:641884-643516

CATTTGTTAGTGTAAGCGGTCAGGTGTAAGTAGTAGGCTTGATAATGAATTAAAGATGACTCCGACGCATATTGTTTGCCATGTTTTTATTTTAGTTTGTAGATTTCTTTTTTTGTAATATATAAGGGAGTGATTCTATATATCGAATTCTCAGGCTTGGTTGGTTCGTAGGTTGTTCTGTCTTTGTTTTCGTTAGGTAAGAACATCACACAAAGATAACTATAGAATCACATACATATTTGTGAGAAATTAACTTCATTTCATTTATAGAAGAAGTTCAACCGAAACAAAAATTAAACATAATATAATATAATATAATCAAAAATGGCTGAAGCAAGCATCGAAAAGACTCAAATTTTACAAAAATATCTAGAACTGGACCAAAGAGGTAGAATAATTGCCGAATACGTTTGGATCGATGGTACTGGTAACTTACGTTCCAAAGGTAGAACTTTGAAGAAGAGAATCACATCCATTGACCAATTGCCAGAATGGAACTTCGACGGTTCTTCTACCAACCAAGCGCCAGGCCACGACTCTGACATCTATTTGAAACCCGTTGCTTACTACCCAGATCCCTTCAGGAGAGGTGACAACATTGTTGTCTTGGCCGCATGTTACAACAATGACGGTACTCCAAACAAGTTCAACCACAGACACGAAGCTGCCAAGCTATTTGCTGCTCATAAGGATGAAGAAATCTGGTTTGGTCTAGAACAAGAATACACTCTATTTGACATGTATGACGATGTTTACGGATGGCCAAAGGGTGGGTACCCAGCTCCACAAGGTCCTTACTACTGTGGTGTTGGTGCCGGTAAGGTTTATGCCAGAGACATGATCGAAGCTCACTACAGAGCTTGTTTGTATGCCGGATTAGAAATTTCTGGTATTAACGCTGAAGTCATGCCATCTCAATGGGAATTCCAAGTCGGTCCATGTACCGGTATTGACATGGGTGACCAATTATGGATGGCCAGATACTTTTTGCACAGAGTGGCAGAAGAGTTTGGTATCAAGATCTCATTCCATCCAAAGCCATTGAAGGGTGACTGGAACGGTGCCGGTTGTCACACTAACGTTTCCACCAAGGAAATGAGACAACCAGGTGGTATGAAATACATCGAACAAGCCATCGAGAAGTTATCCAAGAGACACGCTGAACACATTAAGTTGTACGGTAGCGATAACGACATGAGATTAACTGGTAGACATGAAACCGCTTCCATGACTGCCTTTTCTTCTGGTGTCGCCAACAGAGGTAGCTCAATTAGAATCCCAAGATCCGTCGCCAAGGAAGGTTACGGTTACTTTGAAGACCGTAGACCAGCTTCCAACATCGACCCATACTTGGTTACAGGTATCATGTGTGAAACTGTTTGCGGTGCTATTGACAATGCTGACATGACGAAGGAATTTGAAAGAGAATCTTCATAAGCATAATACAATGGTGCAAAATTTTTTTTAGGCAGGAACTAATCTACTAATAAACTAACAATAATGCACAGGAAATATTAATGATTTATTTATTTATTTTACTACTATATTACATTACTTTTTTACATAAAAAATTTCCCATCTCACGATCAAAAACAGGCATGAGAAAAAATCAAAATTTATAAAATTAATTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:643680-645047

GAGAGCTTTTTCTTCCCAAACCAGACCAGGAAAAAAAAAAAGGTTTGATAATGAAAAAAAAAAAAAGTATTGTATATGACTGTTTTCCTGATAAAAGAATGCCTGCAATAATTCAAAGACAAGAGATATAAAAGTGCACTGGCGATTTCAGGAACAATGGGCGCAACCAAAATTTTAATGGACAGTACTCATTTCAATGAGATCCGTAGTATAATCCGTTCGAGGTCAGTGGCATGGGACGCCTTAGCCAGATCTGAGGAATTGAGCGAAATTGATGCGTCTACTGCAAAAGCGTTAGAATCCATTCTGGTGAAGAAGAACATTGGTGACGGTTTATCATCTTCGAACAATGCACATTCCGGGTTCAAAGTGAATGGCAAGACGTTGATACCATTAATTCACTTACTTTCCACCTCAGACAACGAAGACTGCAAAAAATCTGTGCAGAACCTAATAGCTGAATTGTTATCGTCTGACAAGTATGGAGACGATACCGTGAAGTTTTTCCAAGAAGACCCCAAGCAATTGGAACAATTATTTGATGTGTCACTCAAGGGAGACTTCCAGACTGTGCTAATCTCTGGGTTCAACGTGGTCTCACTCTTAGTGCAAAATGGGTTGCACAATGTGAAACTAGTGGAAAAGCTGTTGAAAAACAACAACTTGATCAATATCTTGCAAAACATTGAGCAGATGGACACTTGTTACGTGTGCATCAGACTATTGCAAGAACTGGCCGTGATACCAGAGTATCGTGACGTGATATGGTTGCATGAGAAGAAGTTCATGCCCACCTTATTCAAGATCCTGCAACGTGCCACGGACTCTCAATTGGCCACGCGGATAGTTGCAACAAACTCCAACCACCTGGGTATTCAATTGCAGTACCACTCTTTACTATTGATATGGTTGCTGACCTTTAACCCAGTTTTTGCAAACGAGCTAGTCCAGAAATACTTGAGTGATTTCTTGGACCTCTTGAAATTGGTTAAGATAACCATAAAGGAGAAAGTGTCCAGATTGTGCATATCCATCATCCTGCAATGTTGCTCCACGCGCGTCAAGCAGCACAAGAAGGTGATTAAGCAACTTTTGTTGCTCGGCAACGCGTTGCCCACCGTACAGAGCTTGAGCGAAAGAAAGTATTCCGACGAAGAATTGCGTCAAGACATCAGCAACCTCAAGGAAATCCTAGAAAACGAGTACCAAGAATTGACCTCCTTCGATGAATACGTCGCCGAATTGGACTCCAAGTTGCTGTGCTGGTCTCCACCACATGTCGACAACGGTTTCTGGTCCGATAACATTGACGAGTTCAAGAAGGACAACTACAAGATCTTTAGACAATTGATCGAACTCTTGCAAGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:645810-646286

TAGATTTCTCCAATAGCTCAACTCTCACAATTGTTTCCTCTAGTCCTTGTAAAATATAAAAAATCATCATCAAACAAGCAACTACAAAACAGCTTTACTGACAACTCACACAAATAACACAAAAAACAAAAATTTCAACAATGGTCGCCTTTTTAGAACTAACTTCTGACGTTTCTCAACCTTTTGTCATCCCATCTCTTTCGCCAGTCTCTCAGCCAAGCTCAAGAAAGAACTCTGACGCAAACGTCGATGACCTGAATCTGGCTATTGCCAATGCCGCTCTTTTGGATGCCTCTGCTTCAAGCCGCTCACACTCCAGAAAAAACTCTTTGTCTCTGTTGTAAGTGTTGTACACGAGAATTAGCACACTATTAGCATAAAAGACACTTGGCATCTTTACTTACTTGGGCAAGTAAGTCACGTACTTTTTTTTTTTTTTCCGGAGCATTCATTGTCATTCTATCTGCACTTTCCCGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:646356-646898

TAATATAAATACTGAGAAAGTAAAAAAATTTAAAATATAAAATAATAAAAAATTTACTATTACTATAATTGATTAATGTAATCTTTCTTTGTTCAACCGTGCTGTTTAGCCTCCTTCTCGAGAGACACGCGTTTACCGTCGCTGTCACTACATCCACAATCGTAGTCCTCCAGGATGGTAGCACAGTCATATATGTCTTTCTTTAGGTATTCGTTCACCTTGTTGTGAATGTGGCATCCCCACATTGCGGCAGCCGTCCTGCTAGATGTCTGTACGGGATACTTCTCAATCAACTTTACAAAGTGATATGAACATTCCCCGCATGGATAGAGTTCTGCATACAACCCAATAAACGTGTGCAGTTTCTCTCTTTCTTCAGGAGTAGGCTCGTCCGGAAAACGGGCCAGCAGGGTATGGAAGTACTTCCACGACGCCCTGCCCACTTCCTTCTTCACCTTGTCATCGCCCATCAATGGCATAATGGTTTGCTTCTCGATCTCTTTCAACCGAGCGTCGTTCTTCTCAGCAGCCGCCCCTTGCACT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:647271-648395

GGGCAGCTTTAGACACAACAGCTCCCCAGAAAAAATGTCCAAAAGAAACACTCCACCGCTCAGATCATCAGGGATAAACACTATTCAAATAAATGCTGCTAGAGAAATGCACGCTCAAACGGTGCGCGCTCGAAGAATGCCCATGCCAACTAGCGGCATCACTACACCCTCTGTGCAACCAACTGCAGCCCCAGCAACACCACCTCGACATATTTGCAATAACCCAAACAATCCGCAGTGTCTCCACTGTGGGTCTGTTATCATTCCATCTCCAAGGGCCACGTTACCCTTGGAGGACAACCCCTCCATCTCCATCAACGACTGGACCATCTCCTCCAGAAAGAAGCCCATTTTGAACTCGCAGGAATTAGACATCTGGGAAAACGAAAAACTCAAAGGTTTGACTTTGCCAGAGATGATTTTTGGTAACAACTACATCAGGATCGAAAATTCAAAACAGCATTGGTCCATAGAGTTCAATGCCCTGGATGCTTTAAAGGAGGTTCAACTCCAGGATTCAGGTATTCGTGTTGCGTACTCAAACGACTGGATAAATTCTAAAAAAAGACAAAATTCAACTAATGGTGCGCAACGGTTCACTAACGATGTGAACGACGATTCCTTAAATATCATACACAAGTACGACTGGACCTACACTACGCGGTATAAGGGCACAGAGAGCTCACCTGAGTCGAAATTCCGACTGGATAACGATCAAAAGCTGCCCCTTGACAAACTGGCCGTACACGATAAAATCCTATTCTATGACGACATGATTCTTTTCGAAGACGAATTGGCAGACAATGGCATATCAATCCTTAACGTCAAAATAAGAGTTATGAACGAAAGGTTACTGCTGCTGAGCCGGTTCTTTTTAAGGGTGGACGATGTTCTGGTGAGGGTCTACGACACCAGGATTTACGTGGAGTTTGACGAAAACGTAGTGATCAGAGAATCCAAGGAATTTGAAGGTAAATATCAGGATGTACTTGCTAAGCACCGGCTATCCCAATCTCACGACCCAAAAGCTGCCTTGAGAGATAGTAATTGGGTAGCACAGAACACGCCGATGATCAAAAGACAATGTGAAATAATTCAGTTCTAACAATCAAATATACAAAACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:648540-653791

GATGAACTTTTAGCATTTAATTAGTGGCAAACGCCTACCCCTCCTTCCCACTTTGCTGACTTACAAAGACACCACTACATTAAAGAGTATCTCGTGTGTTCTTCTTTTTTTTCCAAAAAAAAAAACTCCTATTATTTGCATAAACACACGTTCACTGGTACAAGATGTCTATTAATATTTGTAGAGATAATCATGATCCATTTTACCGTTACAAAATGCCTCCCATCCAAGCCAAGGTGGAAGGTAGAGGTAACGGTATCAAGACTGCCGTTTTGAACGTCGCTGACATCTCTCACGCGCTAAATAGACCTGCTCCATATATTGTCAAGTATTTTGGTTTCGAATTAGGTGCTCAAACTTCCATCTCTGTTGACAAAGATCGTTATTTAGTTAATGGTGTTCACGAACCTGCCAAATTGCAAGACGTATTGGATGGCTTTATTAACAAGTTTGTTCTCTGTGGAAGCTGTAAAAATCCAGAAACGGAGATCATCATTACCAAAGATAATGATTTGGTTCGAGACTGTAAAGCCTGTGGTAAGAGAACTCCAATGGACTTGAGACATAAACTATCATCCTTCATTTTGAAAAACCCACCTGACTCCGTTTCTGGTTCCAAGAAGAAGAAGAAAGCAGCTACCGCTTCGGCCAATGTTCGTGGTGGTGGGTTGTCCATTAGTGATATTGCTCAAGGTAAGTCTCAGAATGCACCTTCAGATGGCACCGGCTCATCCACTCCACAACATCATGACGAAGACGAAGATGAATTATCTCGTCAAATCAAGGCGGCTGCCTCTACCTTAGAAGATATCGAGGTCAAAGATGACGAATGGGCGGTTGATATGTCTGAAGAAGCCATTAGAGCTCGTGCCAAGGAACTAGAAGTGAACTCTGAGCTCACTCAACTGGATGAATATGGTGAATGGATTTTGGAGCAGGCTGGTGAAGATAAGGAGAACTTACCATCAGATGTGGAGCTTTATAAGAAGGCTGCAGAACTAGACGTCTTGAATGATCCAAAAATTGGTTGTGTCTTGGCGCAATGTCTATTCGATGAGGATATCGTAAACGAAATCGCTGAACATAATGCATTTTTCACTAAAATTTTAGTCACTCCAGAATACGAAAAGAACTTTATGGGTGGTATTGAAAGATTTTTAGGTTTAGAACATAAGGATCTAATCCCACTATTACCAAAAATTTTGGTACAACTATACAATAATGATATCATCTCGGAAGAAGAAATCATGAGATTTGGTACCAAATCATCCAAGAAATTTGTACCTAAGGAGGTATCCAAAAAGGTTCGTAGGGCTGCTAAGCCATTCATTACGTGGTTAGAAACCGCTGAAAGTGACGATGATGAAGAAGACGACGAATAGCTTAGGAGGGGGCAAAAGACTTATGTGTAAATTATTATATGACATGGCGTAAGATAAGGATTATGTTCTGTTGTTTTTGAGCTCGTTGATGTATAGATATGTAAATATTTATAAATATAATATTTCTTCCAAGTGCGACATACTTGGTACTGGCAAAAAACAAAGATGAGACTTTTAAAGCCACTGATTGATTGATTAATTATTAAGTAAAAAAAAAAAAATAAAATGTCGGTGTAATTTGGCTCCACGATCGCATGCGTATACATAACATGAGATTACCGAAGATTTTTCTGAAAGGTAATGCATTATATTATAATCATTAATAGAAGTAGAGCCTAAAGCCTGTTGAAAACTTGTACAATAGAGGAAAAAAAAAGGGTCATTAATCGTCATGTTTACCTAAGAGCGTCTAAACTTTTTGGTATTCTTCTGGGGTAAACGTAAAAACATTGCACCAAGGGCAAAATTGAAAAAAAAAAAAGTTTAATAGAACAGAATGATTAAAATCATTAGCTAATATCCGTATGACCTGTAGCGGTACAAACTTGTATCATTATTATTATTATTATTACTATTATTACTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTGTTATTGTTATTATTATTGTTATCATTATCATTATTGTTGTAGTTATTGGTATTATTATTGTTATTATGACTCACTGAGCGGCTTAGAGGATTCATTTGACTCGAATAACCAGAATTATTATAATTGTTATTATTATTACTTACATTTGGTAAGTTAACTATAGGTAGGGATAAATTTGTTCCATTAGCAATTCTAAATGAATCAAATTGTGAATTCAATTCATCTAATCCGTTAGAATTACCGTTCTGATTTTGATTTTGATTTCCGGAGTACACCACTTGTTGATTGTTGAAGTAGGAATTTATTTCACTCATCGGGGCTGGGTTAAAGTTCAATGCTGGCGTTGGACCTGCATTGTTCATTTGTATAACGCTATTATGCCTTGAATTTGAACTTCTCACACTGGAAACAGAAACGCCTCTGGCGCGACCAGGAGAATGAAACCCCTGAGGATGCTGTTTACGATGATTCTTGGAGGATTGTTTGGGTGATATTCCTGCTGATGATAGCCCAACTTCCTCCAGTAACTGGCGACTTTGTAAATTGATATTGGAATTTAAAATCAGTTGACGAATCTTTGTTATAGCTTCATCTCTAACGCTATTGTCAAGAATTCTCGAGGTTAAAACCTTATAAATAAATGTTGGACCATAATTACCCTCATCTAGTATCTGGAACAAGATAGAATCACTAGAAATTGGACCATCAAATATTGCATGGATAATTTTATTCTTCGACAGTGCCTCTTCTTCACCACCTCTTAAATTGAGAATCTTTAAGACAGTAAGAGAGCCTAATTTATGACAACATAGTTTAACCAGATTTTTATTTACCAGTTTATCACATAAAATCAAGTTCTTGTTAGGTAAAGTGCAAGTATCCAATAGCCAAGTGATCAGTAAAGTGCCATTCGTATCCGTAGCTAGATAAGGAGAAAGCACAATTATCAGTGAAGTGATAGTCAGCAATTGGCATTGGGTAATAATGGAATCTGCTTCTAGACAAGCCCTTACAGCACGAGATCCATACCTGTTTTGAACTATTGTCCAAAAATGAGATAAAACGCTTTCAAAAATGAAACTATTCCAGGGAAAACCAAACTTTAAAATACCTTGAATAACATAATTTCCAAACTGGTCGTTGAAGAGTGGAGTACAGTAATCGCTTACACCTGAAGTTACAAGATTTATCTGCCTTGGCGTGTTTGCCATTTTGATGATCTTCTGACAAACCCAAGTACCGTTTTTGTGAACACCCATAGATGTGAGATATTTATTACACTTCCTCAACATAATATCCCTGATGATATTTGACGAGTTTTCAAACAATTTTTGAATAACGGTATTACCCAAATAGTCTGAACTTAATTCTGGTAATTGGTCCAGCATGACGATTGCCAATTGCTCCATTTCAATAGTAGATAATGAGTTCGAGTCAAACTGCTTTCTCAGTTCCCGCAATTTTGGTGCATCGAACGTATCCTTTCTCTTTGGAACTTTGGAGTTGTGCTCAGGCAGGGGACCAAAATAATTTGTATCAGACACTCCTTTATTTTTCAAGGCATTCTGCAAGAGATGATTCAACTCTAGATGATCATATTCTAACTTAAAAGAACTTATAGTGTGTAATATATCCTTTTTACTATCCGATAATGATGGTGGAGGCAACGGGAAAGGGTAAGGTTCATTTTCGTTTGAAGATAATTGCAGATGGCTCAAATTCTGAGTGGGATTACAATATGTAAGATTTGGTTGATTAAATGAAGTTGGTTGTTGTTGTAGCTCCGGCTGTTGTAGCGATTGTTGCAGCTGATAATTGAGCACCCCGTGATTCAACTGTTCTTGCAACAGCGGTTGCTTGGGAGTGTTGTTGAAGCCATTAACGTTAAGAGGTTGTTCATACATGGGTAAGACTCGCGCAAAAGATACCGTACTTGGTGCCCCTACTTTAGACAGTTCCTTACCTTGTAGAGCTTCCAAAGCACATATTGCACTTTCAACTGTGGAAAACTCTACTAATGCCATATTCAGGCCTCTTAGTGTCCTCGCAGAAAGCACTTTACCATACTGTGAACATAAAGTCGCTAAGGAAGTACTCGTCAAATTTACAGCGTTCTGTTGATGTTGTTGAGTAGGCTGTAATGGAAACACGTTTGAAATAGATATTGTGTTAGTGGGCAAAAGCGCCGATATTTGATTGACTAGTGGTACTTTTTGGTTTGCTGTAATCCAATTTATCGAGGCTGGATCGACGTCATCAAGGATAACAGGGGATATTGAAGTACTTTTTGGAACTCTAGGAGGCACTTGAACCTGGTAATTCTGTGCAGGCTGTTGATAGTAGGGCGCGTCAGTATAAACCCTGTTTGTGGTAGATTGAGATTGAGAGCGCTGCCTGTTAACTATCGGAGTATTAAGGTGGTCAGTGTTACTATTTCCTGCACTCGACCATATGTTTGGATTCCCATTTTTCTCCAGAAAACTGTTTAGTTGAGCTGTTTGAGGCAGCGTATAATTATCAGTGGACTTGAATCTAGTCAATGGCTCAAAATAAGAAGTGGCGAGAGGATAATCAAACAAAGGACTGGAAGAAGTATTACTTTCTGCATTAGCACTCCAAATATTTGCACTCGTGGCATTGCCCACATCAGTAGTCAAAGAAGAACTTGCAGTGATCTGAGAAGATACTGTGTTATTTCTTGTTCTTGTTCTGGTCGTAGTAGACTGTAATGACAGCGGAGTAGCCACCGTAAAAGAATCGCTAGACACTCTGGGAGCGTATGTCGTGGAATTTAAACTGTCTGGAGTACTGCTCGTAGGAGGCACAACAACTACAGGGGTACTCTTCTTTGAATGGTGTAGCTTAGCGCTAATCGAAGGGAGTAGATTGGTTAGAGTATCTGAAAACCTGCCCGCACGAGTACGATAGGAGCCAATTTTCTGTGGGGAAGTGGAGCTAGAACGACCTCTCTTGTCAGAGACTCTCACAGAACGAGCATTTGTATTCATGCGTGTATCATTTCTAATATCCTCTTCATAAATTGGAATTGTAATTCCAGGATCTATAACCTCAGGAATGTTGGATAGGTTACCGTTATACAGTCTTTTGTTGTCCATCAGAATTCAGAAAACAGTAGCAAGGGACAGCGATAGTAGATATATCTCTCTAACAATGAATATACACTTAAGCTAGTAACAAATAATTGAATGGTTAGTATAGAGGAAAGTAAGTTATGCCGTTGCTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:654116-656543

TTTTAGTTCAGACAGTAGTAGCAAACAACAGGAAGACAACTGAGACAAAAATGTATGATATATTACGCACACGATTTACCGTTTGCTTGGAGGAGTAGTGTTTCGTGATGAAATAGACTGATATAGACAGAATTCCACAGACTTTTACGATATAAAGGGAAAAACATGAAGTTGAACACCATATCTCAAATGAATAGGATCACTGTAATTCGATAGGGTACAATTATGTGAAATGTCTGCTTTATGGGAACTTTCATTCATATACCTGAAGGTGGCAAACTAGTCTTACGAAACTGTTCAGTGCAGAGATAGAATTTTGTGGAGATGCATATAGGGAAACAAAGTGGAATTTATGCTTGTATAATCACCAATTCGAAACACTAAACCTCGACCTATTTAGAATTTCCTTCAAGATTTACTAACATATTTTGATATTTTTTCTTTTTTGAATACAGGGCTAAAAGAACTAAGAAGGTTGGTATCACTGGTAAGTACGGTGTCCGTTATGGTTCCTCTTTGAGAAGACAAGTCAAGAAGTTGGAAATCCAACAACACGCTAGATACGATTGTTCTTTCTGTGGTAAGAAGACCGTCAAGAGAGGTGCTGCTGGTATTTGGACTTGTTCCTGTTGTAAGAAGACCGTCGCTGGTGGTGCTTACACTGTCTCCACTGCTGCTGCCGCCACCGTTAGATCTACCATCAGAAGATTGAGAGAAATGGTTGAAGCTTGATTTTATTTTAATTATATGTATAAAAATCATAAAACAACTATATAATTAATTATAACTCAAAAACTTTTCCAGTAAATGTCTGTTTTTTGGGCAGGAACAATGGCCAATAGCTCACGTACTGTTCGTGGGGGCCTTAAGCCTGGTATCTAGGCTCTGATTTCCAGAAGAAAGTGACATCGATGAATGCACTCAAGAGATTTTATGTGTTGTGAATATGTATATATTTATTTAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCAAAATCATATACCTTAGGCATCCCGTTTCCCTCTTCATCATTTTTGTCCCTTTATATCAATTTTTTTAGACTTCATATAATTTTGTATCAACTGTACCCTACATCCCTTGGTATTCAAAATCTTGATATTACTACTTTTGCCATTACTGTCAGTGATTTGTTTGTTTAATATGAACTCCGTCAAGTTTTGCTCATTCAAGAAATTTGTTGTCTCTTCTATACTGTTGAAATTAAACTCACTTTTAACAAAATCTAAATTGACCTGGTTATAACTCTTACAAATTATGGTCAAAAATATCAACTTTTCTAGATTTAAGAATGAATTAATTAGACATTTTTCAAATTTGTGCAGTTTTAGGTAGTTTTTCATGAAGTAGTGATAATTGCCGACTAGTTTCATATCGCTCAACTCAAATATCATTTTGACATGTTCGTCCTCCAAGATTTCCGAAGAGCCATCGTCTATTAACTTAAGTTTTAAATGAGAAATCGACGGATAGTCTTCGGTTAACATCGAATACAAAACAGAATAGCATATAAATTCGGAATAAGATTTTTTTGGTATTGTAGGGTTTTCGAATAACGCCATAATCCTATTTTGACATTGATTAAATTCCCCAAGATCTCCGTTCTCCAAGGCAATACGTGCATGCGTTTGGTACACTTTAATAGTGAAAGAGTTCTCGATCATTTGCACTCTTAGGTCTTGTCTCATTGATTTAAACTGGTCGCAAAGGTAAGTATAAGTGGCTGTTTTAGATTGGTATTTGTCCATTAACAAGCAATACATTTTTTGTAGAATATTTGGGGGTCTGATCAAGTCAGGATTAGGCTCTGAAGTTAGTCTCAGATAAGATTTCTCTAGAGTTTGGCAACGCCCTACCACATGAATCTTTTTGTCATATTGATGAGATTTGCTACTAATGGCATTTAGGTTGGCAAAGTCTTCATTCAAATTATCGTTACTATTCGTCGTCGCTGATGGTCCCTGACTGAATCTTTCTGCCCTTCTCTTTCTTCTCTCTAATTCATCACTGCCACCCATTTCAACTTTCCATCCCGATGCCGAACCTACAGCACCATGCCCTACTATATTACTGTTGCTCATTACATTGCCGGATACCCCGTTAGAAAGGGCTGATGCCTTCTTAGATACTCTTGGTAATTTCTTTTTAATGTTTTTGTTCATACGTTTTTGTAATCCCGGAAGCGGTGTTACCATCAAAGGGTTAGAAACCTGGTTGACGTTGTTCCAAGATAAACGTGGTTCTGGCAAAGGCAGAGAAGGTTGTTGATTGGCAATGAAATTATTATTATTGTATGTCAGAGAAGGGAAAGATCCGGCGTAATCTAGGGGCCTATTCAGGCTTTGGCCGAATGGTCCTCCTTGAGATGAAGCTTCCCTGTCCTCCGTGGTATTGTTAGTAAAGTGACCGTAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:656788-657356

CATTTTGACAGATGACAAACAGTAGTGAAAAACAATGGGAAAGAATCCAGCAATTAGAAAAGGAGCACGTGGAGGTATATAGAGAGTTGTTGATCACGTTGGACAGGTTGTACTTGATTAGAAAACACAATCATGCGGTAATATTAAGCCATACTCAACAGCGCCTCTTGGAAATTAGACACCAACTTCAAATTAATCTTGAAAAGACTGCTCTTCTTATTAGACTGTTGGAGAAACCGGACAATACCAATGTATTATTCACCAAGCTACAAAACCTCTTAGAAGAAAGCAATTCTCTGGACTATGAGCTCTTGCAATCGTTAGGTGCTCAATCTTCATTGCACAAACAGTTGATTGAATCAAGAGCAGAACGCGACGAATTGATGTCAAAACTGATTGAGTTATCGTCGAAGTTTCCCAAACCAACTATACCGCCAGACGACAGTGATACTGCTGGAAAACAGGTTGAGGTAGAAAAGGAAAATGAAACGATACAAGAATTGATGATTGCTTTACAGATACACTCCGGATATACAAACATATCCTACACAATTTGATTTTTATCTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:657484-658976

GAGAGAGAAGGGATAAAAAAATATCTGCCAATGGAGGTAACTTCAATGTTTCTCAATAGAATGATGAAGACCAGGACTGGTCTTTATCGCTTATATTCAACCCTTAAAGTTCCACATGTAGAAATCAATGGCATAAAATACAAGACCGACCCACAGACTACCAATGTTACAGATTCAATAATAAAGCTTACCGACAGATCATTACATTTGAAAGAATCACATCCAGTAGGCATTCTTCGCGATCTAATTGAAAAGAAATTAAACTCAGTCGACAACACATTTAAGATCTTTAATAATTTCAAGCCCGTGGTAACCACAATGGAAAACTTCGATTCTTTAGGGTTTCCTAAGGATCATCCTGGAAGATCAAAATCTGACACATATTATATAAATGAGACGCACCTACTGAGAACACATACTTCAGCCCACGAATTAGAGTGCTTTCAAAAAATAAGAAACGATTCAGATAATATTAAAAGTGGATTTTTAATATCTGCAGATGTGTACAGAAGAGATGAAATTGACAAAACTCACTATCCGGTATTCCACCAAATGGAAGGAGCCACAATTTGGAAACGAACGAAGGCTGATGTGGGCGTAAAGGAGCCAATGTATATCGAGAAAATCCGTGAAGATATCAGACAGGTAGAGAACCTTTTAAATAAAGAAAATGTAAAGATTACGGTTGACGATGATACTATACCTTTGAAAGAAAATAATCCTAAACAAGAGTATATGTCCGATCTGGAGGTTGATTTGTGCTCTCAACATTTGAAGAGGTCCATTGAACTGATAGTTTCTGAAGTTTTTAACAAAAAAATATCTAGCATGATCAAGAACAAAGCGAATAATACACCCAAAGAGCTAAAAGTCCGTTGGATTAACGCTTACTTCCCCTGGACCGCGCCCTCATGGGAAATAGAGGTTTGGTGGCAGGGCGAATGGCTCGAACTCTGCGGATGCGGATTGATTCGTCAAGATGTGCTACTAAGAGCCGGATATAAACCTTCTGAAACAATTGGGTGGGCTTTTGGCTTGGGTTTGGACCGCATTGCTATGCTTCTTTTTGAAATTCCAGATATTAGACTGCTTTGGAGTCGTGATGAAAGATTTTCAAGACAATTCTCCAAGGGATTAATTACTTCCTTCAAACCTTATTCAAAACACCCGGGATCATTTAGGGATGTTGCGTTTTGGTTACCAGAAGATAAACCAGATATTCATCAAGTTCATGAAAATGATTTGATGGAAATTATCAGAAATATAGCTGGCGATTTGGTAGAGAGTGTCAAGCTAGTCGATAGCTTTACGCATCCGAAAACTGGGAGAAAATCTATGTGCTACAGGATCAACTATCAATCAATGGACAGAAATTTGACAAACGCCGAAGTTAACACTTTGCAAGACATGGTGTGTTCTAAATTGGTAAAAGAATACAGCGTAGAACTCAGATAGGGATACGGACTCAAACTAGTTGCAGGTGTTTTACCGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:659086-664815

CTACATAAAAAAAAAAAATTCGAAAAATTTCATGAGCCTTATTAACATGAAGATTCTAGTCAACAGTAGGCCATCTGTGTTTCCATTAATCGCTGCATGTCATCGAGCAAGAAAATCGTCATCCTCTATGGATCGGAGACAGGTAACGCGCATGATTTTGCTACAATCTTATCCCATCGACTACATCGCTGGCATTTCTCCCATACATTTTGCTCCATTGGTGATTATGACCCACAGGATATCTTGAAATGCAGGTACCTTTTTATTATATGCTCCACAACAGGCCAAGGTGAATTACCAAGGAATGTCAATGCATTAAAAGGTGAAAGACCCGTCACGTTCTGGTCGTTTTTAAAGAGAAAGAATCTTCCGTCGAATTTGCTCAACCATATTCAAACTGCCATGCTTGGACTTGGTGATTCATCTTATCCTAAGTTTAACTACGGCATTAGAAAGCTACATCAGCGCATTGTCACACAATTGGGTGCTAATGAATTATTCGATAGATTGGAGGCTGACGACCAGGCTATGGCTGGTAGCAATAAGGGTACAGGTCTCGGAATTGAATCAGTATATTTTGAATATGAAAAGAAAGTCCTAAGCTTTCTTTTAAGTAAGTACCCCAACAGAAAGGTCAATGGCCAAATAATTAAGAGGGAAGAATTGGACCCTGAGGTTTACCTAGAGCCAGCATCCTACCTACAGCTTTCAGACGAACATGCCAATGAAAAGTTCACTAGCACCAAGGTTATATTCGAAGGTGATGAATCGTTAAAGGTTGGCAGAGTTAATATAAACAAAAGGATTACATCTGAAGGTCATTTCCAAGACGTGAGGCAGTTCAAGTTTAGTAATGTGGACAAGATTCAAGAAAACTATGAACCCGGTGATACAGTAACCATATATCCTTGCAATACAGATGAGGATGTTTCAAGATTCCTAGCAAATCAAAGCCATTGGTTAGAAATTGCGGACAAACCATTGAATTTCACCAGTGGAGTTCCTAATGATCTTAAGGATGGTGGATTAGTTCGCCCGATGACTTTAAGGAACTTGTTGAAATATCACTGTGATTTCATGAGCATTCCTAGAACAAGTTTTTTCTTGAAGATTTGGACCTTTGCAACTGATGTAACTAAGATGGAACGTGGCCAAGAACAACTGAATGATCAAAGAGAAAAATTGCGCCAATTTGCTACTGATCAAGATATGCAGGACTTATATGACTACTGTAATAGACCCAGAAGGTCAATTCTTGAAGTACTGGAAGATTTTATCTCCGTAAAGTTGCCCTGGAAATATGTGCTAGATTACTTGCCCATCATTAAACCAAGGTACTACTCTATATCTAGCGGCCCTGGGGATCCTAATATTGAATTAACAGTTGCGATAGTAAAATATAAAACTATCTTAAGGAAAATTCGAAGAGGAATTTGCACTAACTACATTGCACGATTGCAAGAGGGGGAACAGATAAGGTATAAGTTACAAAATAATCACATAATCAAAAAGGAATTTTTGAATAAACCTATGATTCTTGTCGGACCGGGTGTCGGTCTAGCACCATTATTATCAGTGGTTAAAGCGGAGATATCTAAAGATATCAAACTCCTCTTCGGTTGTAGATATAAAGATAAAGATTATATTTATAAAGATATGCTGGAAGATTGGTTCCGTAAGGGCAAAATTGCCTTACATTCATCCTTTTCCAGAGATGAGGAAAATTCACCAGGTGTTAAATATGTCCAAGACTACTTATGGAGATTAGGTGAGGAAATAACTAATTTGGTAGTTAATAAAGACGCCGTTTTTTTCTTATGTGGCTCATCAGGTAAAATGCCTATCCAAGTCAGATTAACATTCATTGAAATGTTAAAAAAATGGGGCAATTTTAGTGATGAAGAAACTGCCAAAAAATACCTGAAAGAAATGGAAAAATCTGATAGATATATCCAGGAAACTTGGTAGTCGATAACAAGACTTATCGCATTATAATGTTAAATAGATACATAATTAAAATCTTGTCATTTGTGACAAACGTTTAGCACTGTTCAAACTCCCTGGTATGAAACCACAACCGCAGTGACCTGAAACCAAACTGAGCCCTTTGGTAGTCTAAATGGATTATTAGAGGGGCTATCTGCTACGAAATGTTCCAAAGTGACAATTCTGCCTACAAACCATTCTTTCCCCTTCGTCAATCCTTTTTCGTCCTTTAAAAAATATCTTGTGCTTTCTTCAAAAGCTGTAAATGCAGCCCAAGGCCTCATCAGTTTATTCTTGTCCCTGCCAGATATACTGGCTTGATTGATTACATTACTATGTATCACCGAGGGAGACGATTGTATAGACATAGCATCCAAAGGCGGTGGAGTTGATAAATCAACAGATGAAAATGATGAGCTCAATGATGAGGTGGAAGACGACATAGACCCGACAGAATTAACGTTTTCTCGTGTTGGCAAAAATAATGCTAAATCGCCAATTTGAAAGTTCCTCAAAGTCACCTTTTCCCTTTGGAATCTCTCCAATAGCGTTCTCTTGATCTTATTTTCTTTAGTTAATTTTTTGGCCAAGGTCTCAATATCCTTGAATCTCCTGATAACGGCAACTTCATAAAGCTTATTGTCATATAATTGAGTGATATTCCCCAGAAAAATGCTTTGCTGTGTATCCTTTTCAGATCCATTGGCAACTGACTTTATTAATTCATACTCATCTTTCAATTTCTGGAAAACCGGACTTTTTATTAGAGAATTATCATGTGCGTCCAGCATTTGTGTGCTTTCATCCAGTATATTACTTTGGGCGGTTCCCTTTTTCAATCCCTTGACTCGTCTAATTTGGATGTTATTATTATTGTCGAAGGTTAACAGCAACCCAATGTTCTCCAAAATGAAAATATTTGTCGATATTATATCAAATATTCTATCTTGCAGAGTCTGTGTGTATGCAGATATCTGGTTTTCCCTACCTGGGTCCTCAGCAAGAGGAATGGTTTCGAATTTCTCACCTTTTTCCATCGAGCTTGAGTTAGTCTCAGCGTAACTTTTCTCTGAAGTCACAATTTGTTTACCGAGCCTTTCAATATCAGCCTTCAACAAATTGACCTCTTGTTCATGCTTCTTATTAGATTCATCCAGATCCATTTGCAATCGTTCCCTCGATTTGCTAACATCATCATAGTCACCTGTTAGCTTTTCTATCTTTTCATTGTCTTGGCTAATTATATCATTCAATTGCTTTTTGAAAGAGGCATTGAGGGTAAAAATTTCAGTTCTATGCGATTGTTCTTCATTAGTTAACCTTGCCAATTCTTGATTCAAATTAGTCAAAGTTTCGCGATAAGCTGTCTTCTCCACCTCTAGATCACTTATTTTTTTCCCCATTTCCGAAATTTGCATTGATTTTCGATTATTTTCTTCTTTCAATAGTTGAAGTTGGTGTAATAGATCATCCACATTACTCTCTAACTCTTGAATTTGATGATTATTAGCTTGCGAAACACTATCAATGTTCACTTCAGAAATATTGGCAGGCTCTAGTAATACAGATGCTCCCAGGAATTTCTTCTTGTTTATACTCGTAGCAGAACCACGAAATGGCTTAAGATGGGTATTGAGAACACCTTGAGGCCAATGGCCTATGTCGGAATATTGAAACTCATGTAATAGCGATTCTAATTTTTTTATTCTTGTTTTGTATCCTTTGACTACATCATCACTTTTCAAGGCAATAGACCCTTCAGGGGAAATGCTATTGCCATTAGAACTATTATTGTTATTATTTTTGAAATTGGAATATATTATATGAAATCTCTTCGTCTCAAAAAGTGTTTTCGAAAGTAGATCAATGATCGGTTCAGAAACATCTGTTTCTTTAATTTGCGTCATATAATTATCAATGGCTTGCGATACTTTTACCAGGTCTTGGCGGTAATTTGCTATAGAATTCTCATTTTCATCTTCCTCATCTTCATTTGGTGGAGAAGTATGAGAGTGATATTCGTTTAGACGTTTGAAATCAGAGGAAGACAATAGATCTTCGCAAAAAACAGTCGCGATGGAACCGAAATTTTTAACCCATTTATTTCTTGTTCGTAATTCATTTTGTTTGAACAACTCTAAATCTTGATTAAAATTTGAGATAAATGACAAAATTTGTTGGAACCATGATAGCCTACGATATTTTTCGATTAAATAAAGCCCATATATCAGAGGCAAATCTTCTACCTGTGCAAATTCTACCTCATATTTCTTGTATAGCTCTAAATCTTTATTACATTCATTCAATAATAGTCTTTTAATACCTAGGATTTCCATCTGGGTGAATGCTATGTTACCCAAAATGGCTACTGCATGCTTTTGTAGACTTTTTTTTAAATCTATTAGTTCTCCTATTTGTGAATACAGCGCTTGTGATATAGTGAAGAGAGTTTTCACTGATTCTTTTTTATCCTTTTCCAACATCACATTCATGCTTTTCAAAAATTCTTGACTATTGAATTCTTCTTCTTCTTTATCAAGTACATTTCTGCTTCTTGTTCGCATTTCTGATACCAGTACCTCAAAGCTCTCTGCCATTTGGTCTTCAAGCTCGAATTTAGATTCATTCGGGGTAAACATTTGCCGCAGTCGATCGATGTTTACTGTTATAATATCTCTAAAACTTGCATTTTCGTCAATTTCCCTCTTAATTTTATTCAGCTTACCATTGATTGAATGATTTAGAATCTTTACAGATTTTTCGTTCTCCAGGAGAGATTCAATATTAATGAACTTTTGTAAAGAATCACCCTCTAAAGCAGTCAACTTACTCAAGGTGTCATTGAAGCATTTTTCCCATTTTGAAGTCATACCATTGTCTACCAGCTGATTTAAAAATTGAACGTTTGAGTTATACAAACTTTCTACATCAAAGCAGTACAGCTTCAAATATTGTGAGCAAACGGTTAAGCCATCAAAAATACGCTTAATATGGGCTATTATGTCTGGTATGAGGCTCTTAAAATAATGTACATCTATTTCTAAAGCGCTTAGCCAACCAAGGTTCGTCGTCAGTAAGCTAGTTACGGAATGGTAATTTAAACGCGAAAGATCTACGTCTGCGTCCTCCAAAGGCGAGGGCATAGGCTTGATCATAATAGTATCGCTACCTTGGTATTGAGATATATGACTATTCTTAATTAAATATTCCAGAGTCTCTGTCAAGTCGTTGGAATTAGGGGAGTTCATGGGATTAGAATCCTTAGACGTTAAAAGATTTGTTGGTGTCGGTTTACTAACAAGTGAGAATAGTCGTCTGTCGTAAACGTAAAAATCATTTAGAGTAAAAGACCTATTAATAAGCAGCTCTTTAAACATCGACGGTTTTAGTTTGTTACCATAAGGTAGTAGAATCAGCAGCTGATCGGGAGGAATCTTCCATTTCCTAGCAATGAACTGTTTAAATTTGTCCAGGGAAACGAAAAAATCAACATTCGTAGTTATACATTCTCCAGATATTGCATTTATGATAGTGGCTGTTGTCTGCAGTGGTGTTATTTCTTGCTGGGTAGGTGCAGTGCTATATTCATCAGCGTCTGCCATGATGTATAAAAGAAAATAAAAGAAGTACTTTCCGAACAACAACAGTACACTAAAATAATCGTTGTTCAAAGGAGGACTACTTTGGTTCTGATTTGAGAAAATGGTACTCAAATAAGGGCATCGCTATTATATAGTTCCATTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:664913-665399

TACAAGATAAAAAAGCCACTACTACAGAAAAGGCGTTGGGTCAGGACATGGAAATAGTGTACAAGCCATTGGACATACGTAACGAAGAGCAGTTTGCTAGTATTAAAAAACTAATAGATGCGGATCTATCAGAGCCGTACTCGATATACGTATATAGGTATTTCTTGAACCAATGGCCCGAGTTAACGTACATTGCCGTTGACAACAAGAGTGGAACGCCTAACATACCCATTGGTTGCATAGTGTGTAAGATGGACCCGCATAGAAACGTGAGACTGAGAGGATATATAGGAATGCTAGCCGTAGAGTCCACATACCGCGGGCATGGCATAGCAAAGAAACTAGTGGAAATTGCCATAGATAAAATGCAAAGGGAACATTGCGATGAGATCATGTTAGAAACAGAGGTGGAAAATTCGGCGGCTCTAAACTTATATGAAGGAATGGGTTTCATCAGAATGAAACGGATGTTCCGCTACTACTTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:665544-665831

TTTATTTATTTAATCATATGTATAGATATAGAAAAAGGGCAGTAGAGAAAAGAGGAATAGAAAGGAGAGAGATAATAAAGCAAGTTTCAAAAAGAACAAGAGGAAAAGAAATTAAATCACACAGACAAAAACGCGGGGAGGAAGTATCCCTAAGCCAAAGTGGCGTTATATAACTCCTTTTCGGATTCATATCTCTTCTTATCGGCCTGGGCCTTGGCCTCGTAAGGCTGCTTTTCCTCTGGCGTTAGAGCCTTCCACTTCTCACCCAACTTCTTGCCGACTTGTCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:666256-667439

GTAGACGTGCTCAACGCTCCAAGAATGAATTGCACACTTACAGATAATACCAGAGCCATAAATGTGGCCTCCAACCTCGGTGCTCCTCAACAGAGGACGATTTTTGCCAAGGAGAGAATATCCATCCCAGGATACTACGAGATAATCCAATTCCTGGGCAAGGGAGCCTATGGGACAGTGTGCTCAGTGAAGTTTAAGGGTCGAAGCCCAGCTGCTAGGATAGCGGTAAAGAAGATCAGCAACATCTTTAATAAGGAGATCCTTTTGAAAAGGGCCATCCGTGAGCTAAAATTCATGAACTTCTTCAAGGGCCATAAAAATATTGTAAATCTAATCGATCTAGAGATAGTGACCAGCTCGCCCTATGACGGACTGTATTGCTACCAGGAACTGATTGATTATGATTTGGCAAAAGTCATACATTCGTCCGTGCAGCTCTCGGAGTTTCATATCAAATACTTTCTTTACCAAATCCTGTGTGGGCTAAAGTACATACACAGTGCAGATGTCATCCACCGAGATTTGAAGCCTGGGAACATATTGTGCACATTGAATGGCTGTTTGAAGATCTGCGATTTTGGTCTCGCTAGGGGTATTCATGCCGGATTTTTCAAGTGTCATTCCACTGTGCAGCCCCATATAACCAACTACGTTGCTACAAGATGGTATAGGGCGCCTGAGCTGCTTCTTTCCAACCAACCGTATAGTAAGTCCGTAGACATATGGGCTGTAGGGTGCATTCTTGCAGAATTCTATGCTCGAAAGCCTGTTTTCATGGGGCGTGACTCCATGCACCAGATATTTGAAATCATCAAAGTCTTGGGTACTCCTGATAAAGATATTCTGATCAAGTTTGGCACCATTAAAGCTTGGAATCTAGGCAAAAACAGTAATAACCCTGTATATAAAAAAATCCCATGGTCCAACATTTTCCCCTTTGCCTCGCATGAAGCAATCAATCTCATAGAGTCATTACTTCATTGGGACTCAACACATAGGTTAAACGTGGAACAAGCTATATCACATCCGTTCCTAAACGAGGTGCGGAAGCCAGACGACGAGCCTGTTTGCCTTCAGGGTCCTTTCGACTTCACCTATGAATCCGAGTTGAATTCAATGTCCAAATTAAGAGACTACTTGGTTGAAGAAGTGAAAAATTTCAAAACCGATTTGTCCTCCTCGTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:667572-670961

TAAGTATACAACTAAACAAAGTCTGCTACTTGTTAAATATAGGAGTATAAACAAGATAAGCTTGCTACTTTTTCAGCACAACCGCCACCTCTCGATTGCATACAATGGATTACCTAAAACCAGCGCAGAAGGGGAGAAGACGTGGTCTTTCCATAAACAGTCTTTCGGAGACTCAGCAATCTGCTATGAATAGTTCCCTGGACCATCTTCAGAATGACTTAAACAGGATAAATCTTCAATGGAATAGAATACTGTCGGATAACACTAATCCCTTAGAACTAGCGCTCGCATTTTTGGATGATACATCTGTAGGTCTGGGCCACCGGTATGAAGAATTCAATCAATTAAAGTCACAAATTGGTAGTCACTTACAAGATGTTGTTAATGAACATAGCCAAGTGTTCAACACTAATGTGGCTTCTTACGGAAAAGCAGTCAGTTCGATCATGCAGGCCCAAGAACAGACTTTAAATCTGAAAAATTGTTTAAAGGAAGCTAATGAGAAAATCACCACTGATAAAGGTTCTTTACAGGAATTAAATGATAATAACTTGAAGTATACAAAAATGATTGATGTTTTAGTCAATATTGAGGAGTTATTACAGATACCCGAAAAAATTGAGGAGAACATTAGAAAGGAAAATTTCCATCAGGTGCAAATTCTCCTAGAAAGGGGTTTCATATTAATGAACAACAAATCTTTGAAGACAGTGGAGATTTTAAAGCCTATAAACCAACAACTTGAGTTACAAGAACATTTACTTTTCAACAATCTGATTGAAGAAATTCACGACATTATGTACTCCAAATCTAACAAAACAAATTTTACTCGAGTAACCAATAATGATATATTCAAAATCATAAGCATTTCACATAATGGATTTACGAGTTTAGAAAATTACCTGTACAACATAGTCAATATTGATATTATGGAACACTCAAAAACGATAAACAAGAACCTTGAACAATTCATTCATGACCAATCGTTAAATAAAGGAAATATCATGCTACAAGAAAATGCTGCGACTCAAGCACCATTGGCACCATCTAGAAACCAAGAAAACGAAGGATTTAACAGAATAGGGTTCCTACTAAAAACCATAAATAACATCAATAAATTACCTGTTGCATTCAATATAATAACAGAAAGGGCTAAAGAGGAGATTCATAATATAATTGTTAAAAGTACCGAATCAATACGTTCGAAGCACCCTTCTCTGCTTAAAATGGCTACTAGTTTAAAGAATGACAACCATTTTGGCCTACCCGTACAGGATATACTATCGATCATTTTAAGGGAATGCTTTTGGGAAATATTTTTGAAATTACTGTATGCTATTCAGTGCCATAGGGCTATTTTTGAAATGTCAAACATTTTGCAGCCAACGTCTTCCGCAAAGCCAGCTTTCAAGTTCAATAAAATTTGGGGCAAACTGTTAGATGAAATAGAATTATTACTTGTGAGGTACATCAATGACCCTGAATTGATATCCAGCAATAACGGTAGTATTAAACCAATTAATGGCGCGACAAATAACGCACCCACTTTACCTAAAAGGAAAAATCCTAAAATTTTTTCTTTGGAGTATAACATTGAGGACAATTCTTCTGTAAAGGATCAAGCTTTTGAACTAAAGGCTTTGTTGAAAGATATATTCCCTGGATTTTCTGTCTCCTCAAACATGGATTTAGACTCTATTTATGTAAAAGATGAATCCTTCGAACAAGATGAGCCTCTAGTCCCTCCTTCTGTTTTCAACATGAAGGTAATTTTAGATCCGTTTTTGCTGTTTACGCAATCGACATCTACAATTGTTCCCAGTGTCTTAACACAAAATACTATTTCATCCCTAACCTTTTTCGATGATTATATGAATAAAAGTTTTCTCCCAAAGATTCAGATGACTATGGATTATTTATTCACGGTTGAAGTAGAATCCAATAATCCGTACGCCTTAGAGCTATCCGATGAAAATCATAACATTTTTAAAACAGCATTAGATTTTCAAAGGTTATTTTACAATTTATTGAATGTTTTCAACACAGCAAACACATTTAGAGAAAAAATATCGTACTGCATTCTAGATCTTTTGAATCATTTTTATAATTACTACTTGGGGCTATTTAATTCCTTGATTGGTACTTCTGATAGACATTTAACTAGGAAAATAATTACGGCATGGTTGCAGAATGGTATTTTGATGGATCAAGAACAAAAAATTCTGAATGGGGATGAGACACTCTTTCATGAAGAATCCATAGAGTTATTTAAGGAAATACCTCATTTCTATCAAGCGGGTAAAGGTTTGAGCAAATCTGATTTATTCAATAACTTGACATTGGACACAATTCTGCAGTTTTCGGCAAGCGTGTTATGGATATTAAACTGGCTGCCAGGCTTAAAAAAGGCTATCAATATTGATGAAGTAAGCCAAGAACCCATGTTAGATGCTGATAGATTAAGGAGCAGCTGGACATTTTCTGAATCAATGGATTTAAACTATTCGAACCCTAGTTCCAGCCCAAATTCATTAGGAAATCTAAAAATTTTATTGGATGATAAAGCCTCCAAAAAATTTGATGAGACTATCGACGGATTCAAAACCTTGAAATTCAAACTAATCACTATACTGAGGTTCAACATTAGGGCCTTGTGTATATACGACATCGGGTCTTTTTTTCAAAACACCAAAATTTGGAATATGGATGTGGGTAGTATTGAATTAGATCAAAATATAGCTTCTCTAATTTCCGAATTAAGAAGGACTGAAAGCAAATTGAAACAACAGTTACCAGAAAAGGAAAAAAACTCCATATTTATTGGTCTTGATATAGTCAACAACTACGCCTTGATTAAGGGTGCCAAATCCATAAAAGTTTTGAACCATAACGGGATAAAGAAAATGTTGAGAAATGTAAATGTCTTACAACATGCCTATAGAAATCTTTCTTCTGAACCATCAAAAATTAATATGAACGTCACAATGAATTTTTACTCTTTATGCGGCTCCAGTGAAGCTGAACTATTTGAATATATAAAAGACAATGAATTACCGCATTGTTCTGTCGAAGATTTGAAAACCATATTGAGGCTGCAGTTTAGCGAGGAAATGCATCGTCAATTGAAGAGACAAAGCACTAGCTCAACTAAGGGTTCCATAAAACCTTCCAATAAGAGGTACACTGAAGCTTTGGAGAAACTAAGTAACCTCGAAAAAGAGCAGTCGAAAGAAGGAGCCCGCACCAAGATTGGAAAACTTAAAAGCAAATTGAATGCTGTCCATACTGCAAACGAAAAATGACATTTTTAGTTTGTGTAAAATTAATTTGATAAATAAATGAATGAAAATGATCAATAATAAGCGAATAACTATATTTTTAATTACCTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:671062-672262

CAATCAACACTTGAGTAGAAATATACACGATCCAATAAAATATACTGAAGCGAAGCAATCAGAAATGGATGCAATATCTGATCCAACGTTTAAGCATGCTAGATCAAGAAAACAGGTTACTGAAGAATCACCATCTTTGCTTACCGTTATTATAGAAATTGCACCAAAGTTATGGACAACTTTTGATGAGGAAGGAAATGAGAAAGGAAGTATAATAAAGGTTTTAGAGGCATTGATAGTATTTCTCAATGCTCACTTAGCGTTCAATAGCGCCAACAAAGTAGCAGTCATTGCTGCATACTCTCAGGGAATCAAATATTTATACCCAGAGAGCACATCTGCTCTAAAAGCCTCTGAATCTGAAAATAAAACCCGTAGTGATCTTAAGATTATTAACTCAGATATGTATAGACGTTTTAGAAACGTTGATGAGACGCTAGTGGAAGAAATATATAAACTATTTGAGTTAGAAAAGAAACAAATCGAACAAAATAGTCAAAGGAGCACGCTAGCAGGTGCCATGTCAGCTGGGCTGACTTATGTAAACAGAATATCAAAAGAGTCAGTAACTACCTCATTAAAATCAAGGCTACTTGTTCTTACGTGCGGGAGTGGCAGTAGTAAAGATGAAATTTTCCAATACATCCCTATAATGAACTGTATTTTTTCCGCAACAAAAATGAAATGTCCCATTGATGTCGTAAAGATTGGTGGTTCTAAGGAAAGCACGTTTTTACAGCAAACGACGGATGCCACAAATGGCGTTTATTTACATGTTGAATCTACAGAAGGGCTAATTCAATATTTAGCAACTGCAATGTTTATTGATCCGTCGTTAAGACCTATAATTGTTAAGCCAAACCATGGATCTGTAGATTTTAGGACATCATGCTATTTAACAGGGAGAGTTGTTGCCGTTGGATTCATCTGTTCAGTTTGCCTATGTGTCTTATCAATCATACCGCCCGGAAATAAATGTCCTGCTTGTGATTCTCAATTTGATGAGCACGTAATTGCCAAGTTGAAGAGGAAACCAGTTGTTCCAAGGTTGAAAGCCAAAAAGAAGGTGACGAAACCATGAACGAAAGGAATGAACATTATCCGTTTCAAGCAGGTAACCTTCGTCACAATGCATCGTAATAATACATAAAAAAAAATTAGCTTTAAGCACATGTATATTGGACATTCCACAGAAAAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:672459-673535

AGGTGATAAACAATGAAAAGAGGAGAAAGCCAGGCGCCTGATGCCATCTTTGGTCAATCTCGTGCATTTGCACTATCTGATTCTTCAGTGAATCCTGATGTCATTGAATATCTTAAAAGTGTTAGGCAAGAAGCACTAAGAACCAACGCCATATCGATTAAGAATCATATGAATCTGCAAAAGAGGACGCGTCACAAATCAAGCATGTACGATGATGAGGATGAGGGGGCCCTTAAAAGGCACGCCATCTCGCCATCCTTGATTAGGCTTCAAAGGAATGTAGAAATATGGGTAAGGTGGTTTAACTCTGTGAAGGCGACGGTGTTGACTAATGCCTACGAGTTTACCGGTTATGAGGACGAAACACTGGATCTTTTATTGCTTTTCTTAAAGAATTATCTCGAAGATATGCCCAGCAAATGTACTACAGTTGAAAAAATTATAAGTGTCCTAAATCAGCATTCCTTTCCTGAGAAGGCAGAAGAGAAGGAAGAAAATCTTCAGATTGATGAGGAATGGGCGAAGAATATTTTGGTACGGCTGGAAAAAACCAAGATTGACAGTGTTGAGGATGTAAAAAAAGTAATCACTGAAGGAGATAAACATGAACTAGTTGGATACAACCAGTGGTTCCAATACCTTATAAACAATGAACCGCAGCATACTACTTTTCATGAAAAGATTACCTCTAAGCAACTTTGGGTTCTGATCAAGTATATGTCGAATACATGGATAAAAGAAATACACAAGAAAGGAAGGCATTATCGTCGGCTGCAAGATTGGCTATTCTACATACTGGTACATACACCCGAAAGAGTCACGGCAGAATATACAAGCATCTTGAGAGATCTTGGAAAGAAATGCCTTGAACTGATTCAAAAGAAGCCAGTTGAAGCACATGAGAATAAAATAACACTCCCGAAGGAGATGGCGGAATTGAATGTTGAGATACCAGCCGCGGTGGAGAATATGACGATAACTGAGCTGACAGTGTCTGTTATAGCAGTGAACTATGGTCAAAAAGACTTGATAGAATAATGTAAATAAATTTCTTATGTAGTTTTTTACAGGAAGTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:673613-675739

AGCGCAAATTGTCAGCGATGATGTAGCCATGCTATAGCATCAATCAATGTCAATAAGCTAATAACAACTATCATCTATACTCCAACGCAGCTCTCTTGTTTAGGTTTCTCGTCAATCAAATTCGCATCACGAAGAAGTATGTCTGAAGAATTTCCATCTCCTCAACTAATCGATGATTTGGAAGAACATCCACAGCATGATAATGCTCGAGTCGTGAAAGATTTGCTTGCAGGTACAGCGGGTGGTATTGCGCAAGTGCTAGTGGGCCAGCCCTTTGATACGACAAAAGTTAGGTTACAAACATCGAGCACCCCAACAACAGCCATGGAAGTCGTCAGAAAGCTGCTTGCCAATGAAGGGCCTCGCGGGTTTTACAAAGGAACTCTGACGCCATTAATTGGTGTTGGTGCATGTGTTTCATTACAATTTGGTGTTAATGAAGCTATGAAGAGATTTTTTCATCATCGCAATGCTGATATGTCATCGACTTTGTCATTGCCACAGTATTACGCATGTGGTGTCACAGGCGGTATAGTAAACTCATTCTTGGCGTCCCCAATTGAGCATGTCAGGATTCGCTTGCAAACACAGACTGGCTCAGGCACCAACGCAGAATTCAAGGGTCCTTTGGAATGCATCAAAAAATTAAGACATAACAAGGCCTTGCTACGTGGTTTAACACCTACAATATTGAGAGAAGGTCATGGATGTGGCACATATTTCTTAGTGTATGAAGCGTTGATTGCTAACCAAATGAACAAAAGACGTGGACTAGAGAGAAAGGACATTCCTGCATGGAAACTTTGTATTTTTGGAGCATTGTCTGGCACTGCCTTATGGTTGATGGTATATCCATTAGATGTCATCAAGTCTGTCATGCAAACGGATAATTTACAAAAGCCTAAATTTGGTAATTCTATTTCCAGTGTAGCCAAGACTTTATATGCCAATGGAGGGATAGGCGCTTTTTTCAAAGGGTTTGGTCCTACCATGCTAAGAGCTGCTCCCGCCAATGGTGCCACTTTTGCTACTTTTGAATTAGCGATGAGGTTATTGGGTTGATAATTCCTATAGAATTTATGAGCCATCGTTTAAGAAAATAGTACAATATAATGTATAACTTGAAACTCTATCTTCTTATATTCAATAGATGCTACTATGCGTACATATATATGGTGAGTGTGTGTGTTTATATATGCGTAGTAATCACTCGGCAATGTGGAATTGTTACCGTGATAGCCTTCATGCTTACTCTTCCAACCTTCTTAGCAAGTATTCCACCTCAACTTCCTTAGTGATAGGTATAACAATTTCCTTATAAATTTTTACCAAATATTCTGGAGTAATCCTTCTTTCACCTGACTCGTTGGTAGGGTCCACACCATAGACTTCAGCCTTCTTAGTTAATCTTTCTAGAATCTTTTCTTCAACGGCAGAATTGGTGATATTCTTCATTATCCCCTCGACATCTTTACTTTTGATCAGCTTTGTGTATAGCGGGATATCCGATTGGAACTTGGCTTCAGCAACAAACTTGCCAAAGTGGATTCTCCTACTCAAGCTTTGCAAACATTCTATATCTCTAGTGGCAACAGAACCGAAGTTATTCTTATCATCACCATCTCTTTTCGAAATTAATGGTATAATCTTTTCAATATAAACTTTTTTTATTTTATCATTGTAATTAACTTCTGGGGCATAAGGCGCCAAAATTTGTGGGTAGTTAATGCTCGGTAAGAATGATTTCTGAATCTTGTCAGGAAAGAAGGGAGTTTCATCAGGTGATTCGAATCTTCTGATGCGAGAATGCGCAATTTCAAGATTTGAAAGAGCCCAATCCAAGAAAGATCCTTTAAAATTCGGAATTTCTAAACCTGGATGGTTTGCCTCATAAACTGAAGGACATGTGGCGAAATGCGACCTCTCAATAAATTTGAAGATGATCGAATCCTCCATTCTAACTAATTCATCTCTAATATTTTGTAGATTTAAAACAGTTTCTGGTTTTGTGAAATCCATATCTTATACCAATTTTATGCAGGATGCTGAGTGCTATTTGTTAGCAAAACGGAATCGATGTTTCAACTTTTCAATACTTTTTTTCTTCTTTTCTTCGAACTTCGAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:675817-676902

AAAAAAAGAGAACCAAAAAAAAATTAAAAAACGTGAAAACGATGGTTTAACAACTTTTTTCGAATTTGGTATACGTGGAAAAACGAATGTATAGATGCATTTTTAAAGAATATATATAAAATTTAGTAATTGTATTCCGCGAGCGGCGCAATAGGTGATTTCATTTAGCTGCTTTCAGTTTGCGTATCATTTCTTCATTGATCTTGGCTTCTCTATCTAAATCCTCTTTCGACTTGTAAAGTCCCCAAGTTCTAAACCATAAGAACCGCCTCAATCTGGAAAATTTGTCAGTATCAAGACCATAATTCGTGTATGACTGAATCAAATGTAATCCACTTTCGTCATGAGTAAATTCGGCCTTGCTCAGAGACTCCTGGATTTTGGCTAACAACGCAGTCCCTTCGATGCATATAGCTAGGCCACAAATTATGCCAATAACGGTCCATGGGTTGATGTTTTCTTGAATTCTTTCGTTTTTCATGCTATTTGCGTCTTCCCAAGTCCCAGCGTTCCAGTATTCATACTGCGCGTTAGAGTGGTAGCCATAAGAGCCGGCATATTGGTAATTTTCAGTATTAACGTTAGAACGTGGTGAATACGATGTGGTCCAGCCTTGCCTCGTTGTGTCATATACGATCTTTTTCTTTGGGTCACAAAGAATATCATATGCTTGAGAGATGACTTTAAATCTATGTAGTTTTTCGCTTGATGTTAGCAGCAGCGGTGATTTACTATCACTGTTGGTAACCTTTTCTGAGCTAAATATTTGAATGTTATCGGAATGGTCAGGGTGGTACAATTTTACATAACGATGATATTTTTTTTTTAACGACTTCTTGTCCAGTTTAGGATTTCCAGATCCGGCCTTTGGAATGCCAAAAATATCATAGGGAGTTGGATCTGCCAACTCAGGCCATTGTTCATCCCTTATCGTAAGTTTTCTATTGCCATTTTTATCGTTCGCTGTAGCATACTTAGCTATAAAAGTGATTTGTGGGGGACACTTTTCTACACATGATAAGTGCCACTTGAATAAAAATGGGTATACGAACTTATGGTGTAGCATAACAAATATATTGCAAGTAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:677144-678380

GAGTTAAAAATTTCATAGCTAATGGTGACAGGGGGAATGGCAAGCAAGTGGGATCAGAAGGGTATGGACATTGCCTATGAGGAGGCGGCCTTAGGTTACAAAGAGGGTGGTGTTCCTATTGGCGGATGTCTTATCAATAACAAAGACGGAAGTGTTCTCGGTCGTGGTCACAACATGAGATTTCAAAAGGGATCCGCCACACTACATGGTGAGATCTCCACTTTGGAAAACTGTGGGAGATTAGAGGGCAAAGTGTACAAAGATACCACTTTGTATACGACGCTGTCTCCATGCGACATGTGTACAGGTGCCATCATCATGTATGGTATTCCACGCTGTGTTGTCGGTGAGAACGTTAATTTCAAAAGTAAGGGCGAGAAATATTTACAAACTAGAGGTCACGAGGTTGTTGTTGTTGACGATGAGAGGTGTAAAAAGATCATGAAACAATTTATCGATGAAAGACCTCAGGATTGGTTTGAAGATATTGGTGAGTAGAGCACGCAGCACGCTGTATTTACGTATTTAATTTTATATATTTGTGCATACACTACTAGGGAAGACTTGAAAAAAACCTAGGAAATGAAAAAACGACACAGGAAGTCCCGTATTTACTATTTTTTCCTTCCTTTTGATGGGGCAGGGCGGAAATAGAGGATAGGATAAGCCTACTGCTTAGCTGTTTCCGTCTCTACTTCGGTAGTTGTCTCAATTGTCGTTTCAGTATTACCTTTAGAGCCGCTAGACGATGGTTGAGCTATTTGTTGAGGGAAAACTAAGTTCATGTAACACACGCATAACCCGATTAAACTCATGAATAGCTTGATTGCAGGAGGCTGGTCCATTGGAGATGGTGCCTTATTTTCCTTATAGGCAACGATGATGTCTTCGTCGGTGTTCAGGTAGTAGTGTACACTCTGAATCAGGGAGAACCAGGCAATGAACTTGTTCCTCAAGAAAATAGCGGCCATAGGCATGGATTGGTTAACCACACCAGATATGCTTGGTGTGGCAGAATATAGTCCTTTTGGTGGCGCAATTTTCTTGTACCTGTGGTAGAAAGGGAGCGGTTGAACTGTTAGTATATATTGGCAATATCAGCAAATTTGAAAGAAAATTGTCGGTGAAAAACATACGAAACACAAAGGTCGGGCCTTGCAACGTTATTCAAAGTCATTGTTTAGTTGAGGAGGTAGCAGCGGAGTATATGTATTCCTTTTTTTTGCCTATGGATGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:679549-682024

TAATGTTTCTTCTCATTGCTTTCTTTTATAATTTTCGCATATAATTATACATTTACGGTGTCTTAACTCTCCCTCTTCACCCCTCATTATTCCAGAAAATACTAATACTTCTTCACACAAAAGAACGCAGTTAGACAATCAACAATGAATCCTAAATCCTCTACACCTAAGATTCCAAGACCCAAGAACGCATTTATTCTGTTCAGACAGCACTACCACAGGATCTTAATAGACGAATGGACCGCTCAAGGTGTGGAAATACCCCATAATTCAAACATTTCTAAAATTATTGGTACGAAGTGGAAGGGCTTACAACCGGAAGATAAGGCACACTGGGAAAATCTAGCGGAGAAGGAGAAACTAGAACATGAAAGGAAGTATCCTGAATACAAATACAAGCCGGTAAGAAAGTCTAAGAAGAAGCAACTACTTTTGAAGGAAATCGAGCAACAGCAGCAGCAACAACAGAAAGAACAGCAGCAGCAGAAACAGTCACAACCGCAATTACAACAGCCCTTTAACAACAATATAGTTCTTATGAAAAGAGCACATTCTCTTTCACCATCTTCCTCGGTGTCAAGCTCGAACAGCTATCAGTTCCAATTGAACAATGATCTTAAGAGGTTGCCTATTCCTTCTGTTAATACTTCTAACTATATGGTCTCCAGATCTTTAAGTGGACTACCTTTGACGCATGATAAGACGGCAAGAGACCTACCACAGCTGTCATCTCAACTAAATTCTATTCCATATTACTCAGCTCCACACGACCCTTCAACGAGACATCATTACCTCAACGTCGCTCAAGCTCAACCAAGGGCTAACTCGACCCCTCAATTGCCCTTTATTTCATCCATTATCAACAACAGCAGTCAAACACCGGTAACTACAACTACCACATCCACAACAACTGCGACATCTTCTCCTGGGAAATTCTCCTCTTCTCCGAACTCCTCTGTACTGGAGAACAACAGATTAAACAGTATCAACAATTCAAATCAATATTTACCTCCCCCTCTATTACCTTCTCTGCAAGATTTTCAACTGGATCAGTACCAGCAGCTAAAGCAGATGGGACCAACTTATATTGTCAAACCACTGTCTCACACCAGGAACAATCTATTGTCCACAACTACCCCTACGCATCATCACATTCCTCATATACCAAACCAAAACATTCCTCTACATCAAATTATAAACTCAAGCAACACTGAGGTCACCGCTAAAACTAGCCTAGTTTCTCCGAAATGATTTTTTTTTTCCATTTCTTCTTTCCGTTATATTATATTATACTATATTCCCTTTAACTAAAAATTTATGCATTTGGCTCCTGTTTAATAAAAGTTTAAATCGCCTCAAAAGAACAATTGAAAAATATGTAAAATAACAGCAAATAAAAGTCAAAATTAAAACAAAGTACCCAGAGACAAAAAAGAAAGAAAAGAAAAAAGAAACAGTCTACAAATTCTATTTGAATATATAAAATTATATTCTCAATTTTCACGTATATATTCACCTCACAAATAATATCATTCCTTTAAAAAAAAATATGTATTATTGTATAATGTTTCAGCATAGTCGTTTTTTAAGCCCTTTTTTTTAAACTTAAAAAACAAATCAATGAGATATTGTATACCTATATTATCGATAATAAAGCGACGAGGATGGACTGCAAGATATTGGTGTTAGGCGCAGGTGGTCTAGGATGCGAAATCCTGAAGAATTTGACAATGTTAAGCTTTGTTAAACAGGTTCATATTGTAGATATAGACACAATCGAGCTAACCAACCTTAATAGACAATTTCTTTTTTGTGATAAGGACATAGGCAAACCGAAAGCTCAAGTGGCAGCCCAGTATGTAAACACGCGGTTCCCTCAATTGGAAGTTGTGGCGCACGTACAGGACCTGACCACTTTGCCCCCGAGCTTTTACAAAGACTTCCAGTTCATAATCTCGGGGCTGGACGCCATTGAACCTCGTCGCTTCATCAATGAGACTCTCGTGAAGCTTACCTTGGAGTCCAATTATGAAATTTGCATCCCGTTCATAGATGGTGGAACAGAGGGGCTCAAGGGACATGTAAAAACAATCATTCCAGGCATCACTGCATGCTGGGAGTGCTCCATTGATACCTTGCCCTCGCAGCAGGATACTGTGCCAATGTGTACAATCGCCAACAATCCTCGCTGCATTGAGCATGTTGTGGAGTATGTCTCAACTATACAATACCCTGATTTAAATATTGAGTCTACGGCGGATATGGAATTTCTGCTGGAGAAGTGCTGCGAAAGGGCTGCCCAATTTAGCATCTCAACAGAAAAATTATCAACAAGTTTTATCCTGGGTATAATAAAGAGTATCATACCTAGTGTAAGCACTACGAATGCGATGGTTGCAGCGACATGCTGTACGCAGATGGTTAAGATTTATAATGATTTAATCGACCTGGAAAACGGCAATAATTTCACTTTGAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:682129-685477

TACCATCCGCCGGTGTCACTTGTTTAAACATCTTGCAAGTAAGTCGAGATCCTAGAGAGCCTTGTACATGTGATTGCACAGTAAAGAAGGTATGCAGGCTAAATTATTGTTTACCAGACTAAACTTTAGACGTCCCTCCACAACTTTACGCCAGTTTCCCCTAACATGTTTTTTATTTCATAGCAAAGCATTTTACTCGGATCTGGTCACTAAGGAGCCGTTGATCACACCGAAAAGAATAATAAATAAGACGCCTGGGTTAAACTTATCTATTTCTGAGAGGGCTTCCAACAGACTAGCTGAGATCTACCGCAATAGTAAGGAAAATTTAAGAATTAGTGTGGAAAGTGGTGGATGTCACGGTTTCCAGTACAATCTAACTCTAGAACCCGCTACCAAGCCAGATATTAAGAATGATGTCAAAGACAAGGAGTTTTCAGACGACCTTGACGATGATGATTCCAAGGATATAATATACGTGTTACCCGAAGATAAGGGTCGAGTGATAATTGATAGTAAATCACTAAACATTTTGAATAACACTACACTGACATACACTAATGAGTTGATCGGTTCTTCGTTCAAAATCATCAATGGTAGCCTAAAAAGTAGTTGTGGTTGTGGAAGTAGTTTTGATATTGAAAATTAAGCTGTATTATATTCATCCCTGTATATAGCATGCCCAGCTGCCAAGCATTTTTTTACTTAATTGTCTCTATTATATATTTGAAAACCTAGCAAGAGCATTACGGGATAAAACGCTGCGGCGTTCGCATTATTAATTTGTATTCAAACGACTAATTAAAACTATCTTACAGTTCGTAAAACTTCATAAGTTCGACCATATCTCTATCCTTATTGTCATTCCTTAACATTTTCATTCGAGAACTTCCTTCCATCTCATATATCCAATACTGATAGTTCTCTTCATTATACATTTCAACAAGATCATGTTCACGTATAAATTGTTCAGAATCATCACCATCACAGACATCAAATGGATCGATTTGGAACGAATTATTGTCACCACATCTTAAGTTGGAAAACTGCTTTGTAACACACCAAGTCAAGTACGTATAAAATCTACTCATTAGTAAATCGTTGTACCCACCCCCTCCAAGTAGGAATATGTGCGCTCGAGGATAACTTTTCATGATATTTATGATGATTCGAGAAAGCCCTCGTATTGTTAGCTGCCATTCATTGAATCTATCACCCAGAAGCCCATCACCACCACATTCAATTATTAAGGCCTCAGGTTCGTGTCTTTCTATTAGAGGATTGACGATTTTGGATGCGATCAATTCCAAGTAGTTGTCATCACAACCATGCTTTAAAGGAATATTAACCACGTTCTTATCCTTTCTTGAATCACTTAAAGAACCAGTTCCAGGAAAAAAACCAGGCTCGTAGAGATGTACTGAAATTGTCTGTATTTGTTTAGAATATTGGAAAGCCTTTTCTACACCGTCACCATGATGCAAGTCGAAGTCAACGTACGTGATTTTATTTAGCTTTGCTTTGCGCAATCTCTGTATTAACAGTACCACGTCATTTATATAGCAGAATCCGCTTGCCCTCTGTTTAAAGGCATGATGTCTTCCACCATCCCAATTTATACCGATAAGACGTTCTGTAGGCGATAGATGATCCAACAAGTTTAAAGTCGCACCTGTAATAACTTGACAGTACATAGGAAGGTATGAAAAAATCGGGCAATCTCCCTCTAAATTATACTGTTTTGTTTCAGAATTTAAAATATAAGTATCTGTTGGTTTATCATTGGTGGGCACCTCACTGTTATTAATACAGTCCATATTATTTTCGAGCGCTTGTGAGTGATTCAGATAATAATTATAGAGATTCTCTCTAGTGGTGAATCTCTGAAGATCTTGCGATGGATTGTAGTCGATTTTTTCGTTCCAATTATCGGCCAATTCACTCAACTCACTCCATTTGGACTCTACCATGGGATTATTTACATCTTGTGCCATCATTTTATTGAATCTGCCATTTATCAAATAATCGATATATGATTTCGAATGGAACTCCAGCAGATCATCCTTTCTGGCGTAGGGAAATGTTAGCACTTCGTCAAAGTGCTGGAGAAGATCGTACGCGTTTATTAGGGAATATGTCAGCTGCGATTTTTGATGATTGTTACATGGGAGTAAATCTGCTACTTGAGACTGAAATATTGACGTTGATATGACCAATTTCGACATAGCGTTTTTCTAAAATGGACAGGTGTTTATTAATTCATATTACAGTACATACACCTTTTTTTTACTTTTTGTTTCTTTATTAATTTTTTAGTTTTTTTCATATTCTATTTTATTATAAGTAGTAATATGAAGAAATTTCCCAAGCAAAGCTCAATAAAATTATTTAGCTAAACAAACATATGCATATATATGTATATTCTCCCTAATTTAATTCCTTGGCTGCCCAGGTTGGTAGAACAAAGGAAGCTTCGTGAATTTTCTTGTTATAGTATCTGTATAATTCAGCCTCCTTCTCATCAGAGATTTCACGTAGTGGCTTCTTGACATTGCAAGTTTTATCTTTGGAGCAAACCATAAAACCAATCGTACCAGTTGGGTAAGTTGGAATAGTAACGAAAGAGTATTCTGCAACTGGGAAAACTTCAGAACAGGCTTTCTTTAAGTCCTTAATGATTGGCAAGTGAATCCACATACTTTCTGCTTGTGTAGTGATTACACCCTTTTCTGTCAACGCACTGTTCAACAATTGGAAATATTCCTTTTGGAAAAGGGTTTCAGCTGGACCTTCTGGGTCAGAAGAGTCAGTAATGATTACGTCAAATGTGTTTTGGTAATCTCTTAAAAATTGGAAACCATCACCAATGTGGGTCTTAACCTTTGGGTGAGAATAAGAGGCAGCCATTTCTGGTAGGTACTCCTTTGATAGTCTAATAACAGCTTCATCAATGTCACATAACCAGGCTTCCTCAACGGAATCATGCTTGACAACCTCTCTCAAAACACCACCATCACCCCCACCAATAACAAGAACCTTCTTAGGATTTGGATGGGAATTCAAGGCAAGATGGGCAATCATTTCTTGGTAGGCAAATTCATCCCTTTCGGTGGCTTGAATTACATTATCTAAAACTAGAACATTACCATATGTAGTGGATTTGAAGATCAAAACGTCTTGATATTTTGACTTCTCATGGTGTAAAACTTTCTCCACTTTTAAAGTCATGGCCTGGCCTGGCCACATGGTATCAGAAATTTCTCTGAACCAGCCGTCTACAATAGTTGGGTGAGTGATTTCTTGTGCCATTAGATTTATTGCTTATTAGTGTTTGCTCTTCTTGACTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:685880-687877

AACAAAACTCTTTTGGAGATGGTAGAAGGAGACTCTTATGTGGAGACTTTAGACTCCATGATTGAATTATTCAAGGATTACAAACCTGGTTCCATAACTTTGGAGAATATAACACGACTTTGTCAAACTTTGGGTCTCGAGTCCTTCACAGAAGAATTGAGTAATGAACTTTCAAGATTATCGACGGCATCTAAAATTATCGTGATAGATGTTGACTACAATAAGAAGCAAGACAGAATTCAGGACGTTAAACTCGTACTAGCATCTAATTTTGATAATTTTGACTACTTTAACCAACGAGATGGAGAGCATGAAAAAAGCAACATTCTTCTAAATTCCTTAACAAAGTATCCTGATTTGAAAGCTTTTCATAACAATTTGAAGTTTCTATATCTGTTAGATGCATATTCCCACATCGAGTCCGATTCTACCTCCCATAATAATGGGTCTTCTGACAAAAGCTTAGATTCAAGCAACGCATCATTTAACAACCAAGGTAAACTTGATCTTTTTAAGTATTTCACGGAACTATCACACTATATAAGACAATGTTTCCAAGACAATTGTTGCGACTTTAAAGTCAGGACCAATTTGAATGATAAATTTGGAATATATATTTTAACCCAGGGCATCAATGGTAAGGAAGTGCCTTTAGCCAAAATTTATTTAGAAGAAAACAAAAGCGATTCACAATACAGGTTCTATGAGTACATATATTCACAAGAAACCAAATCTTGGATAAATGAATCTGCTGAGAATTTTTCTAACGGCATTTCCTTGGTTATGGAAATAGTAGCAAACGCTAAGGAAAGTAACTATACAGACTTAATTTGGTTTCCTGAGGATTTCATATCACCGGAACTTATTATAGATAAAGTTACATGTTCATCAAACTCATCTTCTTCGCCACCTATAATTGATTTATTTTCGAACAATAACTACAATAGTAGAATACAACTGATGAACGATTTTACAACAAAATTAATCAATATTAAAAAATTTGACATAAGTAATGACAATCTAGATCTAATCTCTGAGATACTAAAATGGGTTCAATGGTCGAGGATAGTACTTCAAAATGTTTTTAAACTGGTCTCCACACCTAGTTCAAATTCAAATTCATCGGAACTTGAACCTGACTATCAAGCTCCATTCTCCACCTCGACTAAAGACAAAAATTCTTCAACATCTAACACTGAGCCAATTCCAAGAAGTAACAGACATGGAAGTGTAGTAGAGGCCTCTAGAAGAAGGCGTTCTTCAACTAATAAAAGCAAACGTCCCAGTATAACTGAAGCAATGATGCTTAAAGAAGAGGGTTTACAGCAATTTAATTTGCACGAAATTTTATCTGAACCCGCAATAGAGGAGGAAAATGGAGACAGCATCAAAGAGCACTCTACAACTATGGATGGTGCCAATGACCTCGGATTCACCGCCTCTGTTTCGAATCAAGAAAATGCAGGAACTGATATTGTGATGGAAGATCATGGTGTACTGCAAGGCACTAGTCAAAATTATGGTACTGCAACAGCGGATGACGCAGACATAGAAATGAAAGACGTCAGTTCTAAGCCTAGTAAACCTGAATCGTCGGTCTTACAACTAATTGTAAGTGAAGATCATATCATTCTCGACACTATTTCAGAATGTAACTTGTATGATGATGTAAAATGCTGGAGTAAATTTATTGAAAAATTTCAGGATATCGTTAGCTAAGGAGGTACGGAGTGGCTCAAATACACATTGTGGACCGTACACTCGATGGAGTTTAGGTTTACGTACACCTTCTAGTGCAAGGTGCATGCTTTTCATACCTCATATGACTGAGTTTGTTTAGTGTGGCCTATATTCTAAAAAAGATAAACGTTAGAATAAATGAGCTTGCGAACTGAGCCATTTACCGGTCATTTGCCAATATATATAATCAAGGACATCTCTATCATTGTGAGAAATACTAAAAATGTAGGAAAAAGGTTAAAACAAGAACCACTAACA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:688108-689793

GCCCTTTCTGTTTTAAGTGCATTTATTAAATGTTTCCAGTTCCAAGACGATTGGCAACGGAATTATGCAAAACGGCACAGAAGACAAAAGCAATATTCCTGCTCGTAGTAATGATGATGTATTGCCGCCGTTAGCCGTCAGACTTACTATGAAAGTAATGCGATTAATTTTCATCGGAAAAATGTTTGCATATTCATTTGTACCCTTTCCCCCATTTAAACTTTTGACATTTGATAATACTGTGGGCTGGTTCGTAGCATATTCAGCGATCGTTTCTATTTGGGGGTTTGCTGTGTGGATGGAAAGAGGATATAGACATAAGATTAATCTACTGCCTCCAAGATGTACGAAGATAAGATGCTCTCGCTGCAATACAAGAATAAGATCCCCCAATTGGTTCAAATATAAGAATTGGTTATATTTTTTCCTATTATACGTTTCTCTAACCACTTCTAACTTAATAATTCAACTGGCCTCTTTTATGACAGAAATGAGTCGTCGGGGTATAAGCGTTCCTGGAACGAAGGATCCAGGCAAGAGAGATTATTTAGGGCTTATCATACCAATGCGATTCATTGGTGCATTTATCCATTACATGACGGCTAATTTATTCAAAGAGTATTATTTACATAACGGCCCACTAGAAAAGAATGATAGACCTTCTACCGATGAGAAGACATCAGAGAATGAAACGCTATAGCTTAACCTCGATTAAAATTAAGTTCAGTATGCCATAGGTGCGTTTATTACATGTTTTTTAACAACACTTCAATATTTCTTTCTCTGTATTTTTCAATAGGGAACAAAATGTACTATTTTCTCCATGAGGCCTGAAATAGCAAATGTACTCCCGCAGTTAATAAATGTACGGACAGCTTTTCATAGCCAATTAAAAGCAGTTTATATCTCTTTCCTAGCGGATCACATCTAATGGTTGTCCAACTTCCCTTGGATTAAGAAATAGGTGAATAACGGGATAGTTTTTGAGGATCCATTATTGATAGAGGTTATAATTTTAGACAGGCAAAATATTCTAGCACTTCTCGAGGGCATAGGCATCCCTAAAAGGGAATCAATAATTTTACATAATGATATTACCATATCTTTTATACTTTCTTGAGATCTGGAGAATTTTGTAAAATTGTTGGGATTCCATAGTCGATAATATTATATATACAGAATATGCTAGAAGTTCCAATCATTACACTTTAACTTCAATAAAAAATTTGGCGACTACTTCCCAATCTTTATGTCATCTTCTTGCATCGTATATGACAATATGTAACAGTAATATGAATAATAGTCAAAAAATAATATATAATATTCATTCCAACACTCTTAGTGTCCCTAGCTAGAATTACTTCTGCTAGTGAAACACTCATCATCAATATAAGGAAATTAATTTTAGTCAGATGTTTTTAATACCTTCCGTTTTCTAACACTACCAGATTATTTTGGGCACTATGGCCGAGTGGTTAAGGCGACAGACTTGAAATCTGTTGGGCTCTGCCCGCGCTGGTTCAAATCCTGCTGGTGTCGTATTATTTTTTGAAATTATTTTTCAATAACCACCATGTCAGCACCAGGTTCTTTTACAATTATACAAACACACATATCTCAAAATCACTCAAGAGGTCATGGACCAATATGGCAACTTGCTACGAAAGTCATACGGTAACATATCAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:689946-695033

TAGCATAAAAGTACTTCCACATTTTTGGTGCAATGAACTAATTTAGATAATAACAAGATCAAACAGCGTCCCTTCCGCGTCAATAAATAATTAGGAACTGTAATTGAACCTCTATTAGTATATTTTTTTATTGATTGCATGAAACATCCGCTCATTCTGTCATGTCTCAAAGAAAGCTACAACAGGATATCGATAAGCTTTTGAAGAAGGTGAAGGAAGGTATTGAAGACTTCGATGACATATACGAAAAATTTCAGTCAACAGACCCCTCCAATTCTTCGCATAGAGAAAAACTGGAATCTGACTTAAAAAGAGAAATCAAGAAGCTGCAAAAACATAGGGATCAAATAAAAACATGGCTCAGCAAAGAAGATGTAAAGGATAAGCAAAGTGTTCTGATGACTAATAGGAGGTTGATTGAAAATGGCATGGAAAGATTTAAGTCCGTGGAGAAGCTAATGAAGACAAAACAGTTTTCAAAGGAGGCTTTAACAAATCCAGATATAATCAAAGACCCTAAAGAACTCAAAAAAAGAGATCAGGTCTTATTTATTCACGATTGTTTAGATGAGCTACAAAAGCAATTGGAACAGTATGAGGCTCAAGAAAATGAAGAACAAACAGAAAGACACGAATTTCACATCGCCAACCTAGAGAATATCTTGAAAAAACTTCAGAATAATGAAATGGACCCAGAGCCCGTAGAAGAATTCCAAGACGATATAAAGTACTATGTAGAAAATAACGATGATCCCGATTTCATTGAATACGATACAATTTATGAGGACATGGGTTGCGAAATACAACCTTCATCAAGTAATAATGAGGCTCCAAAAGAAGGAAACAATCAAACTTCTTTATCTAGCATTCGCTCATCAAAAAAACAAGAACGTTCTCCAAAGAAAAAAGCTCCGCAGAGGGATGTTTCTATATCAGACAGGGCGACGACTCCAATCGCGCCAGGTGTAGAATCAGCCTCGCAATCTATATCTTCTACGCCAACACCTGTGTCAACTGATACGCCATTGCATACAGTGAAAGATGATTCAATAAAATTCGATAATTCTACCCTTGGTACACCAACTACACATGTGTCTATGAAAAAGAAGGAATCGGAAAACGACTCGGAGCAACAACTAAATTTCCCACCGGATAGAACTGATGAAATTCGAAAAACCATCCAGCACGATGTAGAGACGAATGCAGCTTTTCAAAATCCCTTATTCAACGACGAATTAAAATACTGGTTAGACTCGAAAAGGTACTTAATGCAACCTCTTCAAGAAATGTCACCAAAGATGGTATCGCAATTAGAATCTTCGCTATTGAATTGTCCAGATTCTCTAGATGCCGATTCGCCATGTCTATACACCAAACCATTATCTTTGCCTCACCCAACGTCAATCTTTTTTCCCAATGAACCAATTCGATTTGTTTATCCGTACGATGTACCTTTAAATTTAACGAATAATGAAAATGATACTGACAATAAGTTCGGTAAAGATAGTAAAGCAAAATCTAAGAAAGATGATGATATCTATTCCAGAACCTCACTAGCCAGAATATTTATGAAATTTGATCTTGATACTTTATTTTTCATATTCTATCATTACCAAGGATCATATGAACAGTTTTTAGCTGCTAGAGAACTTTTTAAAAATAGAAACTGGCTATTCAACAAGGTAGATCGCTGCTGGTATTATAAAGAAATCGAAAAGTTACCACCAGGAATGGGCAAATCTGAGGAGGAATCATGGAGATACTTTGATTATAAAAAAAGTTGGTTAGCGAGACGTTGCGGTAACGACTTCGTATATAATGAAGAAGATTTCGAAAAACTGTAAACAGTTTCCTTTTACTTATATAATTCTCATCGTGATTTACTAGGTAAATGTAGTATTCAAAATCTCCAATTTGTACTCTTTAACTTCACCTTCACATATTATCTTTTTACTCGATGTAGACCGCACCATCATTACTTGCTAGCTTATAACTCTTTTTTTAAAAACTGTTTGGAGAAATAGGTGATTTGTTTGAAGTTGTACTCGAAATCTTGTATGTCACCATACCAAGGATCTTCAATAATGGTCTGCACAGTGCCATCATTAGTATTCCAATCACCAAAAAGGCAAACTTTAGCTTTAGAACCTTCAGGTTGTATTTTTTTTAGGTTATTAATGTTGGATTCATCCATACCGATTATATAGTCATATTCATCGAAGTGTTTGGTCTTTATTTGTTTCCCTTTATGATTAATCTTGACGCCATGTTGCTTACAAATGGACACTGTACGATGATCAGGGCTTTCCCCCACATGATAATTAGAAGTGCCAAATGAATCAATCTTGTTGAATCGATTTTCTAGATTAGCCTTTTCGACTTCATGTTTGAAAATGGCTTCCGCCATTGGTGATCTACAGAAGTTACCCAAACAAATGAATGCGACCGATATTTTTGGTTTTTCAATTGTCATTTTCGTGTTAACTTTCCCTTCTCAGTTTTCTATCGCTTATCAAAAATCACAGGGTTTCAATTAGCCTTTTAGGAGTTATATTCTTTATTGGCTTTATACTTGAATGGTGTGATTCTCTCGAAGGGTTTAACATTCAAGCTCGGCCATGTGCTGGTACAAGGAAAAAGAAAGAAAAAGTAATCATTGAAATTTTTCTATAATACGTACACCTATAATATAAGAAGGAAAAGGACTGAGTGTTTGGAATATTGTTAAAAGTTTGAAACTATTTTTTTGCTTAATCGTTTATAAAAAAAGTTGTATTTAAGTTGTATAAAGTTTTATTTCATTTTTTCACAAATAATATCATATCAAATCTGATGATCTACGATCAGAATTTAGAAAGCTTTTTTCAAAGGAGAAATTAGCTTGTCACCCTTATAGAATGCAATGGTCTTTTGAGCTCTTTCAGCAACACCTTCTGGGGTGAAACCGAAGAACTTGAAGACTTCTGGTGCCTTACCGGAGGCACCAAATCTGTCAATACCGAAGGATTGATGAGCGTATTTGCCCCAACATGTGGTAGCCAAAACTTCAACAGACATGATTGGAACGTTGTCTGGTAAGACTGATAGTCTGTATTCTAGGGGTTGTTTGTCAAAAGTGAAGAAATCTGGTAGAGAAACAACACGAGCCTTGATGTTCTTTGCGGCCAAAGTCTTAGCAGCTTCAACACTCAAAGACACTTCGGAACCAGTAGCCACTAAAATAATATCTGGGTTAGCAACATCTTGTAGTACGTAACCACCCTTAGAAGCGCTTTCAATAGAGCTACCTTCCAATTGTGGCAAGTTTTGTCTGGACAAAGCAATGATACTTGGAGTATGCTTGGATTCTAAAGAGTTCTTGTAGGCGGCAGAAACTTCGTTACCATCAGCTGGTCTCCAAACTTGAATGTTTGGTAGGGATCTGAAGTGTGCTAAAGTTTCAATAGGTTGATGTGTTGGACCATCTTCACCGACACCGATAGAGTCATGTGTAGCAACCCAAATAACTGGGTGGCCAGACAAAGCGGACAATCTAACGGCACCAGCAGCATAAGAAACGAAGTTCAAGAAAGTACCACCGTATGGTTTGTAGTTGGCACCGAAAGCTGAAATACCGTTCATTATGGCACCCATAGCGTGTTCTCTAATACCGTACCTAATGTATCTACCAGAGTAGTTACCTGAACCGGAAGAAGGAGGTTGGAAGTCAAGGGCTTCCTTCCATCTGGTCAAGTTAGAAGGTGTTAAATCGGCAGAACCACCAATCAACTCTGGCAATTGATTGTAAACATCCTCAAGAACAGTTTCTGATAATTTTCTAGTGGCCACGGCAGAGTCCTTGGCGGTGTAAGTTGGCAACTTAGATTCCCAATTTGCGGGTAGTTGGCCGCTCAATCTTCTAGCCAATTCAGCACCTAATTCTGGGAATTTCTTTTGGTATTCGCTGAACAACTTGTTCCACTTGTTGTTGGCTTCGACACCTGGCTTTAAAATTGTCTTTTGGTAGTGGTCGTAAACTTCTTGTGGAACAACAAAGGACTTGTCTGGGTTGAAACCGAATTTGCTCTTTAGTTGTTTAACATCATCTGCTTTCAATGGGGCACCGTGCACAGAGTGAGAGCCGGCATGCAAGGAACCGTAACCAATGGTTGTGGTCATTTTGATCAAAGTTGGTTTGTCCTTGGATAACTTAGCTTGAGCAATAGCCTTGGCAATACCGGCTAGATCTTCGTTACCATTTTCTACGTACAAAACTTCCCAACCGTAGGCTTCGTATCTCTTAGCAACATCTTCATCGAATGAGATACTGGTAGCACCATCGATAGTGATCTTGTTGTCATCGTAGATGGCAATCAAGTTACCCAATTTCAAATGACCAGCCAAGGAGGAAGCTTCTGAAGAAATACCTTCTTGCAAACAACCGTCACCCAAGAAAACATAGGTGTAGTTGTCAGACAAGGTAAAGCCCGGCTTGTTGTAAGTGGCAGCCAGGTTAGCTTGAGCCATGGCCATACCAACAGCGTTGGAGATACCTTGACCTAATGGACCGGTAGTAACTTCAACACCTGGCAACTCAAATTCAGGATGACCTGGTGTTCTGGAACCCAACTGTCTGAACTGTTTCAAGTCTTCAATAGACAGATCGTAACCAGTCAAATGTAGCATAGAATACAACAAAGCGACCGCGTGACCGTTAGACAAGACAAATCTATCTCTGTTGATCCAGTCTGGGTTGGTTGGGTTCATGCGCATTTGACTCCATAGAACGTGTGCAGCTGGTGCCATACCCAATGGAGCACCTGGGTGACCTGAGTTGGCCTTGGATACGGTGTCCACAGCCAAAATTCTTATGGTGGAGACGGCTAGCTTATCAATGTCAGTGAATTGAGTCATTTTGTTTGCTAAAGAGGTAACTATGTAGAGTTGCTTGGGATGAGCTTCCTTCTCTGTTGTACTTCAGTTTGATCTGAAACTTAAAAAACGAAATTTAAAAGGAAGACAACGGTGAGAACAAGAAATGAATGAATCAAGAAGTCACGATCAAGTATGTAGGTAAAAGATCAGGGGGGAGTATGTACGTAACCAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:695621-696890

AAAAAAAAAAAGCGCTTATTACGGCGTATACACGTAACTATATAGACGTAGATCATTGAATATTGATATGATATAATATTTTCCCCGGGATTGCAGAATACTGACACGCCTTTTATTTATCGTTCATCGTGTATTTCGAACTTGTCCTCAAACGGGCTCTCAGTGCGACTGCCCTGGGTGCTCTCGCGTATCGATTCTGGAATTTCCAAGTCCAGTATAAAACTTCCTTCTTCATCGTCATCTTCGTCGTTATTACCATGGCTTGCCTCGCTTTTTGCCATGTGTGAAAGATCATCCGCCTCTGTCTGTTCTTCAATGACATCCAAGTCCTGAATCTCCTTATCACTCTCTTCCTCTGCGATTTGAACCAGTTTAGGTTTAGCACGAATAGCAGTTATGAGGTTATCGTCTGCGTCCTTATTGAGTACCTGGTTATGCTCGTCATCTTCGTCATCCAGACCATCCAAGATGGAAGAACCTAAGGTTATATGTGACCTGATATCACCAGCTGCATTTTGTCTCTTAGAGCTCGAGCGTAGTTTTGATTGCAGTTTGTCGGTACTCAAACCGCTTGTCACACCAGGAATGTAGGCAATAGGCAAAATATTAGAAGCCCTTGTACGAGTGGTAGATGCTGAACTTCTGTTTCCCGGCACGTTGAGAGTTGGAGGTACCAGTGACGTATTGAACAGGGTGTGACTTTCATCTTTTCTCATACCGCCATCATCCTCATCGTCTTCATCATCATCGTCTTCATCGTCGAAGTATTCCTCTTCATTCCCGTAACTTTGCGATGCCTCTTCCAATTTCAAAGCTTTATTTTTTTGCCTTTTGGGCTTCCAATATCTCTTGTTGATGAAATACAACGCCACCAAGGCAATAAGCATCGCACCACCTACAATACCCACGGTGAACCCCACAATCAACGAGGTTTTCTCATTTGAATTACTGGAACTAGAACTAGAGGAGGAGGAAGATAAACTACTCAGTTGTGAATCGGACTGTTTCGCACAGTATGTGGATGGGCACTTGTCACATGTTAATGAAGTCATAACACAATATTCTCCTGAAGCGCAAACAGGGCATGATGCAGTTGAATCGCAAACAACACATCCGTCGCTGCCTCTAGTTGCAGAAGTTGAAGAGGTGGCTGTGCTTGACAAGGATGAACTTGCAGAAGCCTTGGAGGAGCTCGACATTTTTTGTTTGATTTTCAGAAAACGAACGTAACCAGTTTGATAAATGTGGTGCCTCTCTTATTCGGCCTGGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:697085-697360

TATCTTGCCCGAACATGTCTTGACACAAGCAAGGAACGTTTGCTCATTAACCTTTTACACGGTTATGCTTGTACCAAAGGCTGATCACCTGGTTCGGGCACAAAACAGAGTTTAGTTTCCAACTGTGTTTCCTTTCCCGGATCAGATGATGGTAAGGGAACGGTAACGGCGTCTTCATCTTTACAAGGTTGGCCCTTCTTAAGATTTTGATGCTTTGTAGTCCATTTTTTGAATCTTCCTTGCAAAAGATAAATTTCCCTTCCCAAATTATTTCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:697486-698631

AAGAGAAGTCCTGACATATCGGTATTTCAAAAGAGTCTTTTTATTCTCTTGCAAAGGAGGCCCGCTAATAATGCTTTCCGTATCATCAGTTACTAGCTCCTTTTTGATATTTTTCCCAAATGTGGGACTTATGGAGGTCTTCTCAGGTTCAGAAGCGGAGTGAATTTGGCAGGTTTCATCAATTTTAACTAATGTATCGTCATTTTCAAAATCGTCAGGTGTTAAGGGTGATATAATATTCAATCCATTCATAAAATCATCAATATCACTAAAATATGGTGTCTTGCCCCGTTCCATCAAGTCCTCTCCATATCCATATACTTTATCATCGTTTACCTCTTCCAGATTATTATCAGATGGTAGGGCTAATTTACTCTTATTTTTTCTAAACCACTTATTCAACCTCTGTCTCCAATCACGATCATAGCGGCCATGCAATTGAGAAAGACTCTTCAGCTGCGTATTTGAACTGCTTTCACTGTCAGAAAAATTCTTATTGGTTTTAAACCAGCCAGAACAAGATCGGAAAAAAGTATCACTTTCAGTAACTTCTTTAATCACTTTTTCCAGCCTGGCAATTTCTTGGTCAGTTTTATCGTGAATATGATCAACTCTGACACCTAATTGTGCAGTCTCATTGATTAACCTTCGTAAATCTTCGCTTTCAGTCAAATGCGTTGTTATTTCAGCTTCTTCGTCAAACTGGAAGGTTCGTTCATCATCAGACCTAAGCTCTGAGGGGCTTAATACTGTTGGTAAGACTCCAGAAATCGTTTGCATGATTGATATTTTATCTTTTTATATGATTTTGTTTTTTAGTTATACTTACGCTTGCTACCCTTACTTATGAAGTCAGTCTCTTTTGTTAGCTTTTATTACAACACTTATGAGAAATTTATAAAAAAATCCCAGGAATGCTTTCACAAATTATCCATTCTACATAAAATCTTTTTTTATAGTATTACTTTTTTGTGACATCAAAATGAAGCACTAAATAATTATAGAAAATATTCAGCAAAAAAAAAGAAAAACCTTCTTCTGAAAAAAAAAAAAAAAAATTCAAAAAAAGACACCTTTCTACCTTGGCAGTAAATTTCAAATTAATTATTTACCAAACTGTAGTTCCCGCTCACTAATCCTTTCTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:698702-700042

GGTATCCGAAACAAGAAGGGTTAAGTTTTGAAGAAAATGCCAAGTATTTCAATTTCAATAATAAGAACGCAAAACTACAGGAGACTCTTACTAAGCATACTACTTCTCAAAAAAGGGCTTTATTTTATAGAACATAAAACATACTGTAGGATCGCACACTGGAAAATATGTTGAAACGATCATCTCTAATATATCTATCATGTGTCCTAATCATTACCATACCAATACTTTTGCATGTATACAATGGTCCAGGACTGTCCCATGAAGCCAATGAACATAGGGCTTCTCACAAGCAAAAAAGAACGTTAGCAAATCCGGATAAACCCAAAAGCGAAAACGATGAAGATCTATTTTGTGCGGTAACCAACCCAGTCACCGGATCATACATAGATCTATCACAGCTATCTTCAACTCCCAACAAATTAAGGGAGGGCCAAAAACAGATTTCTGGCAATAACAAGCATGAATCCTCCAAGACGAAGTGGTCAGTGAGAGGTTGGGGCTACGATACAAACTTCACGTTAGGCATCTGCTCTAGTCCTGTCGGAGAAGCTGAGTCGCAACAACTGTCCAATCTAACGGGCGCTTTTTACGTAGACCAGTTGAACGAAAATAATTTAGTATCGATTGGAGACTTCAGTACAAGGCCTGCGTTAGTCGGCGGCTCTACTGCCAAGAAATTAACTCTCAAATACGAAAACGGCTCTATGTGCCCGAACGGGAAGGACAAGAAGGCAACTTTATTGAATTTTGTCTGCGATAAAGAAATTCAATCAAAGGCCCAGATATCATACATTGGAAACCTACACAATTGCTCGTATTTCTTCGAAGTCCGCAGCATTCATGCGTGCCCCACCTCAAACAAAAAGAATGAAGTTAACGTTTTGGGTATCTTCATCGGTATCTTCGCTATATTCTTTTTAGTCGAATTTGCGGGGAGAAGATGGATCTATGCTAAACTAAATAGGCATTTGAAAAACGACGACGAGTTACACGACATATCGCCATCTTTAAATGAGCAACCACACTGGGACCTCATAGAGGACGGGTCTCGCTGGAGTAAATTTTTCAACGGGATAATTAAGACGACAAGAAGGTTCACGAAATCTTTAATGAGGTCTTTAGTCAGAGGCAGGAACAGCCGTCAAGGGGGCATAAGACTACGGTCATCCCCATCTGCCTCTTCGTCCAGCCTTGCCAACAGGGAGTTCTTCAGAGACATGGAGGCTCAAAACGAAATTATTGACAGCCTAGACATCAATAGTCATACAACAGAAAGCGACCACCCAACTTTGGCTGATAATAGCGTATAAACAATGCATACTTTGTACGTTCAAAATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:700538-704001

ACTTCTTGCTCATTAGAAAGAAAGCATAGCAATCTAATCTAAGTTTTAATTACAAAATGGGTAAAGAGAAGTCTCACATTAACGTTGTCGTTATCGGTCATGTCGATTCTGGTAAGTCTACCACTACCGGTCATTTGATTTACAAGTGTGGTGGTATTGACAAGAGAACCATCGAAAAGTTCGAAAAGGAAGCCGCTGAATTAGGTAAGGGTTCTTTCAAGTACGCTTGGGTTTTGGACAAGTTAAAGGCTGAAAGAGAAAGAGGTATCACTATCGATATTGCTTTGTGGAAGTTCGAAACTCCAAAGTACCAAGTTACCGTTATTGATGCTCCAGGTCACAGAGATTTCATCAAGAACATGATTACTGGTACTTCTCAAGCTGACTGTGCTATCTTGATTATTGCTGGTGGTGTCGGTGAATTCGAAGCCGGTATCTCTAAGGATGGTCAAACCAGAGAACACGCTTTGTTGGCTTTCACCTTGGGTGTTAGACAATTGATTGTTGCTGTCAACAAGATGGACTCCGTCAAATGGGACGAATCCAGATTCCAAGAAATTGTCAAGGAAACCTCCAACTTTATCAAGAAGGTTGGTTACAACCCAAAGACTGTTCCATTCGTCCCAATCTCTGGTTGGAACGGTGACAACATGATTGAAGCTACCACCAACGCTCCATGGTACAAGGGTTGGGAAAAGGAAACCAAGGCCGGTGTCGTCAAGGGTAAGACTTTGTTGGAAGCCATTGACGCCATTGAACAACCATCTAGACCAACTGACAAGCCATTGAGATTGCCATTGCAAGATGTTTACAAGATTGGTGGTATTGGTACTGTGCCAGTCGGTAGAGTTGAAACCGGTGTCATCAAGCCAGGTATGGTTGTTACTTTTGCCCCAGCTGGTGTTACCACTGAAGTCAAGTCCGTTGAAATGCATCACGAACAATTGGAACAAGGTGTTCCAGGTGACAACGTTGGTTTCAACGTCAAGAACGTTTCCGTTAAGGAAATCAGAAGAGGTAACGTCTGTGGTGACGCTAAGAACGATCCACCAAAGGGTTGCGCTTCTTTCAACGCTACCGTCATTGTTTTGAACCATCCAGGTCAAATCTCTGCTGGTTACTCTCCAGTTTTGGATTGTCACACTGCTCACATTGCTTGTAGATTCGACGAATTGTTGGAAAAGAACGACAGAAGATCTGGTAAGAAGTTGGAAGACCATCCAAAGTTCTTGAAGTCCGGTGACGCTGCTTTGGTCAAGTTCGTTCCATCTAAGCCAATGTGTGTTGAAGCTTTCAGTGAATACCCACCATTAGGTAGATTCGCTGTCAGAGACATGAGACAAACTGTCGCTGTCGGTGTTATCAAGTCTGTTGACAAGACTGAAAAGGCCGCTAAGGTTACCAAGGCTGCTCAAAAGGCTGCTAAGAAATAAGGAGATTGATAAGACTTTTCTAGTTGCATATCTTTTATATTTAAATCTTATCTATTAGTTAATTTTTTGTAATTTATCCTTATATATAGTCTGGTTATTCTAAAATATCATTTCAGTATCTAAAAATTCCCCTCTTTTTTCAGTTATATCTTAACAGGCGACAGTCCAAATGTTGATTTATCCCAGTCCGATTCATCAGGGTTGTGAAGCATTTTGTCAATGGTCGAAATCACATCAGTAATAGTGCCTCTTACTTGCCTCATAGAATTTCTTTCTCTTAACGTCACCGTTTGGTCTTTTATAGTTTCGAAATCTATGGTGATACCAAATGGTGTTCCCAATTCATCGTTACGGGCGTATTTTTTACCAATTGAAGTATTGGAATCGTCAATTTTAAAGTATATCTCTCTTTTACGTAAAGCCTGCGAGATCCTCTTAAGTATAGCGGGGAAGCCATCGTTATTCGATATTGTCGTAACAAATACTTTGATCGGCGCTATCTGTAATGGAAAAGAGAAGAAGCCTCTTGACTCACTATCCACTCGAACTTGGAAACAATGGTCGAAGATGCAGTATATGATACGACCTAAACCGAACGAGGGCTCAATGACATTAGGAATGTACTCTCGTATATGTTGCAAAGTTGTCTTCATTTTGATAGTAACCAAACTGCTATCTAGTTTTACGATCTGGCCATTTACTTGACAGGTAAATTCACCGTTCTTTTCCAGTTCTTCATGCCTCCTAATCAATTCATCCTGGGAAAATTTTGACAAAACAGATTCGATTAATTTTGCTTTCTGTTTGAACTTCGATCCGAAAAATTTCTTATTCACTTCCACAACCCACTCGGTTCTTTCTTTTGGTGTATCTAGCTTTTGCTTTACCGTCAGACTTCTTCCCGTTTTCTTGGAGTGTACAGTTAAATCAAAAGCCGCCCTGTCAGCACAACCGACACATTCAATCCAACCATACGATGTTAAAATTTCACCGTCCCAACAATCTGTGGCATAGTGTGCCATTTCATTCTTCAAATGCTGGCGAAATCTGAATTTGTCCTTGTTGATCCCAATATTCAACAAAAATTGATGAACTCTTGCCATAAAATATCCCAATGTTTCATTTTCTACCATTCCAGAATTCACTGCCTCTCCTATAGTCATTTTCACAGGCAGTTGGACTTCACCACTTTCCTGTAATCTGCGTGATAGTAGTGGAATCTCCTCATTTAACACTTCATTGAATTTTGCATGTGACTTATTCAACGGATCAACAAAGTGCTCAATTTCTGCCATTAAAAACTCTCTTACCCTTAAAAGCCCACTTCTGGGGGAAATTTCGTTTCTGAATGACTTACCAATGGAAGCTGAAGCAAACGGAATTTTCCCTTGGTTGATTTCCAATAATTTGTTGAAATTGAGAAATTGTCCTTGTGCAGTCTCTGGCCTTAGAAAGGCCTTCAATTGTCCTGAGGCTCCAATTTTAGTTTCGAACATCAAATTAAAGGAAGTTAGTGCGTCTAAAACATCGTTAGTGACTGGATCATTAATGTTATATTCCTGCATGACGAGATTCAACTCAGGACCCGAAAACCCGTCAATCGTGGTCAATATTTTCTCCATATTTTTCATATCCTGTGGATTGACATCCTTGTCCAACAGCCGTTTTTTCAACGTCTGTTCAATCAAATGGTCTGCTCTGTAGTATTCCCCAGTCTTAGGATTTCGGCACATCCAATCAGTAAATTTGTCTACATGCCCAGAAGTCTTCAACACATCGTAAGGAGTTAGCATTGGCCCATCAACCTGAAGCATGTTTTCTTCCATAATAAAATGTTCTCGCCACAGTCGAATCAAGTTATTTTGCAACTGACAACCCGGAGGCCCTAAATCAAATAAACCTGACACACCACCATATATCTCAAACGAGGGTGTGTAGAAAAACCTTCTCCTCAATGTACTTTCCAATTTATCTCTTTCCGAATTGGACATTAACGGCATGTTGATGTGATATGTCTTTCAACAGTCCAAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:704139-704628

ACCTTTTATATTCTGTCAAGGTTATTCATTACTTACTCACTGAATTGTTAAGACATCGTGCGCCTAGCCTACATAGTTATTATGAATTATGAAACACGCTTATGATTATAATCGTATGGAGAGACCACCAGCCCTTTGTTCTTCCTGGCACCTCTGAATATAGTTTCTAATATGTCAATCATTTCTTGTTTGTCGTCTACAATAAAGTTCAACTTGTTGTTGTTCCCTGTACCAAAATCACACATCATGTGCTTATTGTGGTAGAAAAACATTACTGTCATGGGATCCGTCAGCTCGTACATCTCATCAAAATCTGAAACTTCATCTATATCACATAAATAAATAACTGCAAAGTTCCTTACTCTTTCAGCAATCGAAGATAACAACTCGTCCATGATCATACATTGTCTATCATTTTTGCGACCAAAACGAATGACAACAAGTCGTTTAGTCTCGGTAACAATAGCCTGATCCACATGCCATCCCGTAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:704843-706742

ACTACTATAGCATGGATGAAAACGGTACAGTAAAGCCTGGCTATGAATTAAAGGGACTCAATTCGGGAAATTCGAGGTCAAATATGGATAAGGATCCCATCGTTAGCAAATTTCATAGGGCTGGTCTCAATGATTCTGCAGACGAGGAAGATACTGATATCAATGGTAATCGCAACACTAGCTGGATAACTTCAATGATTAGTGAAGAAAAACGCAAGGTGGAGGGAAAATCTATGCTGAATGATGAGGAAGATTTGCATTTATCCAAAGCTACTTTGAACAAATGCGATGCTCTAGTTAAGATATTAGCGGATATTATCAAGCTAGAGTTTGTTATTCACCAATCATGGTATATCAGATCCCTTCACAAGAGTGTCTTAATTCAATTTGAAGTAGAAACGTCTGGTGGAAATAAGAATAGCGCCGGTGATAGCGGCGACGATGATGATGATAATCATAATGGTAATCTGGACGATAGCTTTTATAAAGATTTAAGCTTAAAATGCATCAAAAAATGCGAGAAGTCTTCCCTTGCACTTGAGTCGCTGTCAAGGGACATTGACCAAATTAGAGATTTCATAATGTCCAATACAATAGAAGACAACAGGGTTGACAGGCTTTTGCAGAATTCGATGACCCTGTTATTAGAGTGTTGGATCTACTCTATGAAGAGATTGCGCCGTCTAAGGATGAAGATTGCAGGTATCTTTGTTAGGTCCAAACTTTTGCTTATTGATCATGAATTAGTGACCATATGGCATTTTTTACAGGAGCAAAACGAGCACGAAACGGTTAATAATGAGAACGAACTGAAATTGGCAGAAACAATAAAATCATACAGAGCGTTCATTAAGATATTTATTCAACAATTGGAGGACTCCGAATCGGGATCTCCATCCTCCTCTTTGTTTGAAGAATGTTTACACGTTTTTTTGGATATAGAATCGATGTACAACTCTTTAAACCTGAATTGGCTTTTGAACGAAAACAAAGCATTACAAGAAAGACTACTATCACCATCGTCGACATCGGAGAACGATCATACTAATAACCTTCCCGTTATTGATGAGACAAAGGAAATCGAAGATATCAGCTCATTTGTCAATAGCATTGTGGATGCATCCATGTTGACACATGATTTGACTCCTATTAACTCATCAGATAGCGACAATTTATCAAACGGAGAAATCGATCGTCTAGATGGAAGAAGGTTATCCTCTTCCACGTCAGATATGTCATTGATGATGCAAAGGACTTCTCTGCAGAAACAACTTCCTAGCTTATTAACTGCCTTCAACAACGCAAGAAGACTAGAACAAGAATTGCAAAACGCATGCAAAGTAAACGATAACAAACATAGCACGAAAGATACTGATTCAAATATACGACGGAATGAACATGCTATGTCTTCAAGTGTATCCTCCATCATCTCCCAAAACTCCACATTAGCATCACCGTCTCCTCCGATGTCATCGTCCTTTATATCCACGGCGCCATCACAATCAAGTTCTCGTATGAGTACATTACCACTGTCTCCTTCCTCTTCATTATTGGAATCACAATCGCAAACGCTGAAGAACAATATGTCGCAATGGTTGAACCAATCGCGATCTGGCCTCAACGGCACAAAACTTATTCCAACAAACCACATTGGGTTTCACAGCAATGTTCTGAATACTTTGTATGGTATCGGTGGTGGTCCGGTATCGAAATCTTATAAATCCAATCAACCTTCTTCACAAAATACTTGATAAGAATAAGGATATCATTGCTATGTAAACAAACTAAATGCGAGGGTTGAGTACATAAATACAAAGCAAGACTTTTATCATACATAACACATATAACAACCAATGCATGCATCCTCTCGACAATAGTTTTGTGCGTATGTCTTTGCGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:706782-709874

CCATCGCAGCGAGTTTAAGCCTGAAAAATAGTGAACCAGTTGAAAAACACTAATAACATCGATGCAAAACTAACTATCAATAAACTGTTGTGTTTTTAGAACTCTGTACGTTGTTTCCTATCCCAAGAGTTCAATAAGACGCAGCCAAGCTTTTATTCTCTTGACTCGTCCATCATAGAGCTTTATAGAAATGTCAGAGAAGGCTTCTGAAGAGAGACCCATACGGCTGGCCGTTCTGGGGGGCACTTCTACCGGAAAGACCTCCCTGGTATCTAGGCTTACTGTTAATATCGTCCACGAGGTTCATTATCCAACAAGAAACCAAACTAACTGGCTTTTCGGCTTTGTTCCGTCATCGATCCTGGCCAGAGCTATATTAGACGAACAAGCTCACGAAAGACTTTGCCTTCGTTCCCCAAGCAGCCAAACCTTAGAGCCTATCTTCCCTTCACCTCAGGTCTCCAAAAATGTACTGCTGTCGCCATTGGTGTTTCAAGCTTCCACTGATAATTTTCAATCAGTGAGGTTACACAACAAAAGCCACTCCAGGAGATCCCTATCTTTGGATAAATCTGATTCTCCGCTGTATCAAACTTTTTCCAATGACATTAACTCTCAAAGTGTTCCTAAAATCAAGGCAGACCAGCTTAACGTTATCGAGCATTTTAAATTGCCCCTGAATTACATTCCACCCACTTATGCACCAATCCAGATTGATATTATTGATACGCCTGGCTTCAGTCCTGATAATGTGGTGCCGTTCTTAGAAGTTTCTCTCTTCCGAAATTTAGGAAAATCAATCCTACATGGACTAGCAGATGAACCAAGACGACCTGTATCTACTACTTCACTATTGGTTGCCTCTGGTGCCTCTGAGTTGAATGGTAAAGTTGACGGTTATATCTTGGTGTATAGCGCAGTCCCTGAATTAAACCATATTGGAGGCCCTCCGGAATATGGAGATGATGTGATGAACACAGATACGGAAAACGTCAGCGATGGTGGATTTGAACTTTTAAAAGTGATTAGAAACTGCATACTAGATGCTTGGACTGAATTTCGAAATTATGAAAAAAGATGGGAGGAAGGCAAAGAGGATGATATTTACTCATTGGTTTACAGCCTGAGACATCTATGGAGTAAAAATAGCAAAGAGAAAAGCGCCAAAATAGAGCAATTGAGATCCTATAATACCAAACTAAAATCCATCGAGTTAGACCCCTCATCTCCCGATTCACCACCACCATGCATTATCGTCTGTTCTCACGTTAATCATGAACTCGCAAGCCCAATGTTGATTGAAATGGGAAGACAACTAGCAACAAAATGGAAATATGGATTTGTTGGAATAGACAGCATGGATGATTTAAATGTCGATGTGGCGGTTAGCTTACTAATAAAGGAAATATCAGAAAAGATGAAGCTACTGGTTTCTAATTCCAATGGAAGTAGTAGTAGTGGTAATTCAAGTTCAATTTACAACTCTCATTTAATGAATGACAAGAAGAAAAACAACAATGCCGGCTTAAACAAAAATATGTTGAAGAAAATTATAAAATAATTGATAGAGGGAAGAACTCCCTTTAACATTCTTATGACCATGATACATCGCACTTTTTTTTACTTGGATTGAGGAAATATGTATATATAGGCACGTATGTATATATACAAATGTTCTTTCTGAAACCATGTAAACAGAAAAGGAAAAAAAATAATTATATTTTATTGAGCTTTATGGTACCATCTTCATATCCAATTAAACACCAGTTACATTTCGCCAGCGCTTTAATACGTCTAAGTTGTCCTAACCTCAACCCATCTGACTGCACATCAAACGATTCCAAACATGTCATGGCTCCCACTTTATAGTTATGGGATTTCGAGCTGGATTCGGTATTTGAGCCGCTACCGTTTGTTAGGTCTCCCATAGAGCTATCACTCACGACCAGGTTGTTCTTTGATTTCACAAAAGTTTGCTCCACTTCTGAAGTCCGCATATTATAAACAATGGTCATACCTGACCAACTACTCACGACTAAGTAATCGTCTTTTACTTTATCAATATGACCAATATTCTTCAAGGGAAGATGTACTTTTGATGGCTCACTGACTCTCAGTGAGCTTGGGCATTTTATCAAAAGCGCATCATCTCTAAGGTATTTCGTCTCAAGTTGTAAGTTCACTGGAATTTTGTACTTGGTTATGAAATCGTCTGTTGAACAACTATAAAGTTCATCCCCGCTAACACACATATCAAGTATTGGATTCGGATAATGATCGTTAGAAACATGGACCAGTTCTGCAATGTCCCTTTGAAGGCCTTCATCAAAAGTAATTTTAAATCCGACTACAAACCCATTTTCATAACCTAAAAATATGACATCGTTTAATTTAGCAAATCTCATTATGATACCGAATTTGGAGTCTTTCGAAATTCCTAAAAAATTCTGCTGCTTCAAGAATCTGGGGAAATTAATATTATTGAATGGTCTTTTCAATTTAAATGTGGAGTCTTCTATTATCTGATATATATCGATAGTTTCCGAATCATCAGTATGACAGCAAACCAATCTATAACTTTTATTATCTTTGGTTGGTTTCACTTCAGCTTCGATGATGAAATTCGCAAAATTCAGTGTGTTTATGGGCATTTCATAGATTTTAGTCCATTGTAAATGATCCGTTTTATTGGCTTGGCTAAGCTTTCTAACTAAATCTATAGATAGTTGTGTAGATGAATCAAGCTCAAAAATTCGCAGCATGGAGTCTTTCGAAAGAATGTACAGCACATTGGTAGTTTCCACCCACCAAAACGCTATAATGTGCGAGTTGCCCTCGATTTCTATATGTGTAATCGGTCTCTTGGTCACCAGGTCCCACATAACGAAATAACCGTAGTTATCACCGGATAACAAGACTGGCACATTCGAAACTGACGGTGCTTTGATGACCTGCAAAGCTGTGATGCCCCTTTTATGGTAACGTAAGGTGAAATCGGATAAAGTCAACGTTCTCTTCAGGATTATCTCATTACTAAAGCCTCTCATGTGTTCTACGCCCATTGTAATCGACGCTCGCCTTGACTGCACATCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:710053-711410

TGGTGTGGACGATCCAGTGATAGAGAAGGGGAGAAGTAGATACGCAGAATGATGACTAGGGAGAGCATAGATAAAAGAGCAGGAAGAAGGGGTCCTAATCTGAATATTGTGCTGACGTGTCCGGAGTGCAAAGTCTACCCACCAAAAATCGTTGAAAGATTTAGTGAAGGGGATGTTGTATGTGCTCTATGTGGTCTAGTACTATCAGATAAACTGGTTGACACCAGGTCGGAGTGGAGAACGTTTTCAAATGATGATCACAACGGTGATGACCCAAGTCGTGTTGGTGAGGCTTCAAATCCTCTTTTAGATGGGAATAACCTATCTACAAGGATCGGAAAGGGTGAAACCACGGATATGAGATTCACCAAAGAACTGAATAAGGCACAAGGAAAAAATGTGATGGATAAAAAGGATAATGAAGTACAAGCTGCATTTGCTAAGATTACCATGCTATGTGATGCTGCTGAATTACCGAAGATTGTGAAAGATTGTGCCAAGGAAGCATATAAACTTTGCCACGATGAAAAAACTTTGAAGGGGAAATCAATGGAGAGTATAATGGCTGCATCCATACTGATTGGTTGCAGACGTGCTGAAGTGGCAAGGACTTTTAAAGAAATCCAGTCATTAATCCATGTCAAAACTAAAGAGTTTGGTAAAACTTTAAACATAATGAAGAACATTTTAAGAGGCAAGAGCGAAGATGGTTTCTTGAAGATTGATACCGATAATATGAGTGGTGCACAAAACCTAACTTATATACCCAGGTTTTGTTCGCATCTGGGCTTACCGATGCAAGTCACTACTTCTGCTGAATATACCGCAAAGAAATGTAAAGAGATCAAAGAAATTGCAGGTAAATCCCCTATTACTATCGCTGTTGTTTCCATCTATCTAAACATCCTGCTCTTTCAGATCCCTATTACCGCAGCGAAAGTGGGCCAAACCTTGCAAGTTACTGAAGGTACCATCAAATCTGGTTACAAGATACTTTATGAGCATAGAGACAAGCTTGTGGATCCGCAGCTTATTGCTAATGGTGTAGTGTCTTTGGATAACTTACCGGGCGTTGAAAAGAAATAATGAAGTGATAAAACAGTAAATTATAGGAACAAGAAGCACGGGTACTCGTGTTAGAGGGTAGAACCTTTTCCATGGCAGTTCAATCGAATATTTATTTTGTTATTTTACAATTCAAAAAAATAGAATGAACACTTTATAATTTAACAAGATTTTTCTTTTTTTTTTTATTGAAGGAGGTATTCGAAAGGATGAAAGCTAAACAAGTTATTTGAAATATGCATACATACATATATATATATACTGTGTATATTCAAATGGTGGCCTTTAGCCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:711588-713058

GTGGAGTCACTTTTGGCATACCAGGCATATTCGGCATACCAGGCATGTTTGGCATACCCGGCATGTTTGGCATGCCAGGCATCCTAGCATTGGCACCAGGGGCTCCTGGTTGTTGCTGGGTTGCGGTTTGTGCCATTCTTGCCATCATCTGCTGTTGCATCAATATCATTTCTACCTCGAACACAGAAGTACCTGAACCTTTAGCTACACGAACCATTCTTGTAGGCTCTTCAATGAACATTCTACCATCAGATTCTAGTTCTTCTTTAGTCATAGAATCCAAAACGTAAACCATTTTCTTCATCTTTTGAGAGGTTTCCTCCTCCCCTACTTGATTCATCATATTACTCATACCAGGAATCATCTGCGCTATATTTGATAATGGACCCATTTTCATTATTGTTTGCATCTGTTTCTTGAAATCTAGCAAGGTGAACTTACCCTTTTGGATGTTTTCCATTGTGGCTTTTGCATCTTCCTTGTTGGAAACGGTTTGTAATTGCTCAAAGAGACTCTCTATATCACCAATACCCAACAGTTTAGATATGAATGACTTAGGCGAGAACTTTTCCAAATCATGAATGTGCTCACCTGTACCAATAAAGATAATCGGAGTGTTTGTGGCTGCAACGGCCGAAATTGCCCCACCCCCTCTAGCGTGGCCGTCCATCTTGGTTAATATAATGGCACCAAAATCGGACGATTCTTTGAAAGCCTTGGATTGTTGCTCTGCAGCTTGACCAATGGAAGCATCTAAAACCATGATAGTTTGATTAGGCTTGATGACATTGGATATTTCAATCATTTCTTGGAACAACTCTTCTTCTTGATGATGCCTACCTGAAGTATCAACGATGATGATATCAAACTTCTCTTTCTTAAACTTGTTAATACCTTCTTCTGCAACTTTGGCAGGGTCAGTCTCCGTATATGACCCATAAAATGGAATTCTTGCTCTTATAGCGTTTTGTTTCAATTGGTCAAATGCACCAGCACGGAAAGTATCCGCACATACCAAACCCACTTTGAAACCTCTCTTCGAGTAGTAAACTGCTAACTTGGTACAGGAAGTAGTTTTACCTGAACCTTGCAGCCCAACAAACATGATGATGTTTGTCTTTCTCTTCTTGGGCACAAAGGCCTTCTCTTCACTACCTTCGCAGGTGACCAACTTACACAGTTCATCAAACACCGTTTTCTGAATAAGCTTCTTAGTTTGTGCGTTTGTTGTGGACTTCTCACTACGGTTCTCACTCAGCAGCTGTGACCTTATATTATTTCGTAACTTAGAAACCAGGGCAATATTCACATCCGATTCTAACAACGCAGTCACGATGCCCTTTAACATTACATCTACGGATGTAGTAAAGTCATCCTGTGTATTGGAAATCGCGTTATTCACAGCAGAATTAATCCGCTTCCCCAAATCAGCCAAAACCATCCTTTAGTTAGACTCGATGCTGTGTTTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:713276-718540

TGAACAGTGTTTGGGATGATGCTAGAATAGAGGACAGAACGGTGGACAAACCAGTAGGCTCCTCTCACGCTCAGGAGAAACTCGCGCTGGTAAAATCAACTTTGTTTAAACTTGACCAAGAAGATAGACCAGAATGCGATTCCTGGGTACAACTAGTCAAATTGATCTGCGACGAAGACCGTGAAGAAGAATTTACTACATTCAAGGAGTTATTAAGGGAAGTCAAAAACGTTAATGATAAATCCGTCACAGGCGTTGCCTTGATTCATTATATCATTGTATTTGATCGTGCAGACTACATTGAGTTACTACATGATAATCCTTCTGGTGCAAAATTAGATTTGAATCTTGTCGACGACATTGTAGGTTACACACCTTTGATGTGGAGTTTCAGTCTGCAGAGAAGGAACTGTTGCTTGGAGCTGTTCAACGCATTCGACGAGATAAACTTCAACATGACGAATAAGGCTGGATTAACCGCTTGGGATATGGTTCCTCCATATTCACCACTTTCGGAATTTTTGGAACAAAACAATATGTTTCGATACCGTACCGAAGTAAAACATGAAATACCTCAAATTTCCCAACCGAAAGACACCTCTCTTCTAATGAGTAATGAAGACTCTACCACGAAAGAAACTTTTGATAATATTGACTTACAAGTCGCCGGTTTGACCCTGTCCCCTGGTGCAAATGACAACATGTTTCTGGATTCTGATGAAAAGAACATGAATCATTCTCAGGGAGCTGCAACCCTAATAGATCCCACATATACAGAAGACTACCACGGTACATTTGATTATGATAAACTATCTCCGGACCAATACTTGGAATTTTCCGACTTTGATATACCACAAATCCTGAATCTATTGATATCGCTACCACAAAAGGAACCTCACATGACCACCTATCCAGCTGGTTTAATATACCAATGTATTAGATATGCTGATCATAAGATAAAGTCCAAGCCACTAGTAGAATCGTTAATTAACTTATCTCTAACAAAAATTCTGACCAGTGTTTCATCCAACGGAGCTGCAGGATTGGTCTCCACAGAAGCTTCTTTGCAAGCAGGTGACATTGTATTGCAATCGTATTGGTTAAGTTGTTTATCTTTTCTCTATTACTACCTCTGTAGAGATGATTCATTTTTCAAGAGGCATCCAAGCGTGTTACAAGAGCTGATTAACACCATCCACTCTATTATCATAGAACTGACATCTTCCATTCATTGCAGGTTGATTTCTTTGATAGATTCAACTTTACTAGCATACACAACAATCCAGGACGTTAAACAAACTTTATACAAAAGAGACTGGAACTTTTTTAAAAAGAGAAAGCAGGCCAAGCTTTTATTGAAGGAAAAGAACAGAAAACAATTAAAGGAACAACAAAAGAAAGAACTTCATCGAAAAAGCCAGGGTCAAGAAAATCATGAAGAAGAGGAGGGTCAACAAGATGGGAATGATTCAGATGATAGGGCATCAACAAATGATGATAACAATTCTAGTGTTTCACTCTTTTATGATAAAGAAATTTTGAGACATTTATATCCTCCATCATTCGAAGAGCAGATGAAACCCTCTCCACTAAAGATTGTTCAAATATTTGGTGCCTTGTCTTACGTTCTTAATTTACATCAAACGCATCCGATTTTCCAACAACAGTGTCTCTCTATTTCAGTTAACTGGTTTGCCACGACCTTATTCAATAAGATCTTAAAGGACAAAAAGAAAAGATCTTTATCAAGAGCCCATGCTATTCAAATCAGGTTAAATCTTTCAACTCTAGAATCATGGATACAGAACAACGATTTCTGTGTTCCTAAACCGATGCTTATTGATGACTTCATGTGGCAGCGCTTTCCAATGACTTTAATTCGCGACGTTGGCGAGATAGATTTATCGGATCCGATACTAAGAAATGTAGCAACTTACAAACCTATAGATGAAAATAACAAGGACTTGATATATGATACGTCAAACTCATTATTTTACTACCAACCTTTCCATAAGATCGCCCAAATTCATCTTGAGCCAGTTTTCCAACTATTACAATGGTTGCAAGTAGCTACAACACTAGATAGTGAAGAATCATTAATATCAACAATGAATTTATTACCAAGAATTACACCAGTACAGCTCCTAAAGTCTATGGAAAAATACAATTACGAATTGAATGAAAATAAATTCAACTCCAAACTGAAGAAATTTTTAAACAACAAAATCAAAGATAGTAAGATGAGCAAGGCAGACGCGTATTTACAAGAACATGAAATACCGTATCTAGTTTTACCAACTATACCCGAAATGACAGACTTGTATTCAAAGGGTCCTGATTCACATTCTTTCCAACCGTTTTTACCAGGCAGTATCCAAGACGATGTTTATGAAATTCACGATGTCAACTTCAAACAAAGACAAAATGAACCACAGATATCTCGGACTAACTCGGGTACCTCAGATTTTACTGGAGATGAGGATAAGGCGCAATATGAAACTGAAGGGGTAGGGGAAAGTATAGATATTAACGAAACAGTCGAACCCGAGAGCAACGCGTTCAATGTAGGTAATGATGATTATTTTAAAGAATTAAATATTCCGTCTTCAACTGCTCAACGTCCTGCTTGGTCGAATAATGATGATATGGAACAAAATCCGTGGTAATTTGTGCGTTAGAACAGTGAACTTTTGTATCGAACTTTATATAATAATTCTACGGATGTATCCATCTTATTTCTTTTCAAAAGAATGGAAGAATAGAAATGTAAATAATGAGTTAAAAGGGGCAGTTGCTTGATATTTTGACACGAATTTAGTTACAACATTTTGCATATAGCTTCAAGTGATATTTATTTATTTTTAATATAGTACCGTGGACTCACAGTTTGGGCTCTCGCTGTTCTTCAAATTCTAAATCTTGCTTGAAAAAGCCGTCATTAAAACGATTCTGAGAGGTCTTCTTAACAAAAGCTTGAGAGCTTTCAAGTTTTGAAGCTTTCACATGGGGATCACCATTTTTGAGCGAATTCTGAGAATCATTTGAGGATACAGAAAACTTTCTATTTTCTTTGTTCGCAAACATCTTTGAAGCATTCATATTTGAAGCCGACGGTGGAACTGGAAAATTCTCAGTGTCTTTTTCCTTCCTGCCTTCTAGTTTTGGAGATAGTGTATTTAACGGTTGTGAAGGCCTTCTTGGTACTGGTCTCCTATTAGAAATCATTTTTGGATTGGATGTAAGGATAGGATTATCTGATTCTCTCTCATCTGCTGAATCGTCATTTTTCTTATCTTGAACATCTATTTCATCCATATCTTCGGTGTCACTCGAATTACCAACATTATCCTTATACCATCTACCGATTTTCTTGATTGAATTCTTGAAGTATTTCCTTGACTTGGTAGAATTTTCAGAACTGGAAACATCATCATTAGTCGCGGTTGTGACTGTTGTCTGGGTTGTAGTTTTCGTTGCCACTCCAGATGCGTCAACAAGATCTTTTAGGTTTTCTTTCTTTCTCTCTGGCCTTAAGGCTTTTTTGATTCGACTCTGGGTTTTCATTCCGCCCTCTTGAAGTGCTTCTAAGTGTTCCTTAGCACTAGTATTATTCATATCTGAGGCTGCCGCAGCAGTGCGAGCCCTCGCCGCTGCCTCAGGATCCTGCTCCTCCCAAATACCACCTCTGTATACTTCATTAGGTGTTGGATAAAAAACAATATCATCCATAAACGGTACAACTAGGGACTCCTTCACGGCTTCGGCAAACTTACTCTTTATAGCGTTAGTAACGACGTTGTATGATAATTTACTTGAACTGACAATGGGCTCAATTTCAAAATCCATTATAGGTTCGGTGCGAAAAGCATACCAAATTCTGTTAGATGGAGGTGGTTTGATTAAAAATAAAAGTGGACCGGAAAATTCTTTAATTTTTATGGACAACTGCAAAGAAACCTCCCTTTGTTTGAAACGTGATCCCAAGTTAATACTCGCCTTTGTCGCAATAATAATTGTCAAGTTTCCCCTGTATTGAACGTCGATAGCAATCTTAGTCGAACCCTCAGGAGACAATTCTAATAACTCAGGAGAGGTGAATAATGGAGCACTATCACCCACGTCGACCTTTTCAACAACCAAATCATCCAAGAACCCTGGGGTTTTTATTTTATTCAATTTCTTGCAGATTTTCTCATGAATAAACTTATTCAACGTATCAGTTTGTTGCAGAGAAAGAAATAATCTCCCAAGAAGAGCATTCAGCCACTTAGTAGTTAACTGATTTTCAGTAGAGTTGATATCCTGAATCAATTGTAACATATCCTTAGTCTTCAAATGAGCTGCGTTAGCTGAAACATTAGGATCCAATAAACCAGTTGAGAGGGAATTACTGTTTTTAGAGGCATTGATCAACTGATAATACCAATCTTCTTTGTCCATGTTATTATCGAAATACAAGAAGAACTGATTTGAGCTATGGAATTGTGATTGATATTCATGTGTAGTGTCATTGGTAGAGATGTCACCGTTATTCGATTCAGCACTGGTAAGTGGGTCGAAGTGTGGCAGGATAACATTATGGTTTTTAGAGTCTATAGAAACGAGGTCATTCTTGAAAATAGCAATACAAGTTCTCTTAGTGAAAAGCGAGGCATCTGGCAATTCTTCCTTACCCAGTTCATCGAAACGGGGCCAAATGGTGATAAATCTGTTTTGTAAAGATATAGCATGGACCAAATTTGCATTTTGAGAATCGTCTTTATACAAAAACAAATTTCCATGTCTTAATACTGCAAAAAACCTTTGTTTTTTCTTCAAGTCTGTTCTTTGCAAGATTTGCTCTTGAAGTGCAGTGTCTGAATCTTTATTATTATTAGAATTCTTCAAAATTACAGCCACTTCTGAAGAATGATAATAATATTGCTTAGTGACGGTGATCCAACCCTTGTTAAAAACTTTGACACCTAATTGCTCTTCTAGCTTGCGTGCTTTAAACTCTGGGTCTATATCGCGAGCCAGAAGTCTGGTTTTCTCATCAATTTCGTCTGCTGTATCATGATCTAGCTCCTTCTTCGATGCCGATTTAAGGTTACTGTACAATAAATGGATTTTATAGAGGGTGAAAAGGACCAAAGGCAAAAATGTGATACCGCCAAGCAAGTAAACTGCGAGAAATACCTTCAAGCTAGCCATTATGGTCTTTTAATGCTACTTTTCTCTTGCTGTTCTGCTCTTCGATGTGTTCAAAACCCTTTCTCCTGGTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:718646-719312

AGTTATTTAAAGGGCTACATAGGGTGCAAGATTAGTTAGGTTGTAGAACTAGTTTTTCAGAGTCATTAAATCAGTTATTTTTTATTTTGTAGTCATCAATTAGCCCCTTCGTTAAAGAGACCAATCTAGTACAGTGTGAATATAAAAAAATCATCATAATAAACTAGTCCGCAACAGTCTCTTTTATCATCCAAATCAACTGATAAGGAATAAATTGAAATAAGAAACAAATTTCCGAAAAAATCAGATGTCTTGTGACCAATCATCAATTCTCCACTAAAGAACCATAATGCCATCAACATCGCTCCTTTAAAAAATTTGTACACAAAAGAACGATGAGAGTAGACGGCGACCCTTTAACAGATACTAATATGTCCGCCCGGTCGACAACAAATCATCATATCAAAAGGAAAATTAAAAATTCCATTGCAGGCATGAAAAAGATAATAATGAAAGATAAATGCTTTCTTTTCTTCCCTTCCGTGGCACCCCTCATACAAGGCTGAAACTTAACGAAAAAGGGTTGTCGACATGTAGTTAAACCACTATTCAGTCGGAACAATTGGTATATGATTAATAATTTTTAATCATAGGGGAGTCACACAGAAAGAAAATGGAAAAAGAAAAAAGGAACTCATATATTATCTCTTCCAAGGGACCTACTGGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:719581-720502

GGAGTTCTGTGTGCACTCCAGTTCGGGCTAAAGAGTCGTAATCGTACTGGTCAGGCAGGTACTTGTTGTCAGAGAGACGGTACAACTTGCGGGATACTTGCTTGTTGACGTGCTTGTAGGCATCCTTGAAGCGCAGCAGAGGCAGTGGGTACCGGTCCAGTGCTCGTCGCACGTGCATCTGGATTTTGTGCTTGGCATTCCGTATCTGTTCATACATCTGCTGTGTCTTGACGCTGTGCTTGTCCCGTAACTCACCAGCAAAAATCATGGAATTCCTGGAATCGTAGCTAGCAAGTTGGCTACTGATAGCACCCATGCGCAGCTCGAGCAATGCATTTGATCTACAATCTGTGCACTCCTGCCACGTATTGCGATCGCCCACCTCACAAGCTAGCCCGCGTAGACATGTTTCGTGATATATTGCTTCGCAGTCTTGGCAATACAGGCTTAATCGAGAAACATCTGTGTCTCCGCATATGCTGCACTGAATTATCTTAATGGTATCCATCACCAGCGTACCTCTAAGCCTTTCGCTGAGAAATTCTATTTCTTGGTCTTGCTCCCCTGTATCGTCCTCATTTCTTTCGTTAGTTGTTTCGGCCCCCACATAATCGATAGCATTCTTAATCATAAACCCCATCTTCAAATTTATAGAAAGTGCATGTTGCCCTTCGCCAACTTCTAAATGGGTGGATTCAACCCTGCAGATGGGGCACTTCAAGTTGATACTATACTTGTGCCACTCTCTTATACAGTTTAAGTGGAATTTATGCCCGCAAACGTTCAAACATCCAAATTGTTCACCCTCTTGGTCATCTGCCAAACAAATAGGACACTCTTCCATCTTTTTATATGATATTTGGATATTTGGCTGAGGGTATGGTCTCTCCCTTGGCTCAACTCCTTGCATCTTTTTTTCTAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:720556-726366

ACTTACTAAGGCATTCAACATAGAAAATGAAGATGGATACAAAAAAGATCCACACACATACAAGCCTCCAACAAAAAAAACATGTCCCGCCATCAGTTTGATCTAATAATGTGCCTAAAGCAGCCTGGTGTACAGACAGGTCTTCTTTGTGAAAAATGTGATGGCAAATGTCCTATCTGCGACTCTTATGTAAGGCCCAAAAGGAAAGTTAGAGTATGTGAAAACTGTTCGTTTGGTAAACAAGCTAAAAATTGTATAATTTGTAATCTAAATGTTGGAGTCAATGACGCATTCTATTGTTGGGAGTGCTGCCGCTTAGGTAAAGATAAAGATGGCTGTCCTAGGATCTTAAACCTTGGCAGCAATAGACTGGATAGACATTTCGAGAAAAAGAAAAAGGTATAACACATACATATAGAATATGTAAAAATATATAAATAAATAACATGCATTTATAACCCATGGTACTATTTTCTTCCCCTTATTCGTTACTATATTCGTCGTAACTACTGTCGCTCACGCACACTTGCAAACTGTTCTCGTTGAATAAGAAGCTTTCCTCTATATCATCTATACCATCACTATCGTCGTTATTGCCTTGCCCCTCCTCTTCTCCTTTACCATGCTCTAAGATATTCTTTTCAGCCTGCTTGCGAGTCACTTCTTTTATGATACTTACAAACAGCTCGCTTCTCTTAATTTCGTAGATTAACCAGTCCATTCTGACAGCCAGCTGTCTTATGCGGTTTATCATATCTGTCTTAGTCTTTGTGCTAATAGGAACACATTTTCCCATAAGCATCAGAGTGCTTTCAAATTTTTTCAATTTCTCCCATTTGGCTGATTTTATAGACCTAAGTCTTTCCATCCTCTGCAAAATGGTAAGCTTTCTCTTATTACAAATAGTGTTTGCTATACTACCAATTTCCACATAGCATCCGTCATATGCTGAAAATAGATTGATAGAATCGATCCAGTTGTCCCTTTCATACTTATTAGCACATTTCCAGATAAAATTTCGATGACATGTATGTAAGTATAATAGACAATCGGCATTTTCGTCTTCGAAAATCGGATACTCGTCCTTAATGGAATGATAATCTTCATTACTGTCATTTGAACTGAGTTGATTATCTGAACTAGAAACACTATCGTTGTCACTCTCGCCGTTACTCACACTGCTCGTACCATCAGTAGAATTCGTTATGCTATCCTCTTCATCTGAAGATGGCTCGAAGACTCCTTCATTGTGTTTGGCGGAGCTACTTGCTGCAGTTGTGTTGCTTGTATGACTCCCAGTAGAATGATGCTCTGTATACGCAAGTACCAAACTTGCGAAATGAGATTTCCCAAGTGAATCTCGCTCCCTATCAGCAAATAAACCGTTATACACGTCAATCGTACTTCCCGGAACAAAAGAAAATCCTGATTTAAAATCAATTATATAGTTTGTAGTTCCTGATTTTGGGTCCTTCATCATCTGTGGATTTATCCAGTCCATTTTATCGCAGATCAAAAGCCCCAATGATGTTAATATGGCAAATTCCTTTTTCCAATGAATTTTAGCGGAGTTAACAATAGAAAATTTTCTACTGGGCATCCCCAAATTCATTATTGCTCCCATTTGAAGGATTTTGCAATACTTATAATCGGAGTTCTTGCATCCAGACCGGCTATTATCATTCAATATTTCAAAATTAGGTAAATTCAGTTTATTCAATTGACTTTTGTGAAAGCGTAAATACCCACCTTTAGTATCATTCATAATACTATAATATTTTTCGTATTTATGTTCTTCATTTCTCAACAAATTTGCCTTCAGAGCATTCTTATTCCAATATTTTGAGACTTCTGGAAATAGATTTACTTCATTTAATGTATCATTTATAATGTGCGAATAAACGTTAATGTCATCTTGAACTAACGTAGCATTTCCGCTAGAACTAGAGCTTGGATTATATGAAAAATAAGACGATATTGAGTTAGAAGCCGGTCTATTGCTATTACTGTTAGCCGTTCCGAGGTTGGCCCCGTTTATAGTACCCGACGTACTTGGTGGGCAAGAAGCCGCCGTAGATGGGGCAATACCAGATGCACTAATTGAATTCGTTAGCGGATAAAAGATTGGGGAAAGGGAAGCTTCCTTGGGTATTATACTCCCCCTTTTTATCATGTCTATGGGAGAATACATCGAATTCGAAGATAATGTGATAGCAAAATTTGTGTCAAATGCATCTTTATCAAGGATGCTATCGTCCAACGCCATTGGTGACATCAAAAAGTAATTAAATTTCGGCGACTCTTTGGCTGTCACATTCTCATAAAAATATGTCAAAACGGCCATAGGGATCTCATTACCTCCTGAGTATTTGTCATTATGGACTAAATCCACGAAATCATGCTTTGTCATTTTGCTTTTATTGTTGGGGTTAAAGTAATCAGTGTGCAACATTAGTAAGGAAAATGCAATAAAATACACCTGGTCTGCATTAGACCAGGGGCACTCAATTCCTTTTTTCTTAGAATAGCTCTTTTGGGCCTTATAGTATGCAAAGCTAAAAGCCATTATCAATCTATCAATTTGCTGCGTCTCCTTTGGAAGCTCTAAAAACATCAACAATTTCCTCAGGGCAATATCTAAAGGGTCATTTTTAAATTCGAAGCAATTCGTTAATAGGTAGTTTAAACAATTTTTTTTGAACTCATCATCTTTTTCCGTTAAAATGATCCCAATGAACTTTCCGTAGGGCGCTAATTTAATCAAGAAGTCCTTACAAGAATCACTAAATTCAGGCGCGGGAACCGGTGGTAGATCTTCCAGCGAGACATCCAGTTTTTGTTGTAGCTGCTGTTGTTGTTGAAGGTGCTGTTGCCTAGAGGATGATAAACTGGAGGAGCGAAGGTTAACAAAACTACTTAAAGCATTCACAATTGAGCTACTTCTTCTTGACATTCCAGTAATAGTTGAATTGGCATTGCTTTTATTGTTGTAAACTGAAGTAGGGCCTGATCCATGAGGTAGGCCCAATTTGTTATGGTAGCCTTCATCTTCAATTGATTTTCTCTTGCCGCCCTTGCCTTGAACAAAAGACGTACTTTGAGATCGAGACCTTGATAAAACCTGATGGTCTGGGTGACTTGCTTCCGCTCCATCTGTATCATTGCTTATAATATTGGCATCATCGGGCAAAAGAGGTCCGCGGGATCCCATGGGGTCTTGCATAAGAGAATTTGTATTTTTCTCGTCAATAGTCCTAATAAAAGAAGATGGAGAGAGTGGCGGTTTGTTCTTTGCTGTATTGTTTTTGTTAATATAGTCAAATACGTCAACAGTTCTACTGCGCCTTCTTCCGAACCTCCTTTTGGAGATCTCATCTTGTTGTTTTGCCAATTCAATTTGAGGAGTTGCATCAAGTGGTATTGCGTGCAGCGAATTGAATTTTATTGACGACGACGATGATGATGATGATGCAACAACAGCTCTTTTGGACGGATTGAAATATCTTGAAGCCGCTGTAGAGGAACCGACGGAAGAAGATGTCGATATCCTACTCACAGTAGGAAGAGTAGGAACTAATCTATCACCGTTAAACAGGGTAGGCTCTTGTGATTTTCTGTAATCTCTTGACAATCTATTAGAAGAAGGAAATTTTTCTAGAGCAGGTTTCACAGGAATGAATGGGGCGTGTTTTGAATTTCTCTTTACGTTATCAGACCCGGAGCTAGTAAGCGTGACTCTCTCACCATCGGGCTTGGGAACTTTCTCTATCGAATCTATGTTGTTTTCTGATTTGAAAGGCATTTCTTCAGGATCTTGTCCATTACGGAGGTGTTGTGCAACCAAGATTTCATCATCTTCAGAACCCTTTTCATTGGCTGACCTGAAATTCAAGTCTAACCTACCCATCTTACGCCGTATCCTGCTTAGTTTGCTGTGTTTTTTTGTGGGCTCGCATTCTTTTACATCAAGTTTATCGTCGTCATTATTAGTGTGTTCCTGTATTTCTGCGAGTTGAAGAAAAGGACTTCTATAACTTTCCGACTCTCTTAATTTATCTATGCCTGTTGAAACATTGCTTCCGCCCTTTTTGTTGCCATTTTTATCGTTACTGTGTGATTGAAGGAATTTAAGCTTAATCAACGAAGAAATAGACTGATTCATTATCTGGCAAGTGTGGATTGAAGAGCTGGTCTGGCGGGAAGTTAGCGAAAATGAAGTTACAATGAGTTGAAACAGAGTAAATAATAGGGAGTGGATGCGAGTAACCTTGCGATGTCAAAAGAATTCAAAGTACTATATCTACTGCCTTTCTTTCCACTTGGTGCCTTTTACCCTGAAAGTCTAATGAGCAGGTAGTATAAGAGAAGCAGCTTCTGAAGAAGAGTTCTTTGTACAATAAACCGGCCTTGTGGTGCGAGAGAGGCTTGTAATATAGATTATACTGAAGCCTGTTGAACTTAGCGTCTATTTTCTTTTCGTTCCCTATATCACTTTTCCTAATATTTTCAACATCTCCTTTACGCCAAAAACAAGAAAAAGGACGAGATGGCCTTGGGTTTTTAATGCTTACGCCTGTTTCGCCTCTCATAAGACAGATAAATGTACGTTAACCATTTGACAGTTAACTTTTTAGGCGTGAACAAGGAACGTATTAAAGTGTTTTTCGAATAATTGATCACTTTCTAGCTTTCATTCTTTTTTAAGAGCTACATCCAATTACTGTGCATTGGGCTCTATAAAAAAAGAAAAACGAACCTTACCTTGTGGTCGGAATTGTGTACTGAAATCAGTGGTTGAAGATAATTGTACTAAAGAATCAAAAATAGACAGTCTTCAAATGATTACTCAAGACACTCCTGCTTTAAATCCAACGGAAGAACACTACCTGAAGAGGGAACTGCTTCGATGTCAATTGGATTATGAAATTGGAAAGCTTAACGATCAGTTTGCTTTGAGAAAGTTCGGTTATCCTTTCTCACCAAACGATCCGACAGCTCCACAGCCTATCTCCAATAACGATTCATCACCAGTGCTCGGTGGCAAAGGCCATTTTAGCGTTAATTATCCCATGCTGAGTTATGTTTTGCAAGAATTTATATCCACATTTCCTTTACTTTCAACAAATTTGCTAGTTGATGAAAAATTCTGGCAGAGTAAGGTTCAAGTGTTCTTTGAACATTTCATGAGTCTTGGGTTTAGTGAAAGTTATGACAGGGAGGAAGCTTCAAAAAGGAAGAAAGTTTCCAAAAAGCTATCAAAGGTTATCTTGTTGCTCTTTAACTCCGGTGTTGGCTCTTTTCAAGAGCAAGCGTATTATAATGAGGATAAATTCGTTTTACAGTCAGGCCAAGCGAGAAAACGCTCTAATATTGAGAAATTTGCAATGCCAACTAGAGAAAATTTAGAGAATTTGCTCACTAACGAATCCGTTTTTATTAACGGTTGGGACGTCAATATTATATCCGTGTTCAATAAGAATTCACGGAAATGTACTGAAAGTGTGGATAATGACAAGTCTAGTAAATCTACTCCAACTTCGAGTCCCAAAAGCCATGCTATAAAATCATTTGCTTCCACTTCTAAATGGATGAAGAATGCCTTCAACAACACTATTAACAGTACCATAAATAGTATGCCCGAATCCTCAGCATCTTTATTTTCGAAATTATCCCTTGGCGTGCCTTCAACTAAGAGCAAGCAATCTAGAAAACATCATTATTTCTTGATTAAGATTAAGAAGCAAGATGACGACGACCAAGATAACAGCAATGAAGAGAATAGTAATCTTGATCACCATGCTGGTTATTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:726467-729577

AGTGACGTCTATGATAACTAAAACCGAAGTGTTACACAATGGGCAAACTAAATCAGCAGCCAGGGAAAAAATCGTCAACACTTTTGACACTGATTTACAATCTGCATCAGAGTCTGATAATTCTTCATTTTTACAGACAACGAATGAATTATCTGCTACAGAAACAGTACTCACAGAAAAAGAAACTGAAACGTTGAGAAAAAATATTCTAAATGAGATCAAGGAAGAAGATAATATTGATGAGGACGAGTATGAGGAAGAAGGTGAAGGTGAAGAAAGTGATTTTGATGAATATAAAGATGCATCCGATTCAAAAATCAATACTTTGGTGGGTGAAAAAATGAGAACTTCATTAAGACAATATTTAAGGACTTTGTGTAAAGATGCAGAGGTTTCTCAAAGCTCATCTATTCGTCGCTTCTTCCTAAGTGGGCCTAATTTAGATATTAAGGACATAAATCCGAAAATAGCAGATGACATTAGAAACAGGGCTCTGATAGATGTAAGTAATTTGGAGAACCAAATACGTTTCCAACAGATGGCGTTAGAAAAGTCTTTAAAGCTGCAAGACTCAATGAAAGATTTCAAAACATCCCTGTTAAAAGATGAAAAATACTTGATGAGTCTACTAGTAGAAATCAAGGACAATACGAAAGTTGAAGACCTGTCACCACTTTTACAAGACTTTGTGGAATGGTGTAAGATTTATATTTCCTCAATGATTTATCAAATGTTTCTGGGTAACGATAACAGTTATGAACTCTATACACAAATAAGACGGTTACATAAGCTTATGCCGTACACAGTAATGGGACAGATCATGAAATTTACTAATCCAATAGCGATCATGAGGGGTATGATTGAATTATTTATGGCACAACCCTTCGGTGGTCATTCGCTCCTTCAAACAATGTTTTCTACGATATTAACAGATGATTTGAAAACTCAAAAGGTAGCTATAAAGGAATTAGAAAGGAAAATTGCTGAGATGGACCCGGGCGCTTCAGTTGTGACTAAATGCTTGAAGGATTTTGTCTTTAATAATGATACTAAGGATGAGCATGATACTAAACTCTTTACTATGGACGCAGTAAATGCAGAATCCGAATCCATGAACATGCCTGTACCATTGATAGTATTAATGAAAAGTGCAGCTGCAAATCTAATTCCAGACGAGGTTGTCGCGGGACTTATTGAATCCTATTCATCATGGAAACTGCAAAAAGAAGACACGGATGCCTTGAATGTAACCAGCGAAGATCAGTCAGGTATTTATTTCACACACGTCAAAGATTTATGGCAATTGTATATTAAAGAACATGATAAACAGCTAATGAGGCAGCTATGGCAAGATCCTGAGTTAACCCAAATGCTAAAGGCAATTGTCACTATGATTTACGAACCTATGGTCAAGATCTTCAAAGTTGCAAGGATGGATGTTGCTTTGAAAAATTTTGAGAAGTTCATGAGTGATTTGATCAGGCTTGTTGATGATGTTATCAATGGTCAGTTGGGCGTTTCCACACAGTTCGATGTCGTGGAAGAAATCCATAACTTAGTAACCAAACATCAAGATGCCTTTTTTGAGTTTATTCATGATGTATATTTGAACGATTCAGAGGGCATTTTTGAAGGTTTTATTACTTGGATTACTACGATAGTGAAATTTTTGCAAAAGAGTAAATTCGGAGGACCGAGTGAAAGGATCGACTTCAATAAGTTAATTTGTAGAGATGATATCGATATTGATGTCAAACTTTTGAAAGTTCAAGTTAATAATGTTCTTAATAAAAAGATTGGTGCGAGAAAAATCTATAAGAAGTTGTTAGATTTGAAGGTTAAACAAGGTACTAAACAAAATAACAAACACGCTGCTGGCATACTTCAAAAGAATTGGAGTGACATAAACTCCTTGGTTATGCCATCCAGCTCTGGATCTTTTGGACTTGGAGATGGTGATTTGGTGGATTTGGATCTCGATACAGGTGATTACGATTTTTTACATAAAGAGAATGAAGTTGAATTAGAAAAGCAATACAAAGATTTATTGAATCTTGTTGTTGATGAAAGTGAAATTGATAAATTGAGATCTCAAGTTTTCGCACAGGAATTAAAAAATTATTTAGAAGCTCAAATTGCTAAAAAGTAGGCCCTTTCTAGTATCTCCTTTATTCGTTTTTATTCGTTACGATTTTCCGGCTTAATAATATAGGATTGCTAGGTCTATATATAAGAAAAGCTTGTAGAAATAAAAAAATAGAAAAAACTTCAAGATAAATATTGTTCTCTTTTATTTTAAGATCCTACAAACAGCACAATTCCCCTTTTAGTTATTTTTAGCCAAGATCAGGATAGCAGAGAACTGAGTCCCTTATTCTTTAATTGAGGGTCAAAAAATTCCGATTGCGAACTTCATCTCCACCTTGGCAAAGGAATGACGAAAAAATGATCTTGCATATATATATTTACTTGTAAAATAATTATTTTGGAATTTTTCTTAACAAACCACCTGACAAACAAACACCGTACGCAAGCATCCCGCAAACATTAGAAAGATTGAACAAAAGACTCAATCCGTGCGACTTGCCAAATTCTTTACGTAATATAGCATCCTTTGCTTCCAATTCACTACCCGTGTATTTCTTCGCAATATTCTTTCTTTGTTCTTTAACTTTATGGGTCCAGGGCAACAACCAAAACAAATTGGTTAGCCCACTGACAGATGCAACCACCAAAGAAGATAATGGTCCTGTTGTCAAGGCAATTGGAGCGGTAAGGGCCAGGATGACAGGTGATGCCGCTTGCATTTGGAAAAAATACGGGAAGATCTTATTTTGCAAAGCAGAAAATTGGTCTTTTTCAAGAACTTTGAATGCGATTGGAGAAGCTACATAGGAATAAAACGTCGTTCCTCCAAATCTGAAAGATTAAGTTGGTACATAAAAGTTGTTAGTCAGTTATTCTCAATTAATCATAATTGTTCAAATTTTTTCTTGTGTCTTAATCTGTACATACACAAAGGAATAAAAAAGCAAATGAGCCGTAGTTTTGACTAAACACATTTTTCGTTGTTAAGTTTACTGGACTGTAAAGCGTAGTTTGATCTGCCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:729724-730303

AAGATCAATCAATACGATTATCATAAACCATGACTAAGTAGATACACAGACACGAATATATGGAGAAATGGTTGTGAAAGCTATTGCACGAAATTCCATAGGTCGTAATGGAGTTGGAGCATTCGTGTTTCCATGCAGAAAGATTACTTTGCAATTCTGTAACTGGGGAGGGTCTTCGGAAGGCATGAGGAAATTTTTGACTTCAAAGAGATTAGATAAATGGGGCCAGGAGTTCCCATGGATACAGTTTGAAGTGATGAGGAAGTCTGGACATCCTTTGTTGAGGGCAGAATACACAAATGGGCGTGAAAAAGTTATTTGTGTGAGAAACTTGAACATTGACAATGTAGAAAACAAGCTAAAGCTATTGAAGGATTCTGATGGAGACATTTTACGCAGAAGAACAAAGAATGATAACGTGGAAAGCTTGAACAGTAGTGTGAGGGGTATATGGTCGCCTCTGCATGCTGCGAAAAGGCATAGAATTTAGCTTTAGTATATAAGAAAATTCTAGAAATAGAGAGAGATAATTATACTTGTATATATAATTTGGGGCAGATAAGACTCCTGATATTTAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:730425-736795

CATATAAAAGATGTAACTTCTAGGATATCTGAAAGAGCAACCGTACGGTATTCAACGTTTAGATTTGATGGACGGCCTTAGCTTTGTTGATAAAGGGAAAATACCAGATGGTTACAAAAATGAAATAGATCAATTAGTAAAGAAGGAATTTGCGAATATAAAAAGAGAGCCTGTTCATCCCGAAATACGAGGTATACTTGCGAAGAGAAAGGGGGCCGATAATAGTGTTTCTACGCTTACAAATGCATTGTACACCGAATACTTGAAACAACGTAATAACAAAAAAAGGCGAACACCGGATTTTAATGACGACGATGATACTTTATTTTTGGAAGAGTATAGAAGGAAATACCCGAGGATTGATACTTCCAGATACATACCGAACGAGTCTTCCGAAGTTAGCTTGTTAGGAATTGTAGATTCTTATTTAAAACATCAGGAAATAGTTTTGGATACACTTCTACCGCAAACGGTATCGAATCAATGGAGAATTAATAATGATTATATTCGTCAAACGTGTACTATAGTGGAAGAAATGAACATCCAGCAGAGGAAACAAATTAACGATTTGGAAATATACAGAAAGAGGTTATAATGTCGCAATGGACCTTTATTATTATAAATGTGGCGGCAAATCGTGGAAGGATATTGGATCGCTCGCCATAGAAGTCCTTAGCGCGCATGTACAATAACATAGAGTTTCATCTTGGTTTAAAATTCATAATTTTATTAATTGGTTACAAAAAAAACATAGATATGAGTATATAAATGTATTATATTTCTTCACAAACTAATTAAATTATTTGTCCAAAACATCAGCATCGTACTTTTGCTTGAACCAAGAGACGGTGTCTTCCTTAGTTGTCTTGTGGGAGTTACCAACGGTACCCTTACATCTCTTTCTTCTAGTGACTCTAGCACCTGGTCTGTTCATGACGACATAGAAATCCATACCGAAAATACCGATGGATGGGTCATACTTGATACCCAAGTCAATGTGTTCGTCAATACCGAAACCGAAGTTACCGGTAGCAGAGAAGTTTCTGTCTCTCAATTGGTATTCCTTGACCTTCAAACCTCTTTCCAAAATTTCTTCAGCCTTTGGACCTCTGACGGTAACGTGAACAGCAATTTTTTCGTTTCTTCTGATACCGAAAGTTCTGACAGTGTATCTGGCCTTGGATTGAACTGGAGTTTGACCAGATAATTGCTCTAAAACCTTGGAGGCTCTGGTCAATCTGTCACCAGATTCACCAACAGAAATGTTTAAGACCAACTTTTCGATCTTCAAATCACGCATAGGGTTTTGAGCTTTGGCAGACATCTTTGGCTATGTTTGTATGTTCTTGGTTCACCTTCCCTTCCACTGAAAAAAAAATAATATTAGTTGAAATACAATAAAATATGAACTAAGAAAGAAGCCTGCGGTTACTATCAAGATGTATCAAACAATGAAACTTTCGCATAGCTGAGTGGTAAGTGGGCTACCTTTGCTAGTGAAACAATAATTCCCTGCAAAGTGAAAAAGTTCGATTGGAAACTGGTCACGTGGATGTGAGTCTATTACCCGTAGAGTCTGCGCGCTGTTTGCGTCGCTCTCTGTATTTCTATGGATTTCACCGTTCTTTTTTCATTTATACAAAAAAGACAGAACTTAATGAAATAATCGCATCGTCAGTACACCCATACCTTTAGGATGGTTGGATGTTGCGCTGTCGCAGGAAAGAGCCTCTCCGGGTATTATGTGATATGAGGGAAAACAGCAAAAGGGTGGCAAAACGAAGAATAGCACTCCTTCAATAATGCAAGGTGAATTGTAAAGAAAGGCTTCAATATATCAATTTTCAAAAGAGAATAACAAATTTACTATTAAATTGAATAGATAGAAAGAAACCAGAAAGAAAAGAAGGAAAAAAAAACAAACATGCAAGCTATTGCCGATAGTTTCAGTGTACCAAACAGATTGGTTAAGGAACTTCAATATGACAACGAACAAAACTTAGAGAGCGATTTCGTAACGGGCGCCTCCCAGTTTCAACGTTTGGCACCATCGCTTACGGTTCCACCAATTGCGTCTCCACAGCAGTTTTTAAGAGCACACACAGATGATTCACGAAACCCAGACTGTAAAATCAAGATCGCACATGGTACTACAACCTTAGCATTTAGATTTCAAGGCGGTATTATTGTGGCAGTAGATTCTCGTGCCACTGCCGGCAATTGGGTTGCTTCTCAAACTGTGAAGAAAGTTATTGAGATCAACCCATTTTTATTGGGTACAATGGCTGGTGGTGCGGCAGATTGTCAATTTTGGGAAACTTGGCTAGGTTCTCAGTGTAGGCTGCACGAGCTGAGGGAAAAGGAACGTATATCTGTCGCAGCCGCATCCAAGATTTTAAGCAATTTAGTATACCAATATAAAGGGGCCGGTTTATCAATGGGTACTATGATCTGTGGTTACACTAGGAAGGAGGGCCCAACCATTTATTACGTCGACTCAGACGGTACAAGATTAAAAGGTGACATATTCTGCGTTGGTTCAGGTCAAACATTTGCATATGGTGTTCTAGACTCTAACTATAAATGGGATTTATCCGTTGAAGATGCTTTATATCTAGGTAAGAGATCTATTTTAGCTGCTGCCCATAGAGATGCTTACTCTGGTGGTTCTGTAAATTTATATCATGTTACCGAGGATGGTTGGATATATCACGGTAATCATGACGTAGGTGAACTATTTTGGAAGGTCAAGGAAGAGGAAGGATCTTTCAACAACGTTATTGGCTAAATAGAAGCATCAAACATATGTATATGCACATCTATATTAATGATACATTATTCTCTTCAAGGATCCAATATGGCTTCCCATAGAATTATGAAGGAAGTCCAGTTCTCATGTTTCCAATCATCACATCTATATATTTTTATATAATTATATCTTTAAGTATTGTTCGGTAATATGAGGACAGACGCCATCAATGCAAACAAAAAGTGAAACCCGAAATCAAACGAAGTGAATAAGTAGTTGTAGAGGCGACCCGATGGAAAATTTTGTAAAAATCGAAGACTGAATCTCAACAACGCAAAACAGAATAGGACGCATAGATTCATACCTATTACTATGGCTTGATCCGATCTATCTTTATGAAAAGATTTATGCTTCTACTTCGAATATGCTAATACTATTATCGAAATTTTTTAAAGTTTTTCCTCAAGGGATACATTTACTTCAGTGATACCCTCGTTGATATCCTCGCTGACCTTCCGCCTTTTAGAATCATGACCTTCTTCGTCGGTTTTTGAAATCTCGCGATTATCATTGCTACTATTCTCGTCTTTAGATGGAATATCATCTTTAGATTCGTTGTTTTTAATACTTTCACTATCGATCTTTTCGTTTTTGTTGTTCTTTTCATCTACTTCGCTTCCACTATCACTTTCGCTTTCGCTTTCACTACTAGTGCTGCTATTATCGCCGCTTCCACTAGCACTACCGTCATCGCTACCACTATCGCTCTCGCTTCCGCTCTCACTACTGGAACTGCTACTACTACTAGTGCCGCTTTCACTTTCTAAGTCGTTGTCCTGTGCAGGCTTAGGTTTGGGTTGTGCATCAACATTTTGAGAAGCAGCCGCCGGAACTGACGTAGCTGCCACAGAGGATGTAGCCCTAGCATTTTGTCTCGGTTGAAAAAATCGAGACAAGGACGAAGGATCAAACGATCCCGGTTGTTTATCATGCAAGTAATTATTGGGATGGGATGATGCCGACGCAGATAACTGAGATGGAGGCCTATCTGGTACATGCGGCGTCTGGACTATTGGTTGGCGTATCGGTTTGGAATGCTGTGCCTTAGCTGCTAAAGCCGCCGCCGCTGTAGTTTCAGGGTTCACTAATTGCTTTACCTCACCTTTTGTGACTTTTGCAGTTGCCGCGTTTACAGCAGCTGCTAAAATTAGATTCAAATGCTGAGGATTCTTGTCCATCAAGGCTGTAAGTGGATTACCAGTAATCCCCTTGTTTTTTGCCGCTTGTGTAACCTGATTTATTGTCATAGCTAGAGCCTGCGTCAAAATTGCAGCGATGACCTGCTTCGATAAACCCTTTCTATCTCGTGTTAAAATGACAAGCTGTTCCTGCAGATATTTCATTGTCCTTTGATTATCACTTGCTGTATTTTTCCTGTTCGAGGCGGCTCTGTTTGCTGCAAGAGTTTGTGAGATGTTTTGTTTTCTCGCATTAACGTTAGATCTCTGCGAAACAATATCTTTTTTGCCCCTCTGCGGCACTTGCTGAAGTTTGTGCTGTTGCTGTTCAAGTTTTAATTGTGCAGCTTGTGCCTTTGCCACAGCTATCTCACTTTGTTTCTTTTTCTGTCGTTCCCTCTCTGCAATATATTCTTCATCAAGACCCCATAACCATCCTTTGCCTTCTTTAGAAACCTTCCTGAAAGATTTATTTAGCGATAAGTTGTGTCTTACCGAGCTTTGCCACCCATCAGGACAGTATTTATAATAGGGGAAGAGTTCTCTTATTCCTGCATAAATTTCAGATAAAGACATTCCCTTGGCAGTCGAGTACTTTCGTATGCAAGTAGTTAGCATAGCAGAGTAAGATACAGTAGGTTTCGTTCTATATTCTACTGGAATCTCCTCCAAAGTATATACTTTCTTTGGTATTTTCGGTGGCTTCTTTTCTTTCTTAACAGCTGGTTTGGTCTGCGCTTTCTTGGGCTTTGCTCCAGTTGTAATCTTTTTCTTAGATTTGGGCTCGTTTTTTTTGAGATTTCTTGTATTTATTTCAGATTCTGCTATGTCAGCGTTTTCTGGGCTTTTGCTATCGTCGTTACGTTCTTGTTCTGGTAAAATAAATTGAAATGGAATTTGTCCAATTTGAATTTTTGTCTTATTACGAAGTGGCACAGTATTTCCTTTTTCAACGAAAATGTCATCCACAAAAGCACCATTCTTCCCTATTATGGACAATTCGAACCTTCCTGTCCCAAAATTGTAAAAAATCTGGGCGTGTCTCCTCGATATTGATTTTGAAGGACCAAGATTAACGTCAACTTTGTGGGAGAAGTCATTCTCAGACCTCCTTCCGATTATTGCATGTAATGTTTGTACATAAAATGTGAAACTTTGAAAGTCCAGCCTTGCATAGGCGAAGATAGTCGGTTGTTCATTCGGTAGCGGTAAACTTGCATCGATTGGCTCAGATAGTTTTCGTTGGGTAGTTTCAGCATCTGTACTATTATTTTCCGTTACAGTGTTTTGTGGCGGTTGTCCCACTAATTCATGCTGCTGAAACATTATTGGCGTTATTGAATTGTTTCTCATATGCAGCATGTTGTTTTTTTCATCTACTAATGTTGGTAGGGTCTCGGTATCTTTGTTTACTGATAATTTATGCACATCTGTGTATATAGCATCAGCAGTGGGTTCATCCTTTTGTATACTTGTATCTTCTGAGTTCCTTATGCCTTCAGTTTTCACTGCTGCTGTGTTATCTTGAGTTTTCTCCCTTTCGTCCTCATCAGGGTTTACTGGCTCTATATTGATATCTTCTTTTGATGAAACCTCCCTGCTGTGATCATGAGTTAAATCGATGTTATTTACAGGATCCATGGTGTGGGATAACAACTCATTTGAGTTGAACAGAGCTTCATCATTTTTTGCATCAAATTCCAGTAGCTTCGAAAAATCAGCGTTATCAAGGTTATCAGGTAATTCAAGTTTCAAATTTCCATTATCGTCTGTAACAGGATTCTCTACCTCGTTTTCAATATCAGTAGTCGTGTTTTGAGGATGTTTTTCCTCTGTTACTATATCAGAACTTTTTGGTAGTTTTGTTTCAATCGGTACCTCGCTTGTCGGTGAATTTGTTATGCTTTCTTTGGTTTCTTGGTCTTTCAATGCGGAAGAATCTATAGTAAACTGTGTTTCAGTGGTAGGCGATGAAGTCCCGACATGATTGCTGCTTTCTATTATTGCCATTTCCCCATCCATCTTATTCTTATATTTGTATAGATATGAGTGGGTTTTTGTTTTGAGCGGCTAGACGTTAAATCAGGTAAAAACCAGTACCAGGTATATTATGGTAATAAAAAAAGGAGAAAATAAAATGCTTTCAAATACAAAATTAATATTCGTGATGACCTTCTACAAGAGAAAAAAATGTGCCAATAGAAAAGTCCTATTTATCCAGCCCAGAAGATAATAGCAAATATTAATAGACTTTAAACTAACTCAAAGGATGACAAAGTTGGCCTTAGAGAAAGAGCTACTCCTTTCTTAGCTTGGTGACGGAATATATTTCAAAGGTTCCTTTGTTTATTTTTTATTAACGCTTTTAATTTTTCTTGTCTTAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:736936-739641

GTTTATATGAAACTACTTAGTATTCAGCTCGTAAAGCTTATGTTATATTTACTGTGTTCTATCAATCTTCATATTTCTAGCTTTAATTCTTTCCTGAGAGTTTATCACCCAATCGAAAGTACCATTGAAGTCATCCTTGATATCACCTGTAGTCAAATCAAAATTGTCATCATCTAAACCGAGAAGCAACACGATTTGTGTCAATTTCAAGAACTTCTCTCTGAGATTATAGTTCAAGCCACACATATTGCCGATGAAAAGGCTCAGTTCTCTATCTAATTTCGTAACACCAAGTTCATTGAATTCTAGAGTCCATATTCTTTGCTCCAATGTTGTTACGATGTAGTCGACTATGACAGATAGCAACTCTGCATATGCTTCGTTGTGAAGAATATTTTTGTAAGGGATAATCAATTGGTTCCATTTGCTATTGAAACTGTTAATTTGCGACAAATCTTCGAAATCTTCTATGCTTGTGATGTAATTCTTTTGGTTCGAACCTGCAGAATAATCGCGAGACACATTTTTTTGATTGGACGTTGAGGAATTTGATGAGGCTGAATTAACAAAAACAGTTCCCAATAAGTTCCGAACCCTATTTTGTAGGATATTTTGGAACAAGTATTTGACAGCCCATTTGCTTAGCTTATCTGTTTGTTCCAGGACTAATTTTTCTGAGTTTATAATTAAATTCTGTAACTGCGCTGCATCATTGTCAAAAGGGAAATTGTCTCTCAAAATCCTTTGCGAATCGTCTTCTAATATTTCTATGGATAACAGCCTGTGAACGTATACTTTACTCAAGTACAACGTGTTCAGATATATCAAATAATGGTGCAACGCAAGAATGGAATCCTCGTCCTCTGCAACTACGGCTTGTAAATTTGATTGAATATTTGTCAAAGCGCTAGCTGCTGCCCCTCTAAAAGTGAACCTGCTTAGCGGAGAAAACTTATTTGCAGGTGGAGAAACCGATCTTGATGTTGCAGATTGCTCCTCACCTTTTGGAATGTATCTTTTCAAAGATACATTGGAGGCTAGTTTCGATTGTAGTAACTTAAATTTGTTTTGCATAAATTTTACCAGAAATCGGTTCTGAAAAAATTTTACCAACTCGTTCAAAAAACTTGCTAAGAGCTTAAACTGGCCAGTATTAACCACTGATATCAGATTTTTCCGAACTAATAAAATTAAGTCATCTAAAACAGATGTTACAGGGTATGAAATGTTATCGTGGTCATTGAGGGGAACAGCAGTTATAAGATCGTTCAGTGACGGTAATTCTTCTAGTGAAATACTATTTCTAAATGATCTCTGCAGATGGTTCAACACAAACACCTGAAACTCATCAAAGACCTTATCTTGCTTTAACTTTAAGGCAAATTTACCATCTGCTATTGGTGGAGGTGGTTGCAATACATGCGGATGCAAATCGCTAAATTCATTCCATTTAACTGAATAAAATCTAGAATACATGGACCAATTTTGAAGTATTTGAGAAAATTCCATTATCAATAATGCCAAGTCATGAATGGATATAATTGAGCTCTTTTCCGTTTCTCCGTCTGTTTCGATATCCGACTGATTACTGTCTATATTCACATCTTCATTCTTTTGTGAATGTTCCCATTCATTTATATCATGTATAGTCCTTTCTATTTTCCTCGTCTCCATAAAAATATCTAGAATCAAACTAGCTTGAAGATCAGCTTCTTTTTCTACTTTTTCCATGACATGCACCATGTGCTTTTTTCCATAACACGTGGCGATGACTTTTGAATGATCATTTATAATGGTCGATACAATTTTAAAAAGATGTAACAGTACTTGTGAAAAAAATCCTTGAAACTTGGTGCTGTTTTCCATAGAATTCGACATAATTTTCCTGCTTTCGTCCGCAATAATATCACAGACATATTTGGAATACAGGTCTAAACCAAGTACGTCCTGCCCAATCATAGGGAACATTTTGAACATTAAGGTTAGCTCTTTAATATCCTGTGTTCTTGTTGCTTCCATGAATTGCTCCTGAAATAAACTTGTCAGTTCCTTACACCAATTCTTTATTAGTATAGCTGGTTCTTCGGGAATTTCACTCGAGGGCACAACTTTCTTGGCAAACTCGGATACAATAAGTTTTTTATCCGGAAGGCTTCTAATTTCATTGATTGCTGTCGCAGCAACTAAGTAATCCTTTGTTTCTAAAGCAGAATGCGCCAGTGAAATATTATTCTTTAGCGTCCTGACGTCTTTTACAAATTGTAACGTTTTGTTGACCAAAGCGCGTTCCTGATCTACAGTTTCAATATCGTCATGTATAGCTTTTGCTCTTGCGTTCGAAGAAGAAATGGTGGCCACAGTCTCATGAAACTGAGTCAAAGTAGTCGTAAGGTTAGTTCTTTGCAATTCTAATTTCCGGGACTCTTTGTTGAGCGATGATTGCGACTGTTGCACAAATGCATTTAATTGTTTAGATTGTTTTGCGTAATCATTGGCTATCACTTCAGACAGCTTGTCTATTTGAGATAGTGTCGATAATTTGTCTAATAACAAGGTGTACCTTGCTAGATTTTTAGACAATTGGCCCTCGATGATCGAGCTCTCCCATGATGCATTCGATTTTTGCCCTTCCATCAAAACTTCACCCTTTTAGAGCCTGACAATACAGTATCGTTAGTTTGCGCTACTTCGCTGTCCCAACGAATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:739995-742206

TAACCTCATCAACAGCAAAAATCGTCTTAAAACACATCTCAAAGACTAGTTCTCAAACGTCACGCTATGAACAGTACACCTCCTACGTCACCCGTCACCAGGGTTTCTGATGGTTCCTTTCCATCCATAAGTAACAATAGTAAGGGTTTTGCTTATCGCCAACCGCAAAAACATAAAAGTAACTTCGCATATTCACATCTGGTATCTCCTGTAGAGGAGCCGACAGCTAAATTCAGTGAGGCATTCCAGACAGATTATTCTAGTAAGGCGCCCGTTGCTACCTCGGAGGCGCACCTAAAGAACGATTTAGACGTATTGTTCACTACCCCCCGGTTTTACTCTCCGGAGAATTTGGCTTTAATGTTCCGTCTTTCTAATACAGTTTCTTCCCTAGAATTTCTGGATGAGTTTTTGATGGGCATATTACTTGCTCCAGAGATGGATTTTTTGTCAAATCCAAGTTATTCTCTTCCGTCTAACAAATTAGTGGGACAGGGAAGTTATTCATATGTGTACCCTATATCATCAAGTGCTTCATCAAGATGTAACAACGATTCAGGGGTTGTTTTAAAGTTTGCCAAATCACAGCATAAAAGCAAGGTGATTTTACAGGAAGCTTTGACGCTAGCATATCTCCAGTACATGAGTCCTTCAACCAATGAAAGTCATATTATTCCATTCTATGGGTTGACATACATAACTAAATCCCATTTTAGAAGACTGAGGTCCAACGAATGTGTTCCTGGCCTTATTCTTCCGAAATGCGAAATGAGTTTATATCACTTCAATACAGCAGTGTCACATAAGCTTTCGTTGATAACAAAAAGAAAAATATGGTGGAGACTTATGAAGCAAATGATAGACGCATTAAAATCTTTGAAAACAAATGGTATAATTCATGGTGATATAAAAACAGCAAATATTTTAATAACAGAAATGCATGTTCTTAATGGAGGCCATTGTAAGGATTTTGACTTCTACCTTGCTGACTTTACGTCGGCATTTCACATTAATCAAACACCAACAGATCTGAATACCACGGTAGAATACTGTGCACCAGAACTAATTGATAGCTCCTCCGATCATGTTCCTACATTTGAATCGGATTTGTATGCCGTGGGGCTTTGTCTTTTATCATTTATATCGCAGCATGAGCCTTACAACGAACTTCAGGCGTTAGTGTCGCATGGATCCTCTCCAGGTATTGGCAGTTCATCTATACAGCAGTCCCAATGGCTGATAAATGCTCTTTTGAAAAAAGATCCTATAAATCTAAACATGTTAAGAAACGATTTATTCCAGGATTGGAAGTCAGAACTAGCATTATTGTCCAGAATTCTGGTTGATAGACTTCCTCTAGAAAATCTCATAACTATACTCGATAGTAACTATATATGATAATATACATGTCTATGAAATCGAAAACCCCCAGCCATGCATAGATCAAACTTCACCGTTTATAATTGCGTTTAAACGCCTTTCCTTTTCTTCATCCATTTTCCTGGTATTTATCTCATCGTCTCTCTTAATTCTTAATTTACTACCTTCATCTGGGATTATGAACTGTGGATGTTCCATATCACATTCATCCTTCCCTAAAGGACAAAATCCGGTCATGTATCTTTGACAGAAAACCTTCTTAATATGCCGTCTAGGACAAGAACTCCCCAGAGGACAGAATCCCATTTCGTAATTTTCACATTTTGGTATCTTGCTAGCGGGATCTATGTGTAGATATTGACAATCTGGACTTTGTGTACAGTACCCGTTTTTGCTGAAGAAGACACATTCAGGCATTTTTCGAAGATTGTATTCATGTAAGTATTCACATTGGTCATTCTTTTTGCACAACCCTCGAAGCCAATGTCTACAAACAATTTTATTCTGAAATATTGGTAACACATGCTTTTTTGGACATAACGGTCCCCTCGGACATGATTTAGGGCCTTCTCTAGAATTGTAAAATTCACAAATAGGTCTGTCAGGATCGAGTGAAAACGAATACTCTTGCCTGAGGAAAGGTTCAAATTTAAAAGGATATTTTGCTGTATCGGGGTGAATTAGGCTCATTACATAAACTTATTGATTTTATTCGTCCTAGAATACTTGTTTAAGATACAGTGCAGAAATCTTTAGCTTATAATTCAGAAATGTGATATTTTGAAGCGATTGGAACAACAAAGTACAGTGCATTCTATATAATTATTAAAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:742334-746944

AGCATTGAAAAACCTAATTGTTAACACTACACAAATCTCTATTGTTGTAGTAAACTGCGCTTTTTACCACTGTTACAATAGTTACTAATACACGCAAAAATTCTGGATAAACACGGCAAAATGGTAGACGTGGAAGAGAAAAGTCAAGAAGTTGAATATGTTGATCCAACGGTGAATAGGGTGCCCAATTATGAGGTATCTGAAAAGGCGTTTCTTTTGACACAATCAAAGGTTAGTATTGAACAGCGTAAGGAAGCGGCAGAGTTCGTTTTAGCCAAAATTAAAGAGGAAGAAATGGCCCCTTATTATAAATATCTTTGCGAGGAATACCTTGTTAATAATGGCCAATCTGACTTGGAACACGATGAAAAGTCAGATTCTTTAAACGAATGGATCAAATTTGACCAGGAGCTATACAATGAATTGTGCAAAAAAAATGAAAGTAAGATTAAAGAGTTAAATGAAAAGATCCAAAAATTGGAAGAAGATGATGAAGGTGAACTAGAACAAGCTCAAGCCTGGATTAATCTGGGTGAATATTATGCACAAATCGGTGACAAAGATAATGCTGAAAAGACGCTAGGGAAATCATTATCGAAGGCTATTTCCACAGGCGCCAAAATTGATGTTATGCTAACAATTGCAAGGCTGGGGTTCTTTTATAACGACCAACTTTATGTTAAGGAGAAGTTGGAAGCAGTCAATTCTATGATTGAAAAAGGTGGTGACTGGGAGAGAAGAAATAGATATAAAACATACTATGGTATCCACTGCTTGGCCGTAAGAAACTTTAAGGAAGCGGCAAAGTTATTGGTCGATTCTCTAGCAACTTTCACCTCTATTGAATTAACTTCCTATGAAAGCATTGCCACATATGCATCGGTCACAGGTTTATTCACTCTGGAAAGAACAGACCTAAAATCCAAAGTCATCGATTCACCTGAATTGTTATCTTTAATCTCAACAACTGCCGCACTACAATCTATCTCGTCGTTAACAATTTCCCTTTACGCGTCCGATTATGCCAGTTACTTTCCATATCTTTTGGAAACATATGCAAATGTTTTGATTCCATGTAAATATTTGAATAGACATGCAGATTTCTTTGTTAGAGAAATGAGAAGAAAAGTCTACGCACAATTGTTGGAATCATATAAGACTTTGTCGCTGAAATCTATGGCAAGCGCATTTGGTGTTTCGGTTGCGTTCTTGGATAACGACCTGGGTAAGTTTATTCCAAATAAGCAACTAAATTGTGTCATTGATAGAGTTAATGGGATCGTAGAGACCAACAGGCCAGACAACAAAAATGCTCAATACCATCTGCTAGTTAAGCAAGGTGACGGTTTGCTAACAAAATTACAAAAATACGGTGCAGCAGTGAGATTGACAGGGTCAGATCGTGTTTGAGGAATTTACATTATTTAGCAACGCACATAATCACATCAACATGTATACATAGTTTGGAGACTTGAGTAAATAGTAGTGAGAGGATATATGGATCGGTTCAAGTCAAAGGATTGTAATCATCCTCTTTCTCCTTTAAAACGGAGAGCTTCTATAGTTTTCAAGCTTCCATTAAAAATTTCAGTATTTAGTTCGGAAAGTTACATAATTGCAATGTCTCATAAAGGACCATGCTTCTTTTGAAAGTGAGGAATCTAAGGCTGAAAATGCCAATTCTTAAAAAGTAGTATAACCAGAAAAAGGAATCCCCATAAAAGGAAATTCATGATACGGTCATTGTTTCTTCATTTGTTTAATACGTTGTATTCGAGTGTTCTAGCCAATAAACGATTCAACTAAAACACTTCTGGTTCGCTTTTAGGGATATCGTTGAAATGAAATCACTCCATGATAGTTTAAGTGTTACAGACATTAAGAGAAGTCGGCTGCAAATTTCCATGCAGACACTTTGTCCCTTCTTGGAGGATACCCTACAGTGTAAAAGCCTCCTTAGCTTAGTGGTAGAGCGTTGCACTTGTAATGCAAAGGTCGTTAGTTCAATTCTGACAGGTGGCAAAATTTTTTCCCTAAAGTTAACACTTATTTAGCTTCTTTTTATATAAAAAATCCATGAGAATTGATTCTGCATTTTAGTTTAAATTTTTTCTTTAAGACTATGATGCTTTCATGCACAAGGTTATATTGTTCTCCTTCTCTATAGTTATTGCAAGGAAATCATATATAACGAAACACAATTTGATCCTTTTGAACCTACATTATCCCGCACTCTTGACGTATCATCAAATAAAGCTAAACTGCGGAAGCCTAAAAATACTAAGCACGCTATTTGTCATCCATTAGCAGGCCAAAAGCAAACTAATCTATGTTTTCAATAAGGCCAATATAATAATGGATAATTTTGAAAGTACTGCTGAAGGAAATTTAAGTATAGGAAACAAACGAGTATACGAACTACGAAAAAGAAACTTCCAAAGAAATTTGGTGAATAATTTGAGCTTTCTCGGGTATGTTTTAATATCATTGGAATATATCAAGTATGATCGTACCGTCTGGACACTTATAACAAGAGCAATAGTGCAATCTCTCATAAGTTCTCCTTTTCCAAGTGATGCCAAGTTACGTAGGCTAGCGACCCTCGGTGCAGATAATAACACGACGGGGGTTGCAACACTTCCAGGCGGAAGATCTATCAGGTTTCCCGGAATGTTTGGAACAGAAATGCTTTATAATTCTTCTAGTGAAGCTGAGCAACAAGACCATGATGATACCGCTATTGTGTCCATGAAAAAGCAAATCCGGAAGTTTTTATTTCATGGTTGCTTATCGTTGAATATGCTTTTCATTATCTTAACAATCCTATTCCCAATTGATTTTTTTGAACCCCTGAGTGGTAGCGAGCCAGTAGACGATGGCCCTAAGAATACTCCCTCACCCTTTTCCAATTCAGATGGTCTACTTTTGGGTGAGAGAAGAGGTGGGCTTTTTCTACAGATGATCGGAGAACGGCTACCAAAGAGCAACTTTTCCGGCAATCTTGGATTAGTAATGTTCGAATTTAGCATACTTATTGTACAGTTTACTTTATTTTCACTAACATGTGTTGTATTGGCAGATTTAGATTTTGAAGAGCCAGAAAGACTAGAACCTGTAAATAGTGATGGCTACGATGGCTCTGTAATAGTTGCACGAATACCATTAAATAAAACCATGAATGCCATTTTAAATGACGGCAATATTAATGACAACAATGAGAATGCTAGCAATTCTGTCTAATAGTATATATATGTAGTCCATAAGGGGTAATGCATATTACTGTTATCGGCACTATTTTATAGAGAGTTACATTTACATATATCATTCTATTACATTTCCTTATCTATGACGATTCATGGGTTTGTATTTTTTTGGTAGGATTTGCCAATTCTACTAATACTAGAAGAAAAGATTATACAAAGATAAAGACCCTGAGGTTAAGTATTTAATATTTTTCTCAAACTGTGTTTTTTTTATTAGTATGCAAAGTAGGATCATTGGGTAATTGGACAGTTTTTCAAATACTCAGCCTTATTCTTTAAAATCCTGACGGATTTGAAAAAAATTTCTTCTGGTGTCATGGCACCAGCGCTTTCTACGTTGAAAATAAAGTGGTTCCTCACTCTTCCTAATTTAACTTTATCAGCAAACTCTTCGTATCTTAAAACCTCCCTGGAAACCGTATCCTTCCTAGCATCTTTGACATACGCTTCATCTGAACCTTCATCAATACCAATAACACCTGGGGGAAAACATTTTTGAAATCTTCTGGCACTTTCACCTTTGATTGGCTGTAAGATATTGATTTGAGGTAATAATCTATAAGAAGCGGTGGAAACTGGTGAAAATTTAGCATGATCACCACCGATACCTAAAATGCAATGTGCCTTCAACGAAATTTCTTGACCAGGCCTTAGCTTAGCTAATAAAATATCAGGATCAGCTGGAACAACCGGACAATCAGCAAAAGTGGTAGATTGTCTGCCCTGTGGTTCAAACTTCAAATCACGGGCGTAGACATGGGCATTGTTATATAGTTCCTTTGGATCAGTAGATCCCTTTGGAGCATCTGGATTTCTTGTGCACTTCACGTTCAAACTCAAAACGATAGTATTTTCATCCGTAAACTTTTCATCGTCCGGCAAATTACTATCAACCCATGTGAGCATATCAGGGTCAACTTTTAATGGAACCAAGCCTATTCTATGAGCCAAAACCTCATCTTGGATAACGGATGTATTGTTAAAAAAATAGACGTATTCAGCAGCCACGGATGGAACCTCGGAAATCATTATACGACGAAAGGCATTCGCAATCGATGTGTCAATGTTTATCAAGTCGAAATTTGCCTCTCTTGCGTCTAATGACGAAATATTGACTTCGAAGTCCTTTTTGAATTTTTCCACATTCCACTCGTTTTCTGCATCCTTCGAGAAACCAGGAAAATCCGTGGAGGTTGTATTCGTTACACGGTTATATTCAATACCCACAATATTTGACATATCTTCTTTCACCTACTTACTTTCATGCACTTGATACCTGCTCTTCTACATAATATGAGTGAAATTTTTTCTTTCAACTCATCGCAATAATTTTTTCACAAAATTTTTG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:747058-751952

ATATAAAATCAAGAATAAGCATGTCTTCTGACTAATTTTTATATACAAACACCAAGATCATAAATTTTTGTCTTTGAATGGATAATTAACCCATACACCTCATACAAGATTTTGAGAGTAAACACAAATCAATGGACCTGTAGTCGGCTAGATCACAGATCATGATGAACTGTATTGTCGCAACAAACTTGTAACTCCAATAGTGATTAGCAACCCAGAATATCGTATTCAACAATAATTCGGTAGTCATGTTTTCACGAAGTGATCGAGAGGTAGATGATTTGGCTGGTAATATGAGTCATTTAGGGTTCTATGATTTGAATATTCCTAAACCTACTTCTCCACAGGCGCAATATAGGCCTGCTAGAAAGAGCGAAAATGGAAGATTAACTCCCGGACTTCCAAGATCATATAAGCCGTGTGATTCAGATGATCAAGATACCTTCAAAAATCGCATTTCATTGAATCACTCACCGAAGAAGCTACCCAAGGATTTTCACGAGCGTGCTTCCCAAAGTAAAACCCAGAGAGTTGTTAATGTATGCCAACTTTACTTTCTCGACTATTACTGTGACATGTTTGATTATGTTATTAGCAGAAGACAACGTACGAAGCAGGTGCTAAGATATCTTGAACAGCAAAGAAGTGTCAAAAACGTTTCTAATAAGGTTTTAAATGAAGAATGGGCTTTGTATTTGCAAAGAGAACACGAAGTACTGAGAAAAAGGAGGTTGAAACCTAAGCACAAGGATTTTCAGATACTGACACAAGTTGGACAGGGTGGTTATGGGCAAGTTTATCTTGCAAAAAAAAAAGACAGTGATGAAATTTGTGCTTTGAAAATATTAAACAAGAAACTTTTATTCAAACTAAACGAGACGAATCACGTCCTTACTGAGAGGGACATACTAACCACAACTAGATCTGACTGGCTTGTGAAGTTGCTTTATGCATTTCAGGATCCAGAGAGCCTATATTTAGCAATGGAATTTGTACCTGGTGGTGATTTTCGCACATTGTTAATAAATACAAGGATATTGAAGAGCGGTCACGCAAGGTTCTATATCAGCGAAATGTTTTGTGCCGTGAACGCGTTGCATGAACTTGGTTACACTCACCGGGATTTAAAGCCGGAGAATTTCTTGATTGATGCTACAGGGCATATCAAGCTGACCGATTTTGGTCTAGCAGCAGGGACCGTATCAAATGAAAGAATCGAAAGCATGAAAATACGCTTAGAAGAAGTAAAGAATTTGGAATTTCCTGCTTTCACAGAAAGGTCTATCGAGGATAGAAGGAAAATATATCATAACATGAGGAAGACAGAAATTAATTACGCTAACTCTATGGTCGGTTCGCCTGATTATATGGCCCTAGAAGTTCTGGAAGGTAAAAAATACGATTTTACAGTGGATTATTGGTCATTAGGCTGTATGCTTTTTGAAAGTTTGGTTGGATATACACCTTTTAGTGGTTCTTCTACTAATGAAACTTACGAGAATTTAAGATATTGGAAAAAAACTTTAAGAAGGCCCCGTACTGAGGATAGAAGAGCAGCATTCTCAGATAGAACCTGGGATTTAATTACAAGACTAATAGCTGACCCCATCAACAGAGTACGATCTTTTGAGCAAGTTCGCAAAATGTCTTATTTCGCAGAGATCAATTTTGAAACCCTAAGAACAAGTTCTCCACCATTTATTCCTCAATTAGATGATGAAACGGATGCAGGTTATTTCGATGACTTCACAAATGAAGAAGATATGGCTAAATATGCAGATGTCTTCAAAAGACAGAACAAATTATCTGCAATGGTCGATGACTCTGCCGTTGATTCCAAGCTTGTTGGATTTACTTTTAGGCATAGAGATGGAAAACAAGGTTCAAGCGGGATACTTTACAATGGTTCAGAACATTCAGACCCTTTTTCAACTTTTTATTAAGATTACGTCCCTACAATTTAATTTTGTATAGCATAACAGATACATTGACAACAGCAACAAGATGTGCTAACATTTTCCATTTTGAATGATTACCAAAATTATGAAACCAAGGCAACATGTAATTTTTAAGTTTAGTAATCTTTTTCGGGATGAGATGTTTTGAAGAGTTTTATGCTATTAAAGTAGTAATATGATTTATATATTCAAATAAAATGTAAATTATGAAAGAAAAATACGATAAGCTGATAGGGTAAACTAGAAACCTTCGTTTTCTTCATCATCCACATCCAGTTTCTTTCTACCGCCCCCATTTCTTAAGGCAGCCATCTCATTAGTGGCAACTTGCTTTCTAACCTTCTTTGTCATCCTGGCTATCTCTTCTTCAGCGTCAACTGCATCTTCTTCTGCATATTGCATTACCAATCTGCGGCCCAGTAAATGGACACCGTGCAACTGATCCATAGCATTTTCTGCTTCCTTTGGAAGTAAAAATTCCACGAACGCAAAACCTCTTGCAGACTTGTCGAACTTCTTTGGAACTCTAACAGATTTTAATTGACCAAAAGAATTGAATAATTCGAAAACGTCTTTCCTAGTAGCTTCAAATGGAAGATTCTTAACAATGATTTTACCGCTTTTCTTATTGGATTTAGTCTTTGTATTACCGCTCTGAGATGCTTGTCTATGGGATAACTTCAATTGAATCTTATGGCCGTCGATTACCGTCCCATCCATTGCAGCTATCACGGCATTAGCTTGTTCCTTGGTCCTGAATTCTACAAAACCAAACCCCATTGACAAGGTCTTGCCTTGATGTTTTGGATCAGGTTTTGTCTTCACTTGGGCAACAACAAAACCAGTGAAAACCTTGAACCTATCAGTAAGATTTTGGTTCGTCGTGGAGAAGTTTAGATTCTTTATGAAAATTGAGACAGTTGGACCATCAATAACGTCTTCATCATGAGCATTAGATGACCCTTCAGTTACATCCTTGTTTGCTTCCATTAAGTCATTTGATGAAGGTTTTACCTCTACCGGGTTTTCTTCTTCTTTTGCAGAAGTGTTATTTATCAAATCATCGGCCTCAGCTGGTTTAGTAAAGCAATCCTTAGGCCCCCTTTCTAGATATATTATGCCGTCCTTAAATCTTTTATACGATAGTTTAGTGAAAGCTGCCCTTGCTGACGTTGTGTCCCTGAATTGCACTATAGCTATTGTACCAGCTGGTGGCATGAGCAATCTTTCCAATTTACCATATGGCAAAAACATTTCGCCAAGCTCTTCTCTAGTTGTCCCAAAAGGAAAATTTTTAACCAGTATCACTTTATCGTCTCTTTGATTTGTAGATTTTAACTGTGAAAACTTGGTCAGATCAACACCTTTGGATTCAAAGTATTTTCTAACATCACCAATAACATGGGCTTCAGCCAAAGCTTGTTTGACAGCCGAACTTGAGTTTTCAGCATCGATCAATTGAGATTTTTCTAGACCCAATTTGGCTGCCACACTACCCAAAACAGCATCTTGGTTCATATACAAGGAGTTCCAAGAAAATGTTTGTCTGGATGCAGCTGCCTTCCTTTTCAATTCCTTTTGCTTTTTCAATGGCATATTCTTTAAATCAAACTCATCTAATCTATGGCTTTTTTTTTCTTCACCAGGAAGAATATGCAATAGTCTTCCTTGAAAAATCTGTTTATCCAATTCAACATAGGCGTTCACTGCATTCTTAGAATCCTTAAATAGAACGTATGCAAATCCTTTGGATTGACCAGTCCTGGTATCCAAAGCCACATGAACCTCCTCTAACTCTCCAAATGGACTAAATAGTTTCCTGAAATCTTCTTCTTTGGAGGTATACAAGATATTACGTAAGAATAAACGGCCAGTTTGGTTAATTTTTTCAATAGCCAGTTCTTCGTCCGTCTTTTGCGGCACAGCACGTTCTGGTTGTTCTTCCTTCTTGGTATCGAGACTTTCATTTTGTTCAGTAGCGTATGATGATGATTTTTCCCTTGTTTCCGCTTCACTTTCTTTGATTCTTACACGGCGTTGTTTGAACCAATCTAGGTCAGAAACCTTTTCATCTTGGGCGAGGTTTCTCCTCTTTTCATTCTCTTTTTCATCACTATTAGCGTCATCATTAACTAAACCTATATCAGTATCCTTCAAATTGCTAATACTTATCATCTTTTCTTCCTCTCCGGCATCTTCTTGATCTTCATCCCTGTTTCTGTTGAGAGCCGAATATTCATCGTCACTTTCATTCTCAATGACCAAATTTGGTGCTTCGTCTTTATTATTCTCTTCCTTTAAGGCTAATGCATGAGCCAATAGAGAATTCCCTTGCACGCTGGAGTCCTCTTCTTCCCGTTTTAGTTTTTCGTCCTCTATGCTCTTGTCAATGCCAACTTTTTCCCATGATGTGACTTGTGAGCTTGGCTTCATAGTCTCCATGAACTCTTGTAATTGCTTGTTCTTGCGAATCTCGTCATCAATGTTGCTGTGCTTATTTTCATCCACTTTCTTTTTCTTTCGATTTTCTTCTTGTAGCAATTTTTCTTCCTTTTCCCTAAACCTTTTCAGAGCTTCTCTTCTCTTCTCCTTCATGGGCTGCGGGACTCTTGGGTCTGCAAAGCTTTTAGCCATGGACACTTCTATCTTAGAAGTGTTGATAAAACTGCCATTGAAATACTCTACAGCATCAAAAGCGTCTTCCTCGTTACGGTATCCGATAAATCCAAATCTTCTACTTTCTCCGTTCCTATCTCTAAGAATTTTAACATCTGTTATGAGGTCTGGACCACTACCATTAACTGCTTGATGGGAATGTTTTTGACGTAATCTTTTTGTAAAATGCTCCCTGAGATTATCATCTGTTAGATAGACGGGCAAACCCTTGACAATGATACGGGACATGTTAGTTATGTTATCTTGTGCTTGAGGCTCAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:752217-753013

TCAAGTAATGTAAATAAGAGGGAAAGTGTGATAGTACAAGATGAGTTCGAATTCAACACCAGAAAAGGTTACTGCAGAACACGTTCTGTGGTATATTCCCAATAAGATCGGTTATGTTCGTGTTATCACCGCCGCCCTTTCTTTTTTCGTTATGAAGAATCATCCTACGGCCTTTACATGGTTGTATAGTACATCATGTCTACTGGATGCGCTAGACGGAACCATGGCAAGAAAGTACAATCAGGTTTCCAGTCTGGGTGCCGTTCTGGACATGGTTACCGACAGATCCAGTACCGCTGGCTTGATGTGTTTCCTTTGTGTGCAGTATCCCCAATGGTGCGTTTTCTTCCAATTAATGCTGGGCTTGGATATTACTAGTCACTACATGCATATGTATGCCAGTTTAAGTGCTGGTAAGACTTCTCATAAAAGTGTGGGCGAGGGTGAGTCCAGATTGTTACACCTGTACTACACGAGAAGAGACGTACTGTTCACTATCTGTGCGTTTAACGAACTATTTTATGCTGGATTGTACTTGCAGTTGTTCTCAAATTCTGCAACCTTTGGTAAATGGACTACAATCATAAGTTTCCCTGGTTACGTGTTCAAGCAGACCGCAAACGTTGTCCAGCTAAAAAGGGCAGCCTTGATTTTAGCAGACAACGATGCCAAGAATGCCAACGAGAAGAACAAGACTTACTGATAGGATGAGTTTCTTACTTTTTTTCTCCTTTTAATTGCGCTAATCTTTTATTTATGTGTAGTTTTTATTTATGTGAAATGGAACATTCGTTGAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:753218-754452

AAGACCTCTCCTCTATCTCAAGCTTCTGCCCCCCCCCCCGGAAGGAATTCAAGCACGAAGGTGAACATTGCCTACAAGAAAAAATGGATGTTTTATTGTCGCTTCCTCAACCGGAATTATTTAAGACCACGGTGATTCCGTTCTTGGCAAATCGCAATATAATCAAGTCGGAAGCGATTCTCTCCAACTTGCACTCAATTTTTTATGTTGCTATATTCTACCATATTTGGTTTCTTTTTGGCAAATGGATCTTATTCCCACATTTGGTTAAATGGAAATTGGACTATGACCAAAAACATAACGTCAAGAAAGATGAGAAGACAACTTCGGAACGTCAAGCTCAACATTACAAAAAGAAGTACACTTCTTTGATCAATCAAAGTTCAGTCCACTTAATATCCCTACTGCAAAGCATAGTGGTCCTGTACTACTCATTGAAGTTCTTGCTTGATCCAAAAGCCTCGGCCGAGCCCTACCAAACCTCACACTCTCGAGTGTTTACAGAAAATCGAGACACTCAAGTCATCTGTATTTTTGCTATTGGTTATTTCGTCTGGGATATCTATATTTCCACCATGTATTCTACTTTCCCCTTCGTTGTGCACGGAATAATCTCCACCGTCGTGTTTTGCATCGGATTGAAACCGTACATCCAATATTACGCCCCAGTGTTCTTGATGTTCGAACTTTCCAATCCCTCCTTGAACTTTAGATGGTTCGGTATCAAATTTCTACCCCAGAAAAGCAAATTCTGCTCTCTACTGCTGCTGTTGAACAATTTGACGCTCATGGTCGTCTTCTTTGCCGCTAGAATCGCCTGGGGGTGGTTTCAAATTGGAAAACTATGTTACGACTTTTACCAGGTGCGCAATGAACCTGGTTTCTTAGTCTTTGACACCATTGTTATCCTTGCAGGCAATTTCGTCCTGGACATCTTGAATGTTATTTGGTTTTCTACCATGGTGTCTGTGGCTGCAAAGGTCTTGAAGAAGGGGGAGTCTGTAGACAAAGTCACTAAGAATGAACAATAATCCATGGAGGCACACTTTAACATGTGCATATATGTGTATATAGACTATAAACTTGTGTAAGCTATGCGAGCATTACAAACCTAGAAAATTACAGGCAATAAATCAATATTGATACATGGCGAATTTTTGTGGGGGGGGGGCAGGATCTTTGCCTACATTTTCTTCTTTAATTTTACCTAGACTGAGCGATTCTGCCACCTTCAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:754667-758402

TCCAAGTAGCTGTGGCTTATTGGGTATTCTTTCGGAAGCTTTTGTGATTTTTTTGTTAAGGTTTGAGAGTGGTTAATTGAGCCAAATACGGCGCGGTACAGGTAAAGAGAGAAGAATCATAAAGAAAGCTGTTTTCTTTATCCTAGTCTACTTTTTATGGCTTTGTGTGCTAAAAGAAGAAAAACAAGAGATAATTAAGTGGATTAATAGATGTCTGACTATTTCACGTTTCCTAAGCAGGAGAATGGCGGTATCTCGAAGCAGCCTGCGACACCAGGTTCAACTCGGAGCTCTTCTAGAAATTTGGAGTTACCGAAGAACTATCGTTCATTTGGTGGTAGTAGCGATGAACTGGCATCTATGTATTCCGCCGACTCCCAGTACTTGATGGATATGATTCCTGATTCATTGACGCTGAAAAATGAGCCAGCATCTGGAAATACGCAAATGAACGGGCCAGATGGCAAAGAGAATAAGGACATAAAACTTGACGAGTATATATTACCCAAGACAGACCCAAGGTCACCCTACTATATTAACATGCCTATACCTAAAAAATTGCCGAAGAGTGAAGGTAAGGCGAGGGCTAAACAAAAGGTTAACAGGGCTGATCCTTCTGATTTAGATGTGGAGAACATTTACGAAACTTCCGGGGAGTTTGTTAGAGAGTATCCGACAGATATTTTGATTGATAGGTTTCACAAATGGAAGAAAATCTTGAAAAGTTTGATCGCTTACTTCAGAGAAGCTGCCTACTCTCAGGAACAAATTGCAAGGATCAACTACCAGATGAAAAATGCCGTAAAATTTGCTTTTCTTACTGATTTGGAAGATGAAACAAACAAACTGGTTGATCCAAGTATATCTAAGTTGCCTACTAAGAAACCTCAGCCTGTCCCATTGGCCGCTCAAAAATTGGACAGCAAGTACGACACAGATGTGGAACAGCCGCAGTCAATCCAATCAGTACCTTCGGAAGAGGTAGCTTCAGCTTCTTCTGGCTTCATGAAATTTGGGTCAGGATCCATTCAAGATATTCAAGTGATTTTGAAGAAGTACCATTTATCTTTGGGTAGTCAACAATATAAGATCTCTAAGGAAATCTTGGCATATATTATACCCAAATTGACCGACTTGCGTAAGGATTTGACCACAAAGATGAAAGAAATTAAAGAATTAAATGGAGATTTCAAGACTAACATAGGCGAGCATATCAAAATAACAAGCAGGCTTCTGAATAAATATATTGCTTCAGTGAAGTTATTAGATGAAGCATCCACTTCGGGCGATAAGCAAGGTGAAAAATTAAAACCAAAACACGATCCATACCTTTTGAAATTACAACTAGATTTGCAGCTGAAAAGACAATTACTCGAAGAAAACTATCTTCGAGAAGCTTTTCTGAATTTACAATCAGCAGCACTACAACTGGAGAAAATAGTATATTCTAAAATTCAATCCGCATTACAGCGCTACTCAGCGTTAATTGATTCAGAAGCACGATTAATGATCAAAAATTTGTGCCATGAATTGCAGCAAGGTATTCTATCTAGACCACCGGCTGTAGAGTGGGATAATTTTGTCTCTCATCATCCTACCTGTCTGATGAATTTAAAATCGACAGACCCGCCACCGCAACCCAGAAGATTATCTGATATTGTTTATCCTAACATGAAATCGCCGCTGGCCAAATGCATTAGAGTAGGATATCTACTGAAGAAAACAGAGTCTTCTAAAAGTTTTACTAAAGGTTATTTTGTGTTGACTACAAATTATCTTCACGAATTCAAAAGCAGCGATTTCTTTCTAGACAGCAAGTCTCCCCGTTCAAAAAATAAACCTGTTGTTGAACAATCAGACATTAGCCGTGTGAATAAGGATGGGACTAACGCTGGCAGTCACCCATCGAGCAAAGGGACACAGGATCCGAAACTGACGAAGAGAAGAAAGGGTTTGAGTTCTTCGAATCTATATCCTATCTCTAGTTTGTCTTTAAATGATTGCTCATTAAAGGATAGTACTGACTCAACTTTTGTTTTACAAGGGTATGCTAGTTATCATTCACCAGAGGACACATGTACAAAAGAATCAAGCACGACCTCAGATTTGGCATGTCCAACAAAGACGCTTGCTTCAAATAAGGGCAAACATCAACGTACGCCTTCAGCTCTCTCGATGGTGTCCGTTCCGAAATTTCTAAAGAGTTCTTCCGTGCCCAAGGAACAAAAAAAGGCTAAAGAAGAAGCTAACATCAATAAGAAGTCAATTTGCGAGAAGCGCGTTGAATGGACGTTTAAAATATTTTCCGCAAGTCTTGAACCAACTCCAGAGGAATCAAAAAATTTCAAGAAATGGGTTCAGGACATAAAAGCGCTTACAAGTTTCAATTCTACTCAGGAGAGGTCGAACTTCATTGAAGAAAAGATTCTGAAAAGTAGAAACCATAATAATGGAAAGAGCTCTCAAAGGTCCAAAAACAGTACATATATCACTCCAGTAGACAGTTTTGTTAACCTTTCTGAAAAAGTAACGCCATCTTCCTCTGTTACCACGTTAAACACTAGGAAGAGGGCAAATCGTCCTCGTTATATAGACATCCCAAAAAGCGCAAATATGAATGCAGGCGCTATGAATTCCGTATACAGGTCAAAAGTCAATACACCAGCCATTGATGAAAATGGTAATCTGGCCATAGTGGGAGAAACGAAAAACAGTGCTCCACAAAATGGTATGAGTTACACAATTAGAACCCCTTGCAAATCGCCTTATTCACCTTATACTGGGGAAGGTATGCTTTACAACCGGTCAGCAGATAACTTAATGGCATCCTCTTCGCGAAAAGCATCGGCTCCCGGAGAGGTACCTCAAATAGCTGTTAGTAATCATGGGGATGAAGCCATTATTCCGGCAAGCGCGTATTCAGATAGTAGTCATAAATCGTCTCGTGCCTCCAGTGTTGCATCCATTCACAACCAACGGGTTGATTTTTATCCTTCGCCATTAATGAACTTACCAGGTGTTTCACCCAGTTGTCTAGCATTGGATGGTAATGCAAACGGATATTTTGGAATACCATTGAATTGCAATTCGGAAGCAAGACGAGGGTCAGATCTTTCACCTTTTGAGATGGAGTCTCCATTGTTCGAGGAAAACAGAACTCAAAACTGCAGTGGCTCTCGCAAAAGTTCAGCTTGTCATATTCCCCATCAATGTGGTCCAAGGAAAGAAGGTAATGACTCACGATTGATCTACGGCAATGAGAAGGGCGCCTCACAATCACGTCTAACGTTGAAGGAACCGCTTACATCTAAAGGTGTTGAAGCTCCTTATAGCAGTTTGAAAAAGACATATAGTGCGGAAAACGTCCCACTAACATCTACTGTATCGAATGATAAGTCTCTTCACTCGCGCAAGGAGGGAAGTACTAATACTGTACCTGCTACATCCGCGTCAAGTAAGTGACACTATGAAAACCTGTCCAATAAGACTGCACAGATGAAGAGCATGTCATTTGGTTCCTTGATAAGTGTAATAAGCAACAAGAAAGTCCTGGGTCATGTTCCTGCTGAAAATACAAACCCATTAACTACCGGAAACGAAGAAGATTAAGACAAAATGGAAAAGTTAAGTTAAACGCAATCAGTTCATATATTCTTAGATAGTTATCATGTTTTTATAAGTAAACAAAGTAGTCTTCTACCAAATAAAAATAGATTCCTGATTGGGTATTTTTCAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:758607-759544

ATTTTGTTGTGAATTCTCCTGGGAACCTCTCAAAATCAAATATGGGTTTACCTAAATCGGCATATAAGAAGTTACTCATAGATTGTCCAACGAGAGTCATTAATAAAAACTGTGCCCAACGAGTCAAAGATGTTTCTCCGCTCATTACAAACTTCGAGAAATGGTCGGATAAGCGCAAGAAGCTCTATTTCAAAGATGAAGAGGAAATGGTGGGGCAGTTCCATTTGGAAAATTTCAATTTAAAAAATAACTTATATGGTAGGCTTTTAGCTTCTCCAATGAGAGCAGAAAAAATCTCAAAATTAAAATCGTGTAGAGAATTACTAATTCCATTGAAAGTGGTACCATCAACTGGCAAAGATCAGCATGCTGATAAAGATAAACTAAAACTGGTACCTACACTAGATTATTCCAAATCATACAAAAGCTCGTACGTATTGAATTCAGCCTCCATTGTACAAGACAACTTGGCGGCTGCGACGTCATGGTTCCCAATCTCGGTATTGCAAACATCAACTCCAAAGAGCCTAGAAGTTGATTCCTCTACATTTATAACGGAATACAATGCTAACTTGCACGCATTTATAAAAGCAAGACTTTCAGTGATACCGAATGTTGGACCTTCTTCGATAAATCGTGTTTTACTCATTTGTGACAAGAGAAAAACACCCCCGATTGAAATACAAGTAGTTAGTCATGGTAAAGGGCTACCAATTACACAGTCTGTCTTTAACCTTGGTTATCTCCACGAGCCAACTCTAGAAGCTATCGTGAGTAAAGATGCAGTTACTAATGGAATTTACCTGGATGCCGACAATGACAAGGATCTCATCAAACACCTTTATAGTACATTATTGTTTCATTCAGTTAACTGATTGCGGAAGAAAAAAGGAAGGAAAGCGGGATATATCGCTGGAATTGTCTCTCTGAATTTGCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:759682-769711

GGTGTTCTATAGTCCATCACTTACCATCCATCTGCAAGGCTGTATGATTGATAAAGAGGAACATTAAGGGTAAATAGATTTGTTGATTTGTTTGCACTAGTGGCTTTGTATTAAAAACTTCAAGGGCATACACATGCATTATATTCAAGAGCACAACCAATAATTTACCATTATAGAAGGTACTTCTTTGAAAACTAAATCATACACTTTTTCCCACGAAAAGGCTTACATTTAAAAGCTAAGCATTCAATTTAGTTTTGCTGATCAATTTCTCGAGTAGGCTTGTCATCCATAATATCTAGTAGCTGGAGTATCCTGTTTATTGCAAGAAAAAAAATCTACAATGTCTATGTTACCGTGGTCTCAAATAAGGGATGTGTCTAAACTATTATTAGGCTTTATGCTTTTTATTATATCAATTCAGAAAATCGCTAGTATTCTCATGTCATGGATATTGATGCTGCGCCATTCCACAATACGAAAAATTTCATTTGGATACTTTTTTGGTACGTCAATAAGACGAGCGTTTATCTTAACTGATTTTGCTCAAATATATATTGGCAAGATAACCTTGCGAATAGGTTGGAAACCCGGAATTGTGTTTCATAATGTTGATTTGAAGTTATTTGGGAAGGACAGCCATATCACTGCACATTCAACTAAAGACTCCAGAACATATTTCAATCCGCGGGATCAAACTTTTACCTTTGTAATTAACAGGCGAGTCCTATCAATTTTGAAACTTGTGTTCTCATTTTCCACTTTCTTTCATACTTTAGCTCTTACAGTGCCTAATGGAAAACAATATAAATTAAATATCGGATCCATAACGATATCACACCCACACGATGATACCATAAAGTTAGAGGCATTTTTGCATGATTTTACCCATCCTGAAACGAAAGATACTTTGAACCATACTGGTTTTTTTATGGTCTGTAAAATTGGAAAGGAAGATGATACAGGCAGCAACTGCACAAAAGTTATACTAAAAAATTGGAAATCAAGTCTCAAAATAAGTGATGTTTGTTGGCATCTTCCAGAGAAGAAAGGGAAGAATTTGCATTCGGAGCCTGTTGAGCCTTTTTCTGCTGGTGATGATGCGGAAATGCTCACTTCATATCGTAAGATGCTAAAGCCTTTTCACTACCCACTGAAAACTTTGAACATTCTGGACCTTAAGGTAGAAAATGTAAAGTTGATTTACAAAAAAAAGTTTACAATTCGCATATCAAGTGCTCAACTTTACTTGGAATCAATCTCCATTCTAAATAATGTCTCCGCTTTGGAACTTTTACCCTTAAATAAGCCCACATGGGGCGATTTTGAACTATCACTTTCTGCAAATGCTGTTGTAGTAGATATCGATGGTAATACAGCAGTTAGAATTCCATTTGGAAATGTCATACTGACGTCAGATATTTTACTATTTTTACTTGACAATGTACCTTTACGGAGAACGAAGGTATCTTCCATTTTGAACATTATAAATCCTTCAGTATTCCTCACTATACATCAAGTACTGGAAGTTCTTCATTTAGTGGACAAATTCGATAGCCCTGAGACCTCATCATGTACTAACACAAACGACAGATCATTAAATATTTTAGATTTAGATATTGATCGATTGCCCAGTTTTAACTTTGAACTACTAATGTCGAATTTTATTTCAAGGCTGCATATATCAGATGAGGAGAATGTGACGTTTAAGGTCTTCAGCACACATGCTCTCTTTAGCCGTAACAACTTGTCTATGACTCCTAAAAAGGGACAAGTAATGCAAATACGTCCGGATTGGCCATTTGCGAAGACAGCCCTAGTATCTGATCAATTATCTAACTATATTAAAATTGTGGGTACATCACTCTCTTACCTGAGAATTCCAACAGAGCAGGACGCTAACCCAGTGTCTATACCAGTCTGTGGCTTTGAAAGATTAGACACATTTCTGGATGAATTTTCAAATTCTAAATTGATCGTTCAGTCTACACTAAGACATTCGTACGTTAGTCTTGAGAACATTGAAGTTTTGCATACTTTAAGTCGCGCCTTTGACAAAATTTACTTGCTAATATCTAGCAGAACAAAAAGGAATGCGGCTCATAAAGCGAATGGTGGAAAATTGGGGGACCTAAATGAAGCCAAGAAAACATTTAACTGGTCATTGAAACTTAGAATGAAGGATATTTCATGTTCGTTACTGGTCGCTGGGTTTCTTCCGAAAAATTTGGATCCTGTGGAAGCTGAGAATTTTAACTTATCTGACGTAACTAGAGGCGCCAAAGTTGTTTTTACAGAATCAATATTGTTAGCGGACAGCCAGGAGAAAAACTTCACTATTATTGATGCATCCGTATATCGTTTCATGGATGGCACTACGTATAAGCCCTCTCCTGAGGTTATTATTCAATTTACCAATTTGTTATTGAGTTTTAACGACTCAGATGAAATTCATTTTTCACTTCCCAAGATTAAATTTAAGATGGATGTAAATATTATCTGGTTGTGGTTTTATATTCGGAGTATATGGATAAAATTTCGTCCTAATTCAAAATTGAGCCGAAATTCAGTGAGCAGTGTAAAATCTGTCAATGTTCTCGATAGATTAAGAGTAGATATAGGAAAGATGATTATAGAGCTAACGCTTCCTCATAATACAGAGGTACTCCTAATATTCGAGAGGATTGGACTTTCAAGTTCCACTAAAAATCTTACAATTGCATCTTTGTCAGCGTACGTGGTATCGGTTTATGTGAAGCATATTAAGGTTTATGTTTCCTTGCTAAATATTAATGACTTTGAGCTAGACACTGAAGAGTTGATCTGCAAGAAATCCGCTGTTATAAACACCTCATTGATTCATTTTCATGCCGAATATCATTTTAGATTTTACATGATAACGGATAACATAGTCACGTTGTATAAATCGTTTAAGCAAATTAAATTGGCATTTTCCAATTTGAATGAATTTAAGCGATTATACCCTCAGCAACAGTTTCCGAAAAAAGTTCCAAATTTACATATTTGTTGCCAGGATTTTCTAATTGATATTGAAGAAGATCCTTTTGAGCAGGAGTTAGGATTAATTTTGAAAGTTGGTGTTTTGGAACAACGTGAGAGGTTAAAGAAGCTTGAAGAGTTCAAGGAAAAGCTATCAACATATGAGGACATGAATGTACGTTTAAGGTCGCTCTATGATACCTCCCGTGGACAAAGTTTTTTCCCAGAGTTTTATGCGAATGATCAAGAATATGAGCAAAAGGCCTATCTCAGGTTGTTAGAAAACTTTTCAACGTCATGGATTGCCAGATACAGGAAAGCAAAACTTTCTTTTTATGGTATGCCTTATCGGGTTATCAGCCGTGAAGAGCTTGGTACGAAATACCACTTGTTTACTAGACAGAAAACCAGTACTGTTGCTAACCTCGTCGTAAAAGATTTGGATTTTAAACTAGGCAGTCCTTCCTTCCCTTTAGACAATTATATGGATTTTGTTTACCAGTATGGAAAAAAAGTTCCAAAATCTACGGAGTACACTTTGCTAATTATTCTTGGCCTCAAAATCAAAAGCGCGTTATGGGAGTTGCGTCTGAGAGATTATCCAATACCTGCTATATCATTTCCCGACACATTTACAACAGGTGATGTTGTATTTGCTGAAAAGATGCCAGCACCTTGCGCGCTTCATACTGTTTATGTTCCTTTTGTCAGCTCTGCCCAAAGAAGCCCCTATAATGACGCCAATACAATATATGGTTTGCACATCATTCGTACAATTAATTCAGTCAAAACATATTTCAATATTAGGTCAATGGTTACATCTTCTTCATCTGCCAGAATAACATGGGGGAAATCTCTGCAACCCGGTTATGAGTCTTTGATGCTTTGGTTTGATTTTTTAACCAAACCTCTCATCGATCCGTCCAAAAAGCTAGGATTTTGGGACAAATTCAGATATTTAGTGCATGGGAAGTGGATATACGAGTTTTCAGAGGAAAGTGAGATCCACTTAAATATTAAAGGTTCACATGATCCTTATAAGATTACAGATGATGGTGCGGGTCTGGCGTTCTGCTGGTCTGGTGGCACCACAATTTACGTTCATAACTCCACGGATCCTAAAGAGTTTTTAAAAATTGAATCCCAAAGGTTTCAGTTGGCAGTGCCAGACTTTGCCAAAGTTAGTAAATTTGATAAAGTCTTTATGAAGCTCGATGGAAGAGTAATTTGGACATTAGGTTTACTTTTTGAACAAGGCGATATATCTAAGGCTGGTGACGAAGAGAGGTTCCTTCCAAATAGGCCACATTATGAAATACAGCTGATGAATCCAGATGGAGTCGCAGATTTGGATCACCATGATACATACAAAGGATTTAGAACATCTTTTATCCACATGTCATTTGGTGTCTATTCTTCTGAGCACGGATCCATAAATAGTCTCTATCTCGCACCTTACGCTTTAACACATTTCTTTAAGTGGTGGAATTTATTTCATACATATACATCTGGTCCTATTAGGCAAGGACGGTTATTTACGGATGTACTTCAAAACAAGACAAAGTTTGGTCGCTCATTATTTACAATAGCTTATCAGCTACATTTAAAACGGCTAATGGTTACGCATATTTATCGGCATATTACTACTCAATATGATCTTGAAAAAGACCGCAAAATAACTTTTACTGGATTGAAAGGGAGGTTTGATTCACTGAAAATTGATTTGCATCAAAAAAGAGTTAAACTGACCCATACGAACCAAAAATTAAATAAGTCAAAACCTGTATGGAAGTTTAAGATGTCTAGGGGTGAGATTGATTGTGCAGAAGCAGATATTAGGATATTATCAACTCTGTTTGATCAGGAAGCAGTTAAGGAAATTCTTACTTCTGGACTCGATGGCATACTTGAAGACGAGCCATCACGTCCTATTACGCCTCAAGATGTGGAATACTTGCGTGAATCAGATTGGTATGATTATGAGGATTATATAGACTTGAATCAAGTGCCGCTTGGTTCCTCACTTCCATTAAAATTAGAAGCAATACCATTGCTATACTCTCCTAGAATATCCTACTTTAGAAAAATAAATGATGATGGTTACGTACTAGCTTACCCATTTGGTACCGAAGAATCTCACAATTGTCTGATTGGCAAGAATCATCCAGAATTGACGCAGGAGAAATTAGCAACTGAAAGAAAACGAGAAATAGAAGAACAACTAAAATTATTACATATTACGTTAAGCGAATTGCAATCGAACAAAGGCGGAGGTTCGGTAAGTGGAAATTCGGAGCGCTATGCACGCGAATTAAAAGCAGAGGTAGCTGAATTAAACCACAGATTGCACACAGTCAACACCATCTTGAGCGATTTAAAAATCTCGGAGACTATTCCTGGAGGAAATACTGATGGTGATAGCTCCAGCTCACTCTCCGATACTGATGTAAATTTGGAAAATGCACCGCCAATTCAAAATAGAATATCGCTATTGAGGACCAATACCGTGGAGTCTTTTGTATCAATGAGAAAAGCCTCTACTATGCAGGTTGAGTCCACCTATGATAACCGTTTCATGGTCCATAATATCGAGTTAAAAATCGATAATAAAATCAGGCATCACCTTTTGGAATACGCTTCCAGTGCTTTCGAAAGGAAATCTATGAGGTTTGCTGTGACTTATAAATCCGTAACTATTTTAAAAGAATTACTGGGAAATGTGTTGACTGGGGTCAGAACATCTGTAGAAGATTATGGTTCAATACTTGAGGACGATTTAGCCAGTAATTCAGAATTTATTGAGCACTTTGAGAAACTCATCAGAGAAGTTCCGAGTGATGACTTTGATTATGTTGATAATTATCTTTTTAGACTAATCTCCCCTCAGGTTCAGATCAAATCGGACGTTGAAAGGAACGCAGCAGTTATTTTAGCTGCTAGGGATATAGAAATGGGAATAATTGATATAGTTCAAGTGTATGGAAAATCAGGAAAAAGAATTCCCGTTGACGTCGATACTATTGTTGAAACTCGCTATTCCGCTGTTTCAAAGGACATTCAGTTGTTTACATTGTTCAAAAAGGATTTAGAGGGTCCTGAAGGTAGATTTTTCCATAAAAATGGATATGGTTCCGACAAAGAGTCAGATATATGGCCCCCATGGATTCCTCTTGAAATGTGCTTTGACGGGTCTTTATTAGATAAGCATGTTTTTCTAAAACGGAGATCAATGTTTTTGACCTACGTCGCTCCCAATCCCCTATTTTTTAGTGCAAATGATACGTCTGCATTCTCTTATGATTCGAGATTTCGTATTGCATTTCCAGGATTGGTTCTGACCTCGGACTGTCAACAATACTGCGCTGTATATGCAATCGCAGAAGATTTACTTTCCTTTGGATCATCATTGGATGAAAAAGTTGAGAAACTTTCCAGGATATTATTTACTGATGAGGTCAGAAATAACCTGGAAAATCTTGATGTCTCTGTTGTCACAGCATTACAAGAAAGAATAAAGGAACTCTATTATACGCGAGCATACCTCAAACTTCACGAGCCAAGATTGTTTATGAAATCAGGACAAGAGCTAACCTTCGATATTCAAACTAGTACGTTGAAGTTGACGTTACTTATGACGGCAATCAAGAAAACTTACGACCGGATGGGGAGTGGTAATAGAGTAATACAGAAAAGATTGAGGTGGCAAGTTGGAACAGATGAATTGATATGGGAATTGTACGATGAGAGTAAAACTCCTTTCGTGACTATCGGATTGGGGCCCTCTACATTTATTCGTTCAGAAACTTCCGATGGCACTAATAGTAATAAAGTATCCATTTCTTCCTTACAATGTTTCAACCAGCAAGAAAATCCCGTTTACACTGAATTGCTGGCCCCCTTTTATGAAAATTCATCCTATAATAAGAACGCGCCAATGGTAGAAATTTTTTGGATCCTGGGGCCATCAGTTGGAGGTATTTCAGATCTGCAAGATTTGATTGTTTCTCTACAGCCATTGATTTTCAAGATGGATCACAAAACATCGGAAAAACTAATGAATTATCTATTTCCAAAGATAGAACAAACTTCCATAGAACCCAATTCTCCAGAACTTGTACCACGTTCTTCCACTAGTTCCTTCTTTTCATCGTCTCCAGTTTTACGGCACAGTCTTTCTAACGGTTCTTTATCTGTGTACGATGCGAAAGACGTTGACTCTTGGGACTTGCGTAGTATCCAGAGCAAAGAAGGTATCAAAAAGCATAAGGGTGATCATAGAAAATTGTCAGCATCACTTTTTGTGCAACCTGATTATAACATCAATGAAATGGTCAAAAGATCAGGGACATTTTTCAATGTAAAATCTATTATAATCCGAAAAACTCTAATGTCCGTGTGTTATAAGGGTTCACACAGCCTTTTGACCGATGTTAATAACCTGATTGTTAGAGTCCCTGTTTTAAAGTACCATAACAAACTGTGGTCGAGGGAAGAATTTTTTACTGCTTTGAAAAGAGACGTCGTAAGAATAGTTTTACAACATTTGGGAAATATTATTGGTAACAAATTTTTGCCTCATAAAAAAGAGAATAAGAAAAAAACTTCTATGGAAATACATCGATTACTAAGTCCAGATTCTCAAAATCGTGATAATTCACATATCCTTGAAGTCGAAGGGCATAATTCATTTTATAGCTCCACGCACTCTTCAGATATCAGATCAATAAACTCAGATGAAACGTATAATGAAAATGATGGAAATGGAGTAAAGCCATTTTACCCTGTTACGAGTGAGTTTTCAAAAAATAAATGAGGAAACACACACATGTGTCTAGCGTAAATATTCTTCAGTTATATAGTAATTGTATTATATACTAAAATGAAAATCAGTAAGATTTTTTTTTTACAGGCCTTCTTGGCGTTAGTTTTTCCGGTTTTTCACTTACTAAGATGAGATGATGGGGCGCACGGCCAAAGTATTCCCCATTCATCAATTTAGCATGCTAGAATAAAAAGATTAAGAGCAATATCTACGACCGACAAAGTGATCTATCAAACTGCTGACAAAAAATGTCGTTGGAAGCCATCGTCTTTGATAGATCGGAGCCAGAAAATGTTTCGGTAAAGGTACTTGATCAATTACTTTTACCATATACTACTAAATACGTTCCAATTCACACAATTGATGATGGGTACTCAGTCATCAAAAGTATGCAGGTGAGAGGTGCCCCGGCAATTGCAATTGTGGGTTCGTTATCTGTTTTGACTGAGGTACAATTAATAAAACACAACCCAACTTCTGATGTTGCTACGCTGTATTCTTTAGTTAACTGGGAATCTACAAAAACAGTGCTAAATAAGAGGCTAGATTTCCTTTTGAGTAGTAGACCCACAGCCGTTAATTTATCAAATTCTCTTGTAGAGATAAAGAACATACTGAAATCCTCAAGTGACCTAAAGGCTTTTGACGGTAGTTTATATAATTACGTCTGTGAATTGATAGATGAGGATTTGGCGAATAACATGAAAATGGGTGATAATGGAGCTAAGTATTTGATTGACGTGTTACAAAAGGACGGTTTCAAGGACGAATTTGCCGTTCTGACGATTTGTAATACTGGATCCTTAGCAACCTCTGGATATGGCACGGCTTTAGGTGTTATCCGTTCTTTGTGGAAGGATTCACTTGCTAAAACCGACAAGGCAGACTCGGGATTGGACAATGAAAAATGCCCGAGGATGGGCCATGTCTTCCCACTGGAAACTAGACCTTATAATCAAGGGTCAAGGCTAACAGCATACGAGCTAGTTTATGATAAGATTCCATCAACTTTAATTACTGATAGTTCCATCGCGTATAGAATTAGAACTAGTCCAATTCCAATCAAAGCAGCATTTGTTGGAGCTGATAGAATTGTTCGTAATGGGGATACAGCAAATAAAATTGGTACTTTACAACTTGCTGTAATTTGTAAGCAGTTCGGAATTAAGTTTTTTGTAGTAGCTCCCAAAACAACTATCGATAATGTAACCGAAACTGGCGATGACATTATTGTGGAAGAACGTAACCCTGAGGAATTCAAGGTTGTTACTGGTACAGTAATTAATCCTGAAAATGGTTCCTTGATATTGAATGAGTCAGGAGAGCCAATCACTGGAAAGGTCGGTATTGCCCCTCTTGAAATCAATGTCTGGAATCCAGCCTTCGACATTACTCCACATGAGCTTATTGACGGAATTATCACAGAAGAAGGTGTATTTACCAAAAATTCCAGTGGTGAATTTCAACTGGAAAGCCTTTTCTAGATATCATTCTAATTAGACTCTCGAAATAATTACTTTTGTACTGTAAAGGATAAAATTTCATATTGAGATGTAAGAATTATTTTTTTTTTTCATTCAATAAAAGGAACACATTAATGTATATTGTCAGAACCTTGTAAGTCCAAAACACTATAACCAACTGATACAATATGTATTGTCTTTGTTTCTGCATATTTGTAAAACGTGCAAAAAAGTAAAGAACTCCTCATAGGGGGCTCGAACCCCTGACATTTCGGTATCCTTGCTTAAGCAAATGCGCTTAAAAGCCGAACGCTCTACCAACTGAGCTAACAAGGATGAGTTCTTCGGAGCGTGTTGTATCTCAAAATGAGATATGTCAGTATGACAATACGTCATCCTGAACGTTCATAAAACACATATGAAACAACCTTATAACAAAACGAACAACATGAGACAAAACCCGTCCTTCCCTAGCTGAACTACCCAAAAGTATAAATGCCTGAACAATTAGTTTAGATCCGAGATTCCGCGTTTCCACCACTTAGTATGATTCATATTTTATATAGTATATAAGATAAGTAACATTCCGTGAATTAATCTGATAAACTGTTTTAACAACTGGTTACTTCCCTAAGACTGTTTATATTAGGATTGTCAAGACACTCCGGTATTACTCGAGCCCGTAATACAACAGAGCGTCCTTAATAAATATTTCTATAAATATTTGATGTTTACCTTCCGAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:769758-770714

TGTTGAGATCGGATTTTGATAAAGGCATTTGTTTGGGGTGTATGAGTTGGGAAAAGAAACAACAATCATCTCTTGACCAGTTTTCCTACTACTAGTGTGTTATCATATAGCGTAAGAGTATGACATAGAGATTGAGAAACAGAAACTGAATCATAACGAACATCACAGAATTTACATTTCTACACAATTTTCAGAAAAAGTGGAGTGGTGATATATGCTTATTGTTCTACAAGTTCTCTTCATGCGTTTTTGTTTATCTATCTTATTGAATTATTATCTTCATGCATTTATACTTATTAAATTCGATGAACATTTCATATTATTTTTATATGCTTCATAATTCATGTTACTACGATCTATACAGAGTATTATCGTAATGTCTTACCTTTAGCTTGTCACTTAACACATGCACTGCATTTCGAAAAGATGCTTAAGCAAGTTTATCATAATTTGGGAGTGTTCGGTGAATTTATACAGAAAGCCCCTCCAACGTCTTATTGATAATGTATATTTAGTTCATTTACCAAAATACTATCAATTCATCAACCTCCAAGTGGTTTTGACTAAACAGCCCACAATTGACATATGTGACTGCTAAGCAGACCTTTCTTGAAGTAAATTTCAGGGAAACTAAGCTACGGCCTTTCCAAAATATGGGCAGGAACTGCTTAATCCTTTCCTTTTATTAGATAAGCACTTTAGTATTTTTGTTTTTCATGGCCTTATCCTACGTTATTGTCGTGAAAGAAATGGCAGAAATTTCTGTTGTACATAAATTACTAACTGCCTTACCTTGAAAACGGTTTTATTACAAAAATAGGGGTCAAGTGTTTTGTTATCCCTGTTGTTGTTGTTTTATAAGTCCTAATCTCGCTTGAATATCGCCCATATTCACACCCTGTTCTTGACCGTCTACTAAGGTGCCTTAGGGGGACTCAAACTTAAGATCGCCTTCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:771107-774322

ATATAACCTCTTTGGGGAAAAGAGAAATAGATCCTTTCTCAAAAATTTAGAAAGGAAAAAAAATCAAAATATAATAAAATAGATTTTTTTTAGGTTAATTTTTTGCCAATTTAGCTAGACTTTTGAAAAGATCCAAAAATTTACTAAAATTGAATCTTTCTGGTATTAATTTTGTCCTATACCTCAAGAAGTAAAGTATTCTCGAATTGATACTTCTGAAAAGCGAAAGAAATATAGCTAAAGGATACTGGTTATTTATTCTTTCTTTTTTTCTTTCTTTTTGATTGAGCCAGTGTATAATAAAAACCTACTGCGAGCTATTCAATAAATTGACATAGAATATCTGTTGAAGCGGTTCTTTGATTGAGCATCTGTTTTCCTTTTGTATTTTTGTCCTTTTAGATTCTTTTAACGACATTGGAGAAATTTTAATCATTGTATAAAAACTTCATTCGCTCGTTTGTCAGAAGTTTTTTTATAACTTGCTATTTCCTTCCAAGAAGCCTTTTATTGATTACCCCCTCTCTCTCTTCATTGATCTTATAGATGTCCAACCCAATAGAAAACACAGAAAACTCACAGAATACTAGTTCATCAAGGTTTTTGAGGAATGTACAAAGGTTGGCCTTAAACAATGTAACAAATACGACATTTCAAAAGAGTAATGCGAATAATCCAGCCCTAACAAATTTCAAATCTACACTAAACTCAGTAAAGAAGGAGGGAAGTCGGATTCCTCAATTTACTAGAGAAAGCGTATCAAGATCAACAGCCGCACAAGAGGAGAAAAGAACCCTGAAAGAAAATGGTATCCAACTCCCCAAAAACAATCTTTTAGATGATAAAGAAAACCAAGACCCAAGTAGTCAGCAATTTGGTGCGCTAACTTCTATAAAGGAGGGGAGAGCTGAGCTGCCTGCAAATATAAGTTTACAAGAATCCTCCTCAGCGAAGGAGATAATCCAGCATGATCCCCTAAAAGGCGTTGGATCAAGCACTGAGGTAGTCCATAACTCGGTAGAAAACGAAAAACTTCATCCAGCTAGAAGTCAACTTCAAGTTAGAAATACCGAAAGTGAAACTGATAGTGGAAAAAAAAGACCAATTTCTACAATTGTTGAACAAGAACTGCCCAAAAAGTTTAAAGTGTGCGATGAAAATGGCAAAGAAGAATATGAATGGGAAGACCTAGATGCAGAAGATGTAAATGATCCATTCATGGTCAGCGAGTACGTCAATGATATATTCGAATATCTCCACCAACTAGAGGTCATTACTCTTCCAAAGAAGGAAGATCTCTATCAGCATAGAAATATTCATCAAAATCGAGATATCCTAGTTAATTGGTTGGTTAAAATCCATAATAAATTCGGCTTATTACCGGAGACTTTGTATCTTGCCATTAACATAATGGACAGGTTTTTAGGTAAAGAGCTAGTTCAACTGGATAAGTTACAATTGGTTGGCACATCATGCCTTTTCATTGCCTCTAAATATGAAGAGGTCTATTCTCCTAGTATAAAACATTTCGCATCAGAGACAGACGGTGCATGTACGGAAGATGAAATCAAAGAAGGGGAGAAATTCATTTTAAAGACATTGAAATTTAACCTAAATTATCCCAATCCGATGAATTTTCTGAGAAGAATTTCGAAAGCAGATGACTACGATATACAGTCTCGAACTCTTGCCAAATTCTTATTAGAGATATCATTGGTAGATTTCAGATTTATTGGGATACTACCCTCATTGTGTGCAGCAGCTGCGATGTTTATGTCGAGAAAAATGTTAGGTAAAGGTAAATGGGATGGAAATCTAATACACTATAGCGGCGGGTATACTAAAGAAGAACTTGCGCCCGTGTGTCACATGATAATGGATTATCTAGTGAGTCCAATTGTTCATGATGAATTTCATAGAAAATATCAATCTAGAAGATTTATGAAAGCTTCTATAATTTCCGTCCAATGGGCTTTAAAGGTTAGAAAAAACGGCTATGATATAATGACCTTGCATGAATGAGAAGAGGGGCAGATGCTTAAAATATCTAAAACGATAATCGATAAATGTCCATATAAAATGTATGGCTGCTTTTTAATCATTTCTTTTCACATTTCCATTTATTCTTACAAATTTCACACCCAATTTTAGCGCCTTTCATTCTGTTATTTTTAAACTGACGATAAAAAATCATTCGAAGCCTAAGATTTCCAAAATAAAACTCCATTTTTATTCTCACTAATAACACCACACCATTAATTTTAATTTTTTAATTTTAATTTCAGATTTGTACCATAAGTTTTATTCTATTTCAGTTCAACCGTTTCCGGATGCATGTAGCGAGGGTAGACAAAGAAAAGCATCAGTATCGGATGTTGATATTATGGGAAATATCATAACCTTAGTCTCTTAAAAAATGCTGCTTTCTTCTCATTTTTCATTTCTTTTAAAATTATTTCAGTATAGTTATTATAATTAACATTGGAATAACATTAATAATAATAATTTTTTAATAGTAATAATGATAATAATAATAATAAAAATAAAAGAATAAATTTAAAAACAAAAAAAATTCTAATATTAATGATGATAATAGTAGTAATACTGGTGGTATTATATATGTTGAAGTGAACACGCATATCACTATAAACTATATATACATATATATAGATAGATAGATAGATGCAAAAAATTTTTTCCTTTTAGTTCAGCAAAAAGAAAAGAAAATGTAAAGAGTATGCGAATTCATGAGCATTACTAGTACTAATCTACTTAAGATTAAATAGATTTTGAAAGTTGCTATGCATTTCGGATGTACACCACTTGAAAGTTTGGAAATAAACAGAGCCATACCTTGGTTTCTTGTACTTCAAAATCAATGAATCTAAATGAGTTTTGGAACTAGCGATGTCTTTGACTAGATCAATGCAGAGAGACTGAAACGCTTCATCGTGTATTGGATCGATACCACCACTGTAATGCTGTAGTGTTCCATTCCATAGCTCGTTCTTGTTTCTGTTGGTCATTCTTCTCGCTATATACATTGCCATTGCGCTTACGGTAGATGGAGGTAAATGAATGAATTGGTGGCAGCAGTAGGCATACTCTAAAATAAACTTACCAATATTTCTATTAACCGGATCGTAATCATCTGCCTTGGAGATCCTCCTTAGGAAATTGAGTGGGTTGGGCCAACCAATGTTGAATTCTAAGGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:774469-774840

GTTCATCGTAACTTTATTTTTAGCTAAAAATCTATCCATTAAGTTTATGGATAGGAATAACGTTTCCGGATAGCATTGAAATTTTTCGTGCACCTCTACCAGCCAATCCACTAATATTGTTCTCATGGAAGGCCTCAAATAATACTTGGACGTTTTGTCGAGTAAATAGTTGTGCGATGGTAACGTTTCTAATTCTCTTCTATATAAAAATGCAAAAATTTCAGCAGAATATTCTGCTACCATTGCAGTATCATCTTTTTCAACATAATCTAGGTCCTGCCAGCCTACTATTTCACTCACTCCTTCAGCGTCTATTCTGCGTTTTTTGTTCACTATCGAAGCAGCATCATCATCTTCTCCTTCTTCTTCTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:774917-775409

TTTTCTTCTCTTCGTACTTTGGCCGCCTTGCTCCCTGCTACTATTCTCTTGTTCTGGCTTAAAGGATTATTGTTCACTGGTACATCTGTTAAAGCCCTTCTTGGTTTAGAATCCTGAACCTGCTGCTTACTAGAGCTGTCATTTTTTGAAAGGGCCCTTTTATTTTGAAGAATCTTTAGGTTTGAATTGCACAACTGCCTCTCATTTTCATTATAAATCATAGAATTTCTTTTAATACTCTGCTCATGGTCGTGGTTCTCTCCCATTGTTCAGTAAAGGTGTTCAGCGGCTTTAAATACAGGGAAAAGCGCGTTACTGCTAATTATTAAGCTTATTTTGCTTTGTGTGAGACAACTAATTGGCCGTGAAAAGCTTTAGGTGATTGAGTCTCTTGAAGTACAAAGACAAAAAGACTTCAATAGATAGACAGAAAAAAAACTTTTCTTGAGAAGCTTAAGAATTAGTTCCAAGTAGCTTCTAATAAACCGATGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:775978-785437

AGTTAAACTACCCAAACTTATTAAAGCTTGATAAATTACTGAAATTCCACCTTTCAGTTAGATTCAGGCCTCATATAGATTAGATATAGGGTACGTAACATTCTGTCAACCAAGTTGTTGGAATGAAAGTCTAAAATGTCATCTATTCGGTAGCACTCATGTTACTAGTATACTGTCACATGCGGTGTAACGTGGGGACATAAAACAGACATCAAATATAATGGAAGCTGAAATGCAAAGATCGATAATGTAATAGGAATGAAACATATAAAACGAAAGGAGAAGTAATGGTAATATTAGTATGTAGAAATACCGATTCAATTTTGGGGATTCTTATATTCTCGAGAGAATTTCTAGTATAATCTGTATACATAATATTATAGGCTTTACCAACAATGGAATTTCGACAATTATCATATTATTCACCAATTAATCACAAGTTGGTAATGAGTTTGATAACAAGTTACTTTCTTAACAACGTTAGTATCGTCAAAACACTCGGTTTTACTCGAGCTTGTAGCACAATAATACCGTGTAGAGTTCTGTATTGTTCTTCTTAGTGCTTGTATATGCTCATCCCGACCTTCCATTTTTTTTTTCTTGGAATCAGTACATAGCAGGTATGAGTTGTTAGAGCTGTTACAAGTTACGGTAAACATTTCAACACACCGTTATTTAACGAATTTATTTGAGAAAGTGGTGTATTTTAAGATATATGTTTGGTTTCGATTGTTGGCAAAGACTATAATATTATGCATATAGGATATACCAAAAATTCTCTCTGAGGATATAGGAATCTACAAAATGAATCTACATTTCATTTTATTACGTCATATATGAATACTAGTCAATAGATGATAGTTAATTTTTATTCTAGCATATATTTAAGTTTGTTTGCGAAACCCTATGCTCTGTTGTTCGGATTTGAAATTTTAAAACTACATTAATGTGTTAGTTTTTCTTTCTTTCTTTCTTTGTCTTGACGTGATTTGGACTTCTGTCTTGCATTCGCGTCCATTCATCTGACCCAATATTCCTTTTGGTTTTGTTATCCTTATAAAAAGAAAGGAAGCTTCTTAGAGGGAAAAAAATGATGAAGAGTAATGCCAAAATATAAATAAATAAATAAATATGAAAATCATTTTCTATTTTTAATAGAATAAGAAGAGCATCTTAAGATTACAATTTCAAGAAATAGTTTACACAGTATATCCAATAACTCCAATAAACTACTTTCCTATACAAATTTCTATGGTGGGATTAATAGTAAAACTTCTGTACTTCTCTAATTCACCAAGAAATTAAGGTAAACATCTGGTAAGCACTATCCAGCTTTTTGCTATTACACATATGGCTTTTCTGCAATCATTTCTTCCCATTTTGTCTCAAGCCGTTAGTCTTGAAACCACAGGCGGAGTAGAGTTACTTGATGCGGTATTTTACATGCCTTTTTTCACTGCAAAAAAAATGAAATACATATTTACACGATTTGCAGGACAGTTTACGATAGTGAGTATGCAGAATAGTTAACACCTTTGTTTTATCCTTTTGTGTCTTAATTATATGATATAAAGGCGCCTGGCGTTATCGGATAGTAATAGATGCTAGTTATCAACATTTCACAATTGAAGGAAATAAAGTTGAAGTACTCAACAAAAACTTACTTCAGAATTAAATTTTTGGGGGGAACATAGGCATCCTATGACAGGTGACCACAAGCCCCTCAACGCAATCTAATATTTTACAAAGTGGTAAAATTCTTTCGTTCTTCGTTTTAATATACAGTCATTTATTGATTCTATTACATTAATATTCCTACGCTTCGGCTCACATAATTAACAGGACTTCGAGTCCGTTAAACTTGGGATCAACTAATTTCTACGGATTAGTGCTTATGCCTGATGTACTGCCATATATGGTGTTATGATATCACATAAATGACGAGAAACGGCCATCGAATTTAGTGGAAGCTGAAATGTAAGGATTAATAATGTAATAGGATAGTAAGTGCCGACGTGTGAAACGAAAGAACGAATTGTAATTTTACCATGTAAAGCTGCCCACTCTTTTTTGGGGATTCCTTTACCTACGAGAGGGCCTGTTAGAATATATGCAATAAAGCCATTCTTATCAGAGATAGACTCCAAACAACCACCTCAAAACCCACTTTTTCCTCAAGTCTGCCTAAACTCAAAAATTATATGATAGATGTTCTCAGGAGAATTGGGTATTCAGAAGAACATTCGTAAGACAGGCCAAAGTAATATGAACTGCCTCTGCTTAATGGAATAACGTGATTTTTGTACCAAATTGCCTATTTCAGATTCGGCGTGCGCTTCCTTTATTCGCATAGCACGCAGAGTACAATGTGGCATTAAACCCTATTGTCCTGCACGGAAGATCCTTGCAGGAATCAAATACTGCCTTTCACTTTGCAACCTCTTAATCACATAGTAGCACCTATAGACACGTATTCTATTCTCTATTATAATGTTGTTCAAGATTGGATATTGGAAACCTTTAGAGCAGTGCAATTTGGCAAGAGATAATTCCAGTATTTAAACAGTGGATAAATATACAATTTCCAAAGCAGTATGCCTTTCCTATGGTTATCATCCTCCTAGGTCTTTGCACATTAGGTTTTCCAAGAACAGCATTCTGTCCCTCCATAATGACAAATTCTACAGTGAGTATTAACACGCCTCCACCATATCTTACTCTAGCTTGTAATGAAAAATTACCAACAGTTATGTCAATTGCTGGATCAGACTCAAGTGGTGGAGCCGGTGTTGAAGCTGATATTAAGACTATCACCGCACACAGATGTTATGCCATGACATGCGTCACTACTTTGACTGCTCAAACTCCAGTGAAGGTGTACGGCGCTCAAAATATACCAAAGAAAATGGTATCTCAAATATTAGACGCCAATTTACAGGACATGAAATGTAATGTTATTAAGACTGGCATGCTTACGGTGGATGCAATCGAAGTCTTGCACGAAAAACTTTTGCAACTTGGTGAAAATAGACCCAAGTTAGTAATTGATCCAGTTCTTTGCGCCGCTTCTGACTCTTCTCCAACTGGAAAGGATGTGGTTAGCTTAATCATAGAAAAAATTTCTCCTTTTGCCGACATTTTAACTCCTAACATTTCAGACTGTTTCATGTTACTGGGCGAGAACAGAGAAGTTAGCAAACTACAAGACGTTCTTGAAATCGCGAAAGACCTTTCTAGAATCACCAATTGCTCCAATATTTTAGTGAAGGGAGGCCACATTCCATGTGACGATGGAAAAGAAAAGCATATTACTGACGTTCTTTACTTAGGTGCTGAACAAAAATTCATCACTTTTAAGGGCCAATTCGTTAATACTACACGCACTCATGGCGCTGGATGCACACTGGCTTCTGCTATAGCATCTAACTTGGCTCGCGGTTATTCTCTTTCCCAATCTGTTTATGGTGGTATTGAGTATGTACAGAATGCCATCGCAATTGGCTGTGACGTTACCAAGAAAGCTGTGAAGGTTGGACCAATTAATCACGTTTACGCCGTAGAGATTCCATTAGAAAAAATGCTCACCGACGAATGCTTTACAGCATCTGATGCTGTACCTAAGAAGCCAATCGAAGGTTCTCTTGACAAAATCCCTGGGGGTAGCTTCTTTAATTATCTGATAAATCATCCTAAAGTCAAGCCGCATTGGGATGCCTACGTGAATCACGAATTTGTTAAAAGAGTGGCAGACGGCACATTGGAACGCAAAAAGTTCCAGTTTTTTATTGAACAAGATTATTTATACTTAATTGATTATGTGAGAGTTTGCTGCGTCACAGGTAGTAAATCTCCAACTCTAGAAGATCTAGAAAAGGACCTTGTTATTGCTGATTGCGCCCGTAATGAACTAAATGAACATGAAAGAAGATTAAGAGAAGAATTTGGAGTTAAGGACCCAGATTACTTACAAAAAATTAAGAGAGGTCCCGCATTAAGGGCCTACTGTCGTTACCTAATTGACATTTCCAGAAGAGGAAACTGGCAAGAAATAGTTGTAGCCCTCAACCCTTGTCTAATGGGTTATGTTTATGCTGTAGACAAAGTTAAGGATAAGATAACAGCAGCAGAGGGTTCTATTTATAGTGAATGGTGTGATACTTGCGCGTCTTCATTTTGCTACCAAGCTGTGCTTGAAGGTGAAAGGCTCATGAATCACATCTTGGAAACATATCCTCCAGATCAACTTGATTCTTTGGTGACGATCTTTGCAAGAGGTTGTGAATTAGAAACTAATTTCTGGACCGCCGCCATGGAATACGAATGATAGTTACAATATTTTTAACAGAATATATAAAATACATATACAGAAATGATAAACTATAAACGCAAAAGATTAGCGATACGAAAAAAGGATTTCTCGCTATTATATCAATTTATAAAGAGATCCTTTGGAAATATAAATTATGTTCATTTCATTTTTTCAACTTCTAGAAGGATGACTAACTATTGTTTCCATTTGCTAGCATGGTAAATTAATACATTTTTGAATTTGCTGCTAGGGTACAATACCATGCAATGTTTATAATATAAATCAAAGTGACAGAGATTCCTAAAAGCTAAAACAAATCCATTGATAATATAATAGTAGGTTGGTCAATTCACCGCAGATTCAATGTAAGTATTGATACTCCATAAATGTTAACTTCAGGTTGATATTCGTTACAAAAATCTTAGTTTGCTTTTCATTACTATCTGAACGGAATGCTCAACATTTTTCTTATTCTACAATTGTACAATGTCACGTAAACAGTTTGATTTGTGTATTTACAGTGGAAACATTTTACTTGTTGGCAATAGTACATGCGCAGATAATCAAAAACCATTGTTTCCGACATTATTTCTGACAATTGCTTGAATTTGCTGAACACTTTTCGAGGTACATTCTGATAAAGAGTGCATTATTAGTTATTTAGAGTATATTAAGACATCTTCTCGAAGATATATAAATTCGTAAAGGAAACAAAAATTTCGGGATAACAAAAAAGTTTCTTCTTTTTACGTATTAAATGGTCTATTCATCGATCCTATTTCACTATCAATCCTATTATATTATCAACTTTTGCATTTCTGCTTCCACCAAAGTCGACGGCTGTTTCTCATCGTTTATGTAATATCATAACGCATGTATGACATTATATCAGTGGCATGAGCGCTAGTCCATGAAATAGGAGTTTAACTCCAACATACGGAACATTCGCATTATCGCACACGTAAGACTCGATATATTAAGGAAGGAATTTCCGAGTTGGATTAATAAAGGAAAAATAAAATATAGTGTTGGAAATATAGTTGCCTCAGAATAATATCAATATAATATTAAAACGTATATAGTTAGATACCCGGTATTATTCGAGTACGCATTAATTCAGCAGTATGACTTTCTGTGCCTGCTTATATATTGTAACCGTATGTTGTTCTACCTTAAAAATTTGCTAAATTGAAGGAATTGACTATCGTCACTGAAGAGTATTCGTATTATGGTATTATGATACATTGTCTAAAAAAAGGATACCATTTTTCTTCAATAGAACAAGAAGAGAATCTAAGGACACCATTTCGAGAAATAGTTTACACAGTATATCCAATAACTCCAATAAACTACTTTCCTATACAAATTTCCGATGGTTGGATTAATAGTAAAACTTCTATACTTCTTTCATCCATCAAGAAATTAAGGTAAACATCTGGTAAGCACTATCCAACTTTTTTCTGTTACACATATGGTTTTTCTGCAATCATTTCTTCCCACTTTGCATGAGTAAGTGTCCCATTTTGTCTCAAGCCGTTAATCTTGAAACCGCAGGCGGAGTTACTTGATGCGGTATTTTACATGCCTTTTTTCACTGCAAGAAAAAAATGAAACACTTATTTACACGATTTTCAGGATAGTTTACGCTGGTGAGTATGCAGAACAGTTAACACCTTTGTTTTATCCTTTTGTGTCTTGATTATATAATATAAATGTGCCTGGCGTTAAAAAATAGCAACTGAATAAGTTTTTTTACTGATGTCCTTGAGAGAAGTAACTAATTATGAAGTCTCGTTTTACATCCCGTTGTCTTACAGCAACAGGACTCATAAAGTTTGTAAACTGCCAAACGGAATTTTAGCATTAATAATATCGGATCCAACAGATACTTCAAGCTCATGCTCACTGACTGTTTGCACAGGTTCCCATAACGATCCAAAGGATATTGCCGGTTTGGCGCACCTTTGTGAGCACATGATTCTTTCTGCCGGTTCCAAAAAATACCCTGATCCTGGTTTATTCCACACACTAATCGCAAAAAACAACGGCTCTCAAAATGCCTTTACCACAGGGGAGCAAACGACTTTTTATTTTGAATTGCCCAATACTCAAAATAACGGCGAATTTACATTTGAATCTATCTTAGATGTGTTTGCCTCATTCTTCAAAGAACCGCTCTTCAACCCTTTACTGATAAGCAAGGAGATATATGCAATACAAAGTGAGCATGAGGGAAACATATCATCAACCACAAAAATATTCTACCACGCAGCAAGAATATTGGCCAATCCCGACCATCCTTTCAGTCGCTTTTCCACTGGGAACATACACTCGTTATCTAGCATTCCACAACTGAAAAAAATAAAACTAAAGAGCTCATTAAACACTTACTTCGAAAATAATTTTTTTGGGGAGAATATAACCTTGTGCATAAGGGGACCGCAGTCTGTTAATATTCTTACGAAACTAGCTCTATCAAAATTTGGCGATATAAAACCCAAAAGCGCTGTAAAGGAAAGGAGTATATCGATTAGGACGAGGTCATTTCGAAGATCGAAGTCTTTAAAAAAACGCCAAGATTCTTCCAAAAACGACTACAGTGACTTGAAAACCTTTAAAATACTGAACACAACGTGGGAAAAAAAATACAAAAATACGATGTGTTTTCAACAATTTCCTGAATGCAATTCGATATTTATCAATTCAAATAAGGTACCTATAATGAGACTTCTCTTTCCTGTTAGCGATAAAAACACTCGGTTTACAAAGGATGACATTAAAATATACAGTCATCTTTGGTGTGAACTTTTCGGCGATGAGTCTCCAGGATCTTTGAGCTATTACTTAGCTTCAAAAGGCTGGCTCACAGGCTGTTTTGCCTTTACCTCAGAATTCGCTATTGGTGACATAGGATTAATTTTGGAATTAGAACTGACAAACAGTGGCTGGGAAAATATTAAGAGAATTACGACAATAGTACTTAATAGACTCTTGCCTTCCTTTTACGTAATGAACATCGATTACTTAATCACTTTTTTGAAAGAACAGAATTTGATCGACCTCGTTAGCTTTCTGTACCAAAGTTCAGAGGATCTTCCAATGGAAGAGTGCTCAAAATTAAGCGGTATTCTTCAGGACGATTTAGAATGTTTAACCCCCCCTAATATATTCAAAGGATTTAAATCTCTTATAGAAATAGATGATCCCAACATCGAAAAATATGAAAACACAAAGGCCAATATACAATGGTGGACAGGGCAAGCTATTAAGTTCCAAAATTTTTTAAAATCTTTCATGAATCATGACAACATGCGCCTTTTACTCTTAGGGAATATAAAATCTGGTAATATATTTGATAAAATGAAAAATAAAAGTGATATATGCACCGATTTTTTCTATGAATTTGAGTATTATACGGCAAACGTTCATCTAGCAAGTGATAATAAATTTCATTCAAACAGCTCGTATGAATTTAATTTTCCCACAGGTAATCTTTTTTTACCAGATTGCGTCAGCGATCCTTTAAAACTACAACAGCTCTTCTTAGAATGCTCGTTAAAATCGAAATTTGCTACGCTTAGACCTCAAATTTATAGTGAGCCCACTAGGACAAAGCCTCAATTAGTCAGTGAGAACCAGAATTATGAGATGTGGATCTTAAAAGAAGACCCAAATTTTGCCTCAGACAATAAATCCGTCGTATCATTTGAAGTTTTGGGGTTAGGCATCAAACCTAGTCCGGAGGCAACAATCCACCTGGAAGTACTAGCACAGGCATTATTTATCATCACCTCTTCATTCCTTTATCCCGCTCTGAGAATTGGTTACACATATGAGATTGCCTCATCTAGTAAGGGCAACGTAACACTGCGATTTACTATTTCTGGATTCCCTGAGGGTGTTTTCACAATAGTAAAGACGTTCGTGGATACGCTAAAACTTATTGCAACAGATCCAACGTTTCTTTCTAAAGATACCTTGAGAAAGGCAAGGATTTTAGTTAGAAATAAATACAAGAACGCGTCATCGGACAACTGCGTGAAGCTAGCTAGCGTTGGATTGCTGATTGTTTTAGAGAAATATATATGGACTTTAGAGGATAGAATTAATGCATTAGAGCTTACCGAGTTGGAATCCTTCGAAAAATTTTGTTTTTTATTCTGGAGGAATCCTAAACATTTGGTCTTGTTCATGCAGGGAAGCCTTGAATATGCTGACGCAATCAACCGTTACTTAAATAACAATTTTACGCAGCACCTAAAAATCAGCAATGAAGGGAGCAAACCGACCATACGTCTCTACCCTCCTCCCAGTACAAAAGATCTAGATCAAGGCACAAATGCCTTTATATCATATAATGGTCACCAGGATGATCCCAACAATAGTATTGTGTATTTTATTCAGACTGCACAAAGAGATGACATCAAAAATCTGACACTAACCTTTCTTACCGAATATCTATTTTCACTAACGCTAGTGCCTGATCTAAGAAATAAAAAGCAAATTGGGTACATTGTTTTGGGAGGACTCAGGGTTTTAACAGACACTGTTGGGATTCATATAACCGTAATGTCTGGCAGCTCGGGGCACAATCTGGAAACTAGGATCAATGAGTACTTATCTTACTTGCAGCTGCAGGTGCTAAATAGATTCACCGAGTTTGATTTTCGAAGGATACTTCTAGAGCCGTTCTTAAATCTTTTAAAACAGAACAGTACGAAACAGTTTGAAGGGTCGGCTGGTCCTGTAGACCTATTAAATGAGATAGTGGCAAATGTGCAAAATGGTGATAATTACACTCTCAACAATAAACAAATGAGACAACATAGGAAGGTAAGAAATAAAATTGCGGAAGGAAGGCTTAATTTTCAAGAAGATCATGAAATGATTGATATCTCATTTTTGCAAAAATTAACTCTAAAGAAATATTTAGCATTCTTCGAGTCCAAAATCTCTATATATTCCGCTCAAAGAAGTAAGCTATCAATAATGATCACAAGTCCAATGGCAGAGAAGGAAATTGCAAGCAGGAAAATGTTCCTTCAGCTAGAGGCCTTTCTGAAAATAAACGGATTCGCCATAAAAAATGAAGACTTGAAGAAAATTGTCGAACATTCAAAGGGAAATCCTATTTTACTTGTAAAGAACCTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:786026-787663

TTAGTAAAACAGATACGCAGTGTGCTCTTAATAAACAACTACTCCATAGCTTTATTTGCATAACAAAACTTTTAAGCACAAACTTAAACAGGTGGAGTAATAGTTCGGCGGCGACTCAAATTACATTTGTTGGAAGAATCGAATAGAAAATAAAAAAAAGTGTATTATATTTGACATTCAAAATGGAAGGTATGAATATGGGTAGCAGCATGAATATGGACGCCATGTCTAGTGCATCCAAGACAGTAGCATCGAGTATGGCGTCGATGAGCATGGATGCGATGTCTAGTGCCAGCAAAACGATATTATCGAGCATGTCATCGATGAGCATGGAAGCGATGTCCAGTGCGAGCAAAACGTTGGCGTCGACTATGTCGTCAATGGCAAGTATGTCGATGGGAAGCAGTTCAATGTCAGGTATGTCTATGTCGATGAGCAGTACACCAACAAGCTCCGCCAGTGCACAGACAACTTCTGATTCTAGCATGTCAGGCATGTCAGGTATGTCATCGTCTGATAACAGTAGCTCTTCAGGGATGGATATGGACATGAGTATGGGAATGAACTATTATCTGACTCCCACATATAAAAACTATCCAGTTTTGTTTCACCATTTGCATGCAAACAATAGTGGTAAGGCTTTCGGTATTTTCTTATTATTTGTTGTGGCTGCTTTCGTCTACAAACTACTGCTTTTCGTTAGTTGGTGCCTTGAAGTTCACTGGTTTAAAAAATGGGACAAGCAAAATAAATATTCCACTTTACCTTCAGCAAACTCCAAAGACGAAGGAAAACATTATGACACAGAGAATAATTTTGAAATTCAAGGTTTACCTAAGCTGCCAAATTTATTAAGCGATATATTTGTTCCATCTTTAATGGATCTCTTTCATGACATTATAAGGGCGTTCTTAGTATTTACCTCTACGATGATTATTTATATGTTGATGCTTGCTACCATGTCTTTTGTTTTAACATACGTTTTTGCTGTAATTACTGGGTTAGCTTTATCGGAAGTCTTCTTCAATAGATGCAAAATAGCCATGCTAAAGAGGTGGGACATCCAAAGAGAAATTCAGAAAGCGAAGAGCTGTCCTGGCTTCGGTAACTGCCAATGTGGTAGACATCCCGAACCCAGCCCTGATCCAATTGCTGTTGCCGATACCACTTCCGGAAGTGATCAAAGTACTCGCCTGGAAAAGAACAACGAATCTAAAGTTGCGATTTCCGAAAATAATCAAAAGAAAACACCTACACAAGAAGAGGGATGTAATTGTGCCACAGACTCAGGAAAGAATCAAGCAAACATAGAGCGCGACATCCTTGAGAATTCCAAGTTGCAGGAACAGTCCGGGAATATGGATCAAAACTTACTTCCGGCCGAAAAATTCACTCATAACTAATAACTAGACAAGGTTCGTCCACCTATATCTTCTTCTTCCAATATCTCTATACATCAAAATAAGAATATCGTTCATTTCTCAGAAGCTCAAAAAAAATCTCAAAATGGATACTTCTAATGCCCTCATGAAGAGGAAAGAAAATAATAGACACAGCGACCTTCCTATAAATAACAGACTTGTATATAGTTGAATGTCTAAGTAATTTTAATTCAAAAATCCTTAACTATATTACCAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:787824-789603

TCATCTAATTGGCAAAGTGGCAATTTTCGAAATAACAAGATAACTGCATAAAGTAACACTTGTCGAATTGAAAGTATTTTGCCAGTGATATTTAGGTTCGAGTAAAGAAAATTTCATAAAGAAATCAACAAGACACAATGCTGAAATACAGGTCTTTGCCAATCAAGAGAGCAATCCATCATCCGGCACCAGGAATTACTCCAATTTCTCCCCGTATTATGGTAAGCAGGTTGAGAGTAATACCATCTTTTAATTTGAAGTTCAATCGTTGGAACTCTTCGGTGCCAGAAAGCTCGAAAAAGGAGTTAAAAACGACAGACGGAAACCAAGAAAGTGCGAGTAAGGTCTCTCCAGTAAAAGAGAAGGAAAAAGTACCCTTTAAGGTTAAGATGCAAAAAGCCCTTCGTCATTATTGGGATGGTTCCAAACTTTTGGGGTTGGAGATAAAAATTTCTTCCAAATTGCTCATGAAGAGTGCTGCAGGCTACCCATTGACGAGAAGAGAAAATTTACAACTGAAAAGAACTACTCAAGATATCGTTCGGTTGGTTCCATTTGCTGCTTTCCTCATTATACCCTTTGCTGAACTTCTTCTTCCATTTGCATTAAAGTTATTCCCCAATTTACTTCCTTCTACTTATGAATCAAGTAAAAAACGCGAGAATAAACTAGAAAATTTAAGAAACACAAGGAAGTTAATGTCTGAAATCATAAAGAATAACAAGTCCCATTTTAAACCTAATAATATTTCCGAGGAACAAAAAGCTTTGTTTAACAGGTTCTACACACATGTCCGTGCTACAGGAGTGCCGGAGTCTCGTCAACAGCTAATCGAAGTAGCTAGATTATTCACTGATGATACTGTATTGGATAATGTGACAAGACCTTACTTGATTGCATTAGCGAAGTATATGAATTTGCAACCATTCGGCACTGATGTGATGCTACGTTACCGTATCAGATACAAAATGCTTGAATTGAAAAAAGATGATCTATCTATATATTACGAGGATGCAGAACAACTCTCCCTCTCTGAATTGAAAACAGCATGCGCCTCCAGAGGTATTAGAAGTGTAGACGTAGAGCCTAGCGTGTTATATTCGAATCTAAGATTGTGGCTGAACATGAGGCTCAAGGATAAGATCCCATCCACGCTGTTAATCATGGCTACTGCCTATAACTACGGTAATGTGCAATCAAAGGAGTCATTGTACGACGCATTATGTGACGTTTTAATCGGTATCCCTGATGAACTATACCATGAGGTTAAAGTAAACGTCGTTAAGGAAGATGAGGCATCCGCTAAGCAAAAATTGAAACAATTGAGGGAGCAAGAAGAAATTATGAAGGAAGAAGAGCAGCAAGAAGAGAACGCCATTGTGAGCGTCAAGGATGAGTTGAGCTTGGACGACCAAGACAAGAACATAGATGCGGCTGCTCCAGACGTAAAACCGCATGACACCAAGCCTATCGGAGAAGCCGCTGCCATCAAAGAGAAGTAACCCAGTTTTCACCTGGCCCATTAAACCGCACGATACACTCTCCGCTACTCTCGCCAACATTCTTTTTATACATACTTGCACGAAACTGCTTTTTTAGCAATGAAAAGAAAATGTAGTGAACTCTACTATAGATTTTGTACATAAGATAAATAAAATACACTACTATATGAAATTTTTGTTTGTAAAGCTGGTGTTTGCACACATAGATAGTATCAACGTAGGGGATCAACACATGCACGACTACTAGAAGCCTTACCCGTAACTTCTTGCATATCTGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:789871-792281

GCTGCTCTCCCTCAAAATTACTCAAAGAATAGAGTGTCTATTGAACCGTAGAATAGGCATTTATTATATAAGGGGTTGTCAATTTACCAAATTTTTTACTTCATCTCAGGACTCTCTCTTAAAATTATTTTCCTTGCCATTTTCTATGTTATGTAGAATAGAAAAACAGGTACATATTAACTAAAATATACACCAAAAAAAGTAAAAATAAAATGTCTGTCGCCGATTTGAAAAACAACATCCACAAGTTAGATACTGGCTATGGTTTAATGAGTTTGACTTGGAGAGCCGAGCCTATCCCTCAGTCGCAGGCTTTCGAGGCCATGCACAGAGTGGTTGAGTTATCCAGAGAACGTGGGCACAAGGCCTTTTTCAACGTTGGTGAATTCTATGGTCCCGATTTTATTAATTTGTCGTATGTTCACGACTTCTTTGCGAAATACCCAGATTTGAGAAAGGATGTGGTTATCAGTTGTAAAGGTGGTGCAGACAATGCTACCTTAACCCCCAGAGGCAGTCACGATGATGTTGTACAAAGCGTAAAGAATTCAGTTAGTGCTATTGGTGGCTACATCGACATCTTCGAAGTCGCAAGAATCGACACTTCCCTATGCACGAAAGGAGAGGTCTACCCCTACGAATCGTTCGAAGCGCTTGCTGAGATGATCTCCGAAGGCGTTATTGGCGGTATTTCATTAAGTGAAGTTAATGAAGAGCAAATTAGAGCTATTCACAAGGATTGGGGAAAGTTTTTGACCTGCGTTGAAGTGGAACTTTCTTTGTTCAGTAATGACATTTTACACAACGGAATTGCTAAAACATGTGCTGAATTGGGGTTGTCCATCATCTGCTACTCCCCACTGGGCAGAGGATTGTTGACAGGTCAATTGAAGTCAAACGCTGATATCCCTGAGGGTGACTTTAGAAAGTCGTTAAAGAGATTTAGCGACGAGTCTTTGAAAAAAAACCTGACCTTGGTCAGGTTTCTACAGGAAGAAATAGTCGACAAGCGCCCACAAAACAACTCCATTACTCTTGCACAACTGGCTTTGGGATGGGTTAAGCACTGGAACAAAGTTCCGGAATACAGTGGCGCCAAATTTATCCCAATTCCAAGTGGCTCTTCTATTTCCAAGGTTAATGAAAACTTTGATGAACAGAAAACCAAACTTACCGATCAAGAGTTCAATGCCATTAACAAATATTTGACTACTTTCCATACTGTTGGTGACAGATACGAAATGGCGTAAGGTTAAAAAAGTGAATCTCCATTGTTTATATAAATTTTAAATTTGATATGTAAAGATTCTAAACGCAATGTGCTTATTTCAGTAATAGTAAGGATTCTCAAGTGGAAGCCAGCTTGCGTTGTCCGTTGTGCTTTAGGAAAAAAGAAGAGTACAAGAATATTAGCCTCTTTAAAGATTTTGTCAATTCTCCTCTGAAAGCAAACAACAGACCTTGCACAATGACACCCTTTGTCAATTGAGGAAGAACTCCCTTCCAAAGAGATTTTAACCCTTCATTTTTGTACAAGTATAGTAGCGCTTCTTGGAAAGTAGTGAATTTAGAGCCAGCGCTTTGAAGCATTGCTTTAGCGACAATCAAGGGTTGCGTAACTAGAGTCGAAATCATCTTGGAAAGGACACCCAAAATGAAATTTTGCACTGCTGACAAACTGCCAGCATCGTTGGAATGGTCATGGAAAAAAACTTCTTTAAGTCTTTGAAAAGAGGCATATGTGATGGAAGGATTTATCGTCAATGCTAAACCTGTTCTTAAACCTTTCCAAAAAGCAGTTATGTCCCCATTATTTTCACGGTAAATGTCCTTAATAACGTTGGTAAATTTGGCAGACTCTGCAGAATGGACTGTTTGTTGTCTTGTAGCTACCACAGCCATGGGACTAGTAAAAAGTTGCGATATACTGGCAGCTGCTACCCCAAGTACCAATTCTTCAATCGTAGAAGGTGTGATAGGACCATCGCGGTTTTTCAGTGATTGCAGTCCTAACAGCTTATGTTTCATGTAGGACTTTCTGATAAATGTGTACCAAAAGAAATAAACAAAATTCTGGACAAATGTGGCCACCGTAGTGACTGTCATACCTTGATACAGACCCAAAATACCCTTTTCTTTGAATATGTTTATCATGCAATCTACAACATTCTTATATCTCCTATTGGGCAAAACTTTACCTTCGTTACTATCCTCACTTGAAGAAGGAGATACTTGTGACTGAATGATCGTCTTCGATAAATCCAGCGGATAAACTGCAATATTGGCCATTGCCGAAGCCACAGCGCCAGTTAATGCAGACTCTAGAGTTAACATTGATGATATGCTCGTAACAATCTTGGCCTAGCTTCCAGGGTGTCTGTACTTTTACGCAGCATCATATTTTCTCTATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:792638-797362

AGTGAGGATGTCGTAGAAGAAGCATTCATCGAAAAACAGCAGCAAGGCAATGTCGCAGTACATCGGTAAAACTATTTCTTTAATCTCTGTGACTGACAACAGATATGTGGGGCTGTTAGAAGATATTGACTCTGAAAAGGGTACCGTGACTTTGAAAGAAGTTCGCTGTTTTGGTACAGAAGGTCGCAAGAACTGGGGTCCTGAAGAAATTTATCCGAATCCTACGGTATACAATTCTGTAAAGTTCAACGGCAGTGAAGTCAAGGATTTAAGCATTTTAGATGCTAACATCAATGACATACAGCCGGTTGTTCCTCAAATGATGCCACCCGCTTCACAATTCCCTCCTCAACAAGCTCAATCTCCACCCCAGGCTCAAGCTCAAGCACACGTGCAAACAAACCCCCAAGTTCCAAAGCCCGAATCCAATGTGCCAGCAGCTGTCGCTGGATATGGTGTTTACACCCCAACTTCGACAGAAACCGCTACTGCTAGTATGAATGATAAGAGCACTCCTCAAGACACCAATGTAAACTCGCAAAGTAGGGAAAGAGGTAAAAATGGTGAAAATGAGCCAAAATATCAAAGAAACAAGAATAGATCAAGTAATCGCCCTCCTCAATCCAACCGCAATTTCAAAGTCGATATTCCGAATGAAGATTTTGACTTTCAATCAAATAATGCAAAATTCACGAAAGGTGATTCCACTGATGTGGAAAAAGAAAAAGAATTAGAATCAGCTGTTCACAAGCAGGATGAATCTGATGAGCAGTTTTATAATAAAAAATCGTCTTTTTTCGACACCATCTCCACTTCTACTGAAACTAATACCAATATGAGATGGCAAGAAGAAAAAATGTTGAACGTTGACACCTTTGGACAAGCTTCTGCCAGACCAAGATTTCACTCTAGAGGCCTCGGTCGTGGGCGTGGAAATTATAGGGGAAACAGAGGAAACAGAGGAAGAGGCGGCCAACGTGGAAACTACCAAAACAGAAATAACTACCAAAATGATAGTGGCGCCTATCAGAACCAAAACGACTCGTACAGCAGACCAGCCAACCAGTTTTCGCAACCTCCTTCCAACGTTGAATTTTAAAATGATGTTTCTATGTAAATTAAGTATATCATTCAGTATGTACATACAAAAATCAAATTAATAGTATTATAGTCCGCGCCTCTGGATAGTATTATTTTAGTGCGTATCGCAAAATATGAATAGCACAGAGGTTCATTATTATGTTCTGAGTATGAGGACGAGGTAATACATACCTTAAAATCTTACATCATGTGGATAGCATTTATGGCTTCTTCCATCCGGCCGTACGCTTCTGTTCCTGTCCCTAGCCATAGCTTTTCTCATATCAAAAGCATCTTTATTGTCATCTACTTTTTTCAGGGTATCTGGATACCCATCTTCAGCTGAGTTATAATATCCCACCACTCTCCTGTAGACACTGTATCCCAATTTTTCGTAAAGTTTGATGGCCAATTGGTTATTGCACTTGACGAAAAGATCGATAAAGTTGACTTCATGGGGCATGACATCGGTCATGGTCTCCAAAGTATTACATAACTTCGAAGCTAGCGATATTCGGCGGAATCTTGGAGCTACTGTCACTGCAGTTATATGAGTGTGCCACTCCGTGGTCTTGCCTTCTGTTTTTGCCATCATGTAACCAGAGATATTATGCTTAAATGTAGGATCAACAGTCATTTCTGAACTTTTGAAAAAAAGGTCTGGCCATATTATCATGTATTCAAAATAAAACTCTAAAGGGAAGTTTTCTGTTAAGATATCAAGGTTGACATTGTTAGTTTTGAATAAATCGACAGGTTCAAAAGGCTGAATTGTTGTCATTTCTCGAATCCTCCTGTCTCTTTCCTTGAATATTCTCAATGTTCCACTATCTTTCACATAAGCAATATTGTGAACTATATATACTTCATTAGATATTGCTTCAACATTAATATTAATAAAAAGGACATGCATAAAGTAACATCCGAACATCTCCAAACACCCATACATATTTATATTATCGACGAGGGAATTTTTTTCTTCCCAGGCCCACCAACGTGCGCCCACCGCTATGTTTTTTGCGCCTAGGTAGGTGGGCTAGCTTCTATGTATCAAAGCTCCTTCTGCGCAGCCGAGGTTTTGCTAAGCACTACCGCATTGGAATGACTGTGTTTGTAGGAGCTCCTTGTCTCCACGCTTTCGCAATTTTCAAGATCGAGATACTATTAGTGATGGTAAGGTTATGAAGCTTACATGTTTAATATTGTAGATTCCAGAAGCAGGTAAGAACAACAAACTACAAGAAAAGATGGGTAAAGGTAAGCCAAGAGGTTTGAACTCCGCTAGAAAGTTGCGTGTCCACAGAAGAAACAAGTATGTACAATTATAGAAGATTGCACTATGGTTGAAAGATTTTCATAATAAGTAGAAGAAAGGATCGGCCATTGCTACCATGAAATGAGTTGGAAGCTTGAAAAAGTAAGGGAGAATAATTTTGCAAGAAACTAGGGTAGGGCTACTTAATTTATTATAGCCATTTGAATTCATCAGCTTTTAGGAGGAGAAAGGCCATTTTGCGAATTTTGAATAAGAAAGTCCACAAGTGATGAAACTGAAAATCTACAATGAATTTCTGCCATCTCAGATAATGAATTCACTACGAGAACCTCATTTACTAACAAATTTATTAATCTTTTTGATGAAACTATGTTTTGTCAAAAGTTAATCGTTTAAAACAGCCGTTGGGCCGAAAACAACTATAAGAAGAGATTATTGGGTACTGCCTTCAAGTCTTCTCCATTCGGTGGTTCTTCTCACGCCAAGGGTATTGTCTTGGAAAAGTTGGGTATCGAATCCAAGCAACCTAACTCTGCTATCAGAAAGTGTGTTAGAGTTCAATTAATCAAGAACGGTAAGAAGGTTACTGCTTTCGTTCCAAACGATGGTTGTTTGAACTTTGTCGATGAAAATGACGAAGTCTTGCTAGCCGGTTTCGGTAGAAAGGGTAAGGCTAAGGGTGATATTCCAGGTGTTAGATTCAAGGTCGTTAAGGTCTCTGGTGTCTCCTTGTTGGCTTTGTGGAAGGAAAAGAAGGAAAAGCCAAGATCTTAAGCAGAGTTATATTACGATTTCATAATTCGAAAAATTCTACTGTGTATGTATATGTTTAAGAGATTAAATAATTCTTCAAAATCATCAAACATCAAGCTTATTTAATAATCCTCTTAATAAAACCACCTAGTGTTATTTCGAATTTCTTAAACAAAAAACACATACATATGATACATATCTCAAAGCATTACGGAATTACCTGTTTTGTTATTATTTATGCTTCTTGTTTAATCTTGAAGTCAACCTCTTGTACATCTCACTATTGTTTAAAGTGGAACCAACACCAACTGCTCTTGCGTTTGTAGGTACTGCGCTAAGGTTACTCACAGGAGCATACTTGTAATCAGTAGTGGTTTGTGCTGGTGCGGCAGCCCTGTTTCTCCTTGCAGCAGCTTGTTCGTACAAGGTTTGTACCGAAGAACCACGAGAGGTAGGATCTTCACCAGACTTAGATTTCTTTTTCCTATTTTTGGCAGAATCCATAACGGATTTCTTTCTCAATTTTTCAGAATCAAACTCTAATTGCATTATTCTCTTATCTCTGTAGTTATCTGAAGCACCAATAATAGGTCTTGTCCACTCCGCAATTAATTTTTCAGCCAACCTAGCTAGTTGAGCTTCGACACGCTTGGACTTTGTATAAAAGATAACTACTCTCCCCAAACCACTCTCCTTCAGGTGTTCAGTTTTCACTGGTAGATCGTTTAAAGCTGCAAAGAGTGACTTTTGAATCTCAAAAGATGGCAGAGACCCATCAGGTAAGGGTTCCAACCATATTCTGACACTTTGAAGTAAGTTATTATCCAAAATGGTGTCTGCCAAGTTTGCCTTTGACAGTACGCTTACCACCTTCGGCAACAATTTGACCTTCTGCATGGCAATCAGCGAAGTATCTCCAGTTTCTATTCTCTTATTTAAAGTATCGATGTCCAACTGTGCTGCAATATTCATTTCGTCTTTAAGCCTTAGAATTTTTTCATCCAAGTACTGTTCTAAATCGTCTTCATCCCTCCTCGTTCTTCTAACCTTTGGTTTTTTCAATATACGGTCCAGTTTTTCTTCCAATTCCTGTCTACTACTTGGAGTAGCACTTGAATCTCTATCTTTACTAGCCCTATTTTCCACCGTTGGTTGAAGACTCTGATCATTATGCTCCTCCTTTTCTAGGTCGTCATCTGAGAAATCTGTGCTAATGTGCTTACGTTTCCTTTCTGCAGCTTCTACGTTACTATTTTCGTCTATTGCGGCTTCCTCGTTCTTTTCTCCGTTATCTGGGTCTTTAGTATCATTGGAGGTACCTTTTGAAGTTTCTTGGGGTTCCATACTTTGATTTTGTTTTGTATTTTCATTCTCAGCGTTTATAGTTGACTTTTGGGAGGAAGCTGTCCCATCTTCTGGTGTCGCTTCCACCACTTTGGGTTGTTCTTGATCGGCTGTACTCATTGCTAATTGATATGTTTTTGCCTTTTATTACTAAAAGTTCCTCTATATATACTTCAGAGGACAATAAACTCCCTTGATATGGCCTGCATATACTTTACAAGTGCTATCAAACAAAGATGCTGGGCAATGAAGCTGACAGTTAACTCTTCCAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:797515-802099

ACAAAAGGCGTCCATTGGCATCAAATAACTAGATAGTATAAAATGTTTGGTCTACCTCAACAGGAAGTCTCCGAAGAGGAGAAAAGAGCTCATCAAGAACAAACTGAGAAAACCTTGAAACAGGCCGCTTATGTGGCTGCGTTTCTTTGGGTTTCCCCAATGATCTGGCATTTGGTGAAAAAGCAATGGAAATAATTCCCCACTGAAGAAAAAAGATTGCATCTATGAATGACACTAAAATATGTTTCTCTTTTTGTATTTGCTTTTGATTAAATAATGGTCAATTTGCGCCCCCCACCTTATATAGTTTAGAGAAAGACGTGTAAATATTTTTTAAAAAATTGATACTGCTCTAATGAGCCTAAATCTCCTTTCTTCGCTTGTATATATGCGTATTCTGTATGTTTGTCCAGGCAGATTTTTCGGCTTTTTTTACCAGCTTTTATTATTAAAATGTGATAACCTTAATTGAAGGTTGCGATACAAAATAATCCTTTATTACGCATAACCAAGGAAAAGAGAAAATCAGTGCACATATGGGTTTACCTGAAGTTAACTTTCTTCGAAAAAACTGCATACTTGTGGAGTTAAAATTATTCTATCAAACAGTATACCCACCGAAGGAACTATATTGGAATAACCGAATAACTGCAGAATTGAGTACATTCTCCAATATTAAGTATGCAAGGCCGACTTTCGCAGTAAATAATGGCACATTTCAGAGAACAAGACCGAAATTAGACTTGGTACTGGCTTCATCTGATATTCGTAAGCTGGCTACGGTTTTATTTAATTTAAAAGCTCTCATAATGAATACGAAGGGTGAGGAACCCACTCTAACCACGATGACTAGTGTCCAAACGAACGAAGAGAAAAATGATAACCTGGAACAGAAATATTCAAGTCTGCTAGATAGATGGAATGGGAAAGTAGAAGTGCATGATTCTCCTTTCCTTCAACTCCAACGGGACAGCAACCTTTTGTTTGCTGAGAGGCCGGTACGTTACGTTAGCACTACAGAAGGTGAAGGCGTGGACATATCTAGTGAAGAGTTTTTCAGGTTAGAGGAAGAACAGTGCCGAAGGAATTATGATGTTTTGGTCGATGAACATTCTACACCATCAGTCGGGATGAAAGACGGCCAATACGGACCAAATATAATTCACTTTGAACCGTCGCTGTACCACACATATTCTTCTCTACCAATGAGTATGAAATTTTGGTTAAATGGTCTAGAAGACGACGAAACGACGATGATGAACATTGATGAGAAGTCAGCCGAAAATCTGGATATATTATTACATGGTTTCAAAGGATTTTCGAACAAGCGCGTTAAAGGATGAATTAATCATCCTCTTCATGTACTACTTATGTCCAATTTGAGTGTAAAATCACAGGTACAAGGCTTATCCATATTCGTATATATCTTCATAATGTTTCATAATTGCTTCAGAAAATTATTCAAAACGTCTTGTGATATTCATTAGGTGAAATCGTAGTTTGCCTGATACTTGAAAGAATCTCACCTGGAGAATGGGTGTTTTCACTAAGATTCGTTAATTTCCACTAATGATTAATTGTTAACTGTTTAACGCGACGCGTAATAAAGTTTCCTGAATACGCCAACATATGGGAACATATAGATTAAATTAATAAGAAAGCTTGGGAAAAATAATTGAGAAGGGCAAGAAGTGACGTAAATATACTAGACGTACTATTATGGTTTCAGTTATAGACAAGCTTGTTTTTGACTTTGGTGGGAAAACTCTGGTCTCTCTCGCACCAGATAATAATACTTTGTGTGTAGCCAATAAAAATGGCTTAACCAAGATTCTGAAGACAAATAACCCAGAAGAAGAGCCAGAGACTTTAGATTCTTCCAAATTGGTCTCGTCTATAAAATGCTATTCAAACTCGCACTTTCTGATGACTACAATGCAAGGTGATGCTCTTAGGTATAACATCGATTCTAGTCAAGAAGAATTATTGGCTAGATTTGCTTTACCCCTACGTGACTGCTGTGTTATTCATTCAGGTAAAATGGCCGTATTTGGAGGAGACGACTTAGAACTAATCCTTTTGGAATTGGACGATGAAACACACAAAAAACATGCCATTAAAATCGATGAACAAGTTTCTCAAATTTCTTACAATTCACAGATGAATATTTTAGCAGTTTCAATGATAAATGGTAAGGTACAAATTTTTTCTCTGACATCTACTATTCCAAACAAAGTTCATGAGTTAAATGATTACATAGTGGCCAATTCATATGATGATACACACAGAGATAAGATACTCTCGAATATGATGGATGATATAGATAAAGACAATGATAATGACCTGAGTGAAACGGCTGATCCAGATGAGAACAATGTAGCTGATCCAGAATTCTGTGCTGCTAATAGAATTTGCACGAGAGTGGCTTGGCATCCGAAGGGTCTGCATTTTGCGCTACCATGTGCAGATGATACAGTAAAAATATTCTCTATAAAGGGATATTCCCTACAAAAGACGTTGTCCACAAATCTCTCATCAACAAAGGCTCATTTCATTGATTTGCAATTTGACCCGTTACGTGGAACTTACATTGCGGCAGTAGATTTAAATAATAAGTTAACGGTATGGAATTGGGAAACTTCCGAGATCCACTACACCAGGGAATTCAAAAGAAAAATTACTAATATTGCCTGGAAAATCCAAGCGGACTCAAAAACTCTAGACCTTGTTTTAGGTACCTGGTCCGGTAGTATAGCCATTGTCCAAAATTTGGCAGAGTCCGTAGTATCTAATATACCTGACCAATCTGTTGCTGAATCTTCAACTAAACATGGGCTTTTTGTAGACTCCGAATCTGACTTGGAAAACTTAGAGGGAAATGATGATATAAACAAAAGCGATAAGCTATTTTCAGATATTACTCAAGAAGCGAATGCGGAAGATGTGTTCACTCAAACACACGACGGCCCCAGTGGATTAAGTGAAAAGAGAAAATACAACTTCGAAGATGAAGAAGACTTTATTGATGATGACGATGGTGCTGGTTATATTAGTGGCAAAAAACCACATAATGAACATTCTTATTCGAGAGTACACAAGACTCATTCGTTTCCAATCAGTTTGGCAAACACAGGAAAATTTCGTTATATGCCTTTTTCTCCAGCGGGAACACCTTTTGGCTTTACTGACAGGCGTTATTTGACAATGAATGAAGTGGGCTACGTATCTACTGTCAAGAATAGTGAGCAATACAGCATAACTGTCTCTTTTTTTGATGTTGGACGTTTTAGAGAATACCATTTCGAGGACTTATTTGGCTACGATTTATGCTTCCTAAATGAAAAAGGCACTTTATTTGGCCAATCCAAAACTGGGCAGATACAATATAGGCCACACGATAGCATACATTCAAACTGGACCAAGATTATTCCTTTGCAAGCTGGTGAGAGAATAACAAGTGTGGCAGCCACCCCGGTTCGCGTTATTGTTGGTACATCATTAGGCTATTTCAGAAGTTTCAATCAATTCGGGGTTCCATTTGCTGTTGAAAAGACATCCCCAATTGTAGCGCTTACTGCTCAGAATTATAGGGTTTTTTCAGTACATTATTCGCAGTTTCATGGCCTTTCATACTCTTTATCTGAATTGGGTACTTCTAGTAAAAGGTACTATAAAAGAGAGTGTCCACTTCCAATGAGTTTACCAAACATTAATTCTGATATGAAAAAAGACGCAAATCTTGACTACTACAATTTTAATCCGATGGGCATCAAAAGTTTGTTCTTTTCAAGCTACGGAGATCCATGCATTTTTGGGTCCGACAACACGCTTCTATTGTTATCAAAGTGGAGATCACCAGAAGAAAGTAAATGGCTCCCTATTCTAGATAGCAACATGGAAATATGGAAGATGTCAGGAGGGAAGGAAACGACAGATATACATGTCTGGCCCTTGGCTTTGGCGTATGACACATTGAATTGTATCTTAGTTAAGGGCAAGCATATATGGCCCGAGTTTCCCCTTCCGTTGCCATCCGAAATGGAGATTAGAATGCCAGTATTTGTTAAGAGTAAATTACTAGAGGAAAACAAAGCTATATTAAATAAAAAGAACGAAATTGGAGCTGACACCGAAGCGGAAGAAGGGGAAGAAGACAAAGAAATACAGATTCCTGTTTCTATGGCGGCGGAAGAAGAGTATCTGCGCAGCAAGGTTTTGTCAGAGCTGTTGACAGATACACTCGAAAATGACGGTGAAATGTACGGCAACGAAAATGAGGTATTGGCAGCATTGAACGGTGCATATGATAAGGCTTTGTTACGTTTATTTGCGTCTGCATGCTCAGACCAAAATGTTGAAAAGGCTCTTTCGCTTGCTCATGAATTAAAACAAGATAGAGCACTTACTGCAGCCGTTAAGATATCAGAAAGAGCTGAGCTGCCCTCTCTCGTTAAAAAAATTAATAATATAAGGGAAGCTAGATATGAACAGCAATTGAAATAAAAAAATGTAAAATATATATACGCAAGAGACAATTATTTGATACCTGTTCATTTGTTCAAATCATCGTTCAAAATGCTCCCAC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:802152-812739

GATCTGAGCTGGAAGCGTCCTTGCGAATTTTCGCGAAAGGAAAAAGTGAAAAAATATGAAAAAAAAAAAAAGAGATGACATTTTATAGATGAGCTTTGATTAAACAGTGTAACACCTGGTCCTGTACCGTAAATATTCAAATAAGCATCAATTCAAAGTTCTTTATTTCTTCTTTAGCATTTCAAAATTATAGAAAATCTAGAAAAGATGTCAGATGTTACCCAACAGAAAAAGAGGAAAAGATCCAAAGGAGAAGTTAATCCATCAAAACCCACAGTAGACGAAGAAATCACAGATCCATCCTCAAACGAAGATGAACAACTAGAAGTTTCGGATGAAGAAGACGCATTGGAATCTGAAGAAGAATTCGAGGGTGAAAATCCAGCCGATAAAAGAAGGAGGCTTGCAAAGCAATATCTGGAGAATCTGAAAAGCGAAGCTAATGACATTTTAACTGATAATAGGAACGCTGAAGAAAAAGATTTAAACAATCTCAAGGAAAGAACAATCGACGAGTACAACAATTTTGATGCTGGAGATTTGGATAAGGATATCATTGCGTCCAGGTTAAAAGAAGACGTTGCTGAACAGCAAGGCCGAGTCTTCAGATATTTTGGCGATAAACTTCTAATATCTGAAGCAAAACAGAGCTTTACCAGGGTAGGGGAAAATAACCTTACTTGCATTAGTTGTTTCCAACCCGTTTTAAACAAATACACCTTCGAGGAATCATCTAATGGCGATAAGAACAAAGGTAGGTTATTTGCCTATACAGTTAGCAAAGACTTACAACTCACCAAATATGACATTACTGACTTTAGCAAAAGACCAAAGAAGCTAAAATACGCTAAAGGAGGAGCAAAATATATACCTACGAGCAAGCACGAATATGAGAATACCACAGAAGGCCATTATGACGAAATCTTAACTGTAGCAGCCTCACCAGATGGTAAATATGTTGTCACAGGTGGAAGAGATAGGAAGTTAATTGTATGGAGCACAGAATCTCTATCACCCGTTAAAGTTATTCCAACAAAGGATCGCCGAGGGGAAGTTTTATCGTTGGCTTTTAGAAAAAATTCTGATCAGTTATATGCATCCTGCGCAGATTTTAAGATAAGAACATATTCAATAAATCAATTTTCCCAGTTGGAGATTCTTTATGGGCATCATGATATAGTGGAAGATATATCTGCGTTGGCGATGGAAAGGTGTGTTACCGTTGGTGCCCGTGATAGAACAGCTATGCTTTGGAAGATTCCTGACGAGACCAGACTAACATTTAGAGGTGGCGATGAACCTCAAAAGCTACTAAGGAGATGGATGAAAGAAAACGCTAAGGAGGGAGAAGATGGAGAAGTCAAATATCCTGATGAATCAGAGGCACCTTTATTTTTCTGCGAGGGTAGTATTGACGTTGTGAGTATGGTGGATGATTTTCACTTTATAACAGGCTCCGATAATGGTAATATATGTCTATGGTCTCTGGCGAAGAAGAAACCTATCTTCACGGAAAGAATTGCCCATGGTATTTTACCTGAGCCCTCTTTCAATGACATTTCGGGGGAAACCGATGAAGAATTAAGAAAAAGACAGTTGCAAGGCAAGAAATTGCTACAACCATTTTGGATCACATCTCTTTACGCTATTCCATATTCGAATGTATTCATATCTGGATCATGGAGTGGATCGCTAAAAGTTTGGAAAATTAGTGATAATCTCAGATCATTTGAGTTGCTAGGTGAATTATCTGGCGCTAAAGGTGTAGTTACCAAGATTCAGGTTGTAGAAAGTGGTAAACATGGGAAGGAGAAGTTCCGTATTTTGGCTAGTATTGCCAAAGAACACAGACTCGGTAGATGGATTGCAAATGTTTCAGGTGCCAGAAATGGTATATATTCAGCTGTCATTGACCAAACAGGCTTTTAGATTGCTGATATTGCCGTAATTTTCCATGCCCTTTTCACTCTCTCAGAACGCAAAGCGGCTCCGGCTCCCAAGTATATAGAAATAAGCATATAGAATGAAATGTATCTTTTGTAAAATATCTAAAAAAAAAATAGTACATGTATTTTAGTCTTTTTGGTACATTAAAAAAGTTTTCATTGTCACGTATCTGCAATGGCATTCTTCACAAAGCATGTTAGATGCGGGGGGAGGGGAATGATTATGGACAAGAAGACCAATATTATTATTTATTCTTCAATGGAATCGGAAATAGAATGAAGAATTATGACTCCCTGATATGCGAATAGTTTGAACCTAAAACGCGCCAGGACTGTTTAAAAATAACAAAATCGAACATTGTTAGAATGAAACTCTAACATGTTATCTATTTAGTAGTATGAACGGAAGGATAAATAATCGAAATATTATTATGTAGAAATACCGATTCCATTTTGATTCTTATATTCTCGAGAGAACTTCTAGTATATCTGTATACATAATATGATAGCCTTTACCAACAATGGAATCCCAACAATTATCGAATTATGAGAAATGGGTGAATGTTGAGATAATTGTTGGGATTCCATTGTTGATAAAGGCTATAATATTAGGTATACAGAATATACTAGAAGTTCTCCTCAAGGATTTAGGAATCCATAAAAGGGAATCTGCAATTCTACACAATTCTATAAATATTATTATCATCATTTTATATGTTTATATTCATTGATCCTATTACATTATCAATCCTTGCGTTTCAGCTTCCACTAATTTAGATGACTATTTCTCATCATTTGCGTCATCTTCTAACACCGTATATGATAATATACTAGTAATGTAAATACTAGTTAGTAGATGATAGTTGATTTCTATTCCAACATACCACCCATAATGTAATAGATCTAATGAATCCATTTGTTAGTTAATAGTTTAAATGTTTTTATCGGAAGAGGTTTTGTCATCACATCAGCAATGTTCTTCTTGGTCTCGATGTAGTATACGTATAGATTATTACCTGATACTTCATCTCTAAGTCTCATTGCCTTTGTGCCAAAAAATCTGTTTCTAAATTTCTCTTCATTTGTAGACTTAATTATACTGATCGTTGATCTACTATCAGTAAGTAAGCCTTTAATAATTGGTTTCTTGTTAAGTTCTTGCACAAGGTGACTGAGGTTATTCAATAGCGGAATAGCTTCACTGACTGCGTGTATTTCTGCTTCTGTAGTTGAAGTGCATGTTAACGAAGCCTTTGTCGACTTTCCTCCAATCACTTTTCCGTTGAGTAGGAAAATGTTACCAATTTGTGACTTGTAATATGGTTGGTTACCATATGAAGCATCGCTTATTGCGACTAGTTTATTATCTGGCTCGGTAGGTTTGTTTTTGTGCCATATCAGTTGTTTATCTCTAGTGTCCCACATGAATTGTATTAACTCATATGTCATGTCTAAAACTTGCCTAGAGGGGAATAGTATATGTTGAGCAAGTGTGTTGATGTAGTATAGTAAGTCAAATCTAAATTTATATCCAACATATGAAGCTAGACCAATCAACTTTTGCATTTCATGTACCTTCTCTTTGTATTCATCTTCATCTATTTCTAGTTCATCCTGGTCTATATAAAGACCTGGTTGACCTGGAGCGCTAAGTTTTCTTCCTTTTGGATTCAAAGGTACGTTTAATTTGGGTATTTTCTCAGTTAATGAGTTTTCCATACCTAATTTCATGTATTTACCTCTTTGATATTTGATTTCTAAGCCAAGTATGTCGTACTGAATTTCGTTATCACTTTCACCCAGATTTATTATCTTTGTATCGTATTGTTTCTTGAGTGTTGTTATGATTTTCTTATTTGCATTTAAGTCTTTGCTGAACAATATCATATCATCAACGAATAAGCAAATTGTTACTTGACTATTCTTAAATACGCATGACCATCCACGAACTTCTTCCATACCACACTGTTTTATCAGGTATGATTTGATAGTTTCGTACCAGTTCGCTCCACTTTGTTTCAATCCATAATGTGATTTCTTCAAACGTATCAACTTATCATTCATTCCTAAATGTGGTGGAGGTCTTATGTATAATTCTTCTTTGATGTCTGCATACAAATATGCCGAAGATATGTCTAATTGTGTAATATAGTAGTTATTGTCTAATGCAAGTGACAGGGATGTCATCAACGCATAATGATGTACAGTGTTGGATTGCATACCTGTATCGTACGTATCAGGATGCTGAATGTCACCTCTTGCAACAAATCTAGCTTTATGAGTTCCGTCACGTTTCTTGTTGAAGATAAACATTGAGTTTATTACTCTTTTAGGGTCTATTTCTTTTCTGTCATAATATTTGTCAGTGTCCCAAGTATTCATTTTCAATAGTTGGTTGACTTCTTTGTGGTATGCCTCGATATATTTTTCTTTTTCTTTAATATCTTTATTATAGGTGATTGCCTCATCGTATCGTAAGGTTGTCCGTATTGGTTTGATTGATTTTACTGCTTTTACAGCTGCAATCAGGTGAATTCGTTTCTTCGATCTCGGAGGTTCTAAACTACGCATATTCTTAGTATTCCATGTGTCTCGTGATACCTTAATTTCAGTTTCATTATCTTCTAATGATCTTTTCTTACTGTTGATAGTAGTATAGGCATTAGAGTCACCAATACCACCCAAACTGGAATTAGTTTGATGAGAATTTATCGGTGGGAGTTCTTTAAATGGGTCAGGGAATTCGGTAGGAGATTCTGGAGGTAGATCAGGGAGTGGGAGATCAGCGATGATAGATTCCTCGGTATTCTGTTCAGAAACAGTAGTTGGCGTTTTGATAGGAACAATATTGTGCGATGAATTATTTTCCGGTGGAGAAGCATCGATTGAAGGTGAACGGTGTATAATCCTTTTCTCAGTCTCTTGGTCACTTATCTGCGGAACAGTTTTGTTGTTGGTACCACCCGTACTGGATATTGGTACGTTTGTATGATTAGTCTCATTTTCACTGTACGAGTCTGAGTGTCTGAAATCTTTAGATTTACTGGCGTGCGACGACTCATGTGTGTTAGATTGGGACATGGGAGCAAGTAAAGGAACATTTAATTTATGCATACCACCCGAACCGGTACTCTCGATATTGGAAATTTGGGGGGTGCTAGATCTCTTCTTTGATGGAAGAATATTAGATTCAGATATGTTGGGGTCAACTTCTCTGGGTGCGCGAATATTGGTTTTAGAAACACGTTTCGAATCTTCAGTATGAGTTGACGGAGGTGTGGAATCGGTTGGACTCACAGCTTTTGAAAGGACATTTCTCGGTTGCTCAGGATGTAGTTCAATGTCGGATTGGAAGTCATGGTCAGATTCTATGTTAAGATCATTGGATTCTTGGATCTCATTTGACGCAATGAACGAATGATATGAAGCAGTTAAACGGTTTAAGTCTTCATCGAAAGTGAGTGCGTCGTAATTGAATTGATCTAATCTGGATTCCTTGCCCTGAAGAATAACATAGTTAGTTGTATCTACTGTCTTCTTTAAGGATGGAAGATAGATGATATATCCATAAGAGTTTCGAGACGGATGTAGAGCGTAGCCTGGGATGCCACGAGGATGTATTTTGGAGTTAGGGTTGTGATCATTGACGATAACAGGTTGACCGAAAGGTAACAAAGTACTGATATCAAGTCCTGCCAAGCCAGCATGTTGTCTTGCAGATTTTTTGCTTTTAGGTGAAGCTAGTGAATTTCTCACAATAGTAGAAAATTCGATTGCAGAGAACCATAAATGGTTCGGTAAACCACTACATTGCAGTTGAGTACGGCAGTCATCTAATAAGGTACGGTTTAGCCGTTCAGCGACTCCATGTGCTCGGGAATCCGCTGTGGTTGTATAGCATGGAGTTATACCATTTTTTTCAAGGAATTTATGGAGAGTTCTGTTAGTATACTCAGAACCACGGTCCATTTGTATAACCAAGACACTGGCCTGAAACTGGTTTTTAATAAAAGCTAGTATCGTAGTAAAAACATCGAGGATAGAGTCCTCGCGACGGTCGTGTAATGGATAAACCCAACGGAATTTTGTTGTCTCATCAGTAAATGAGATGAAATAGGATGGTGCACTTTTTGGTAGGTTGTGAACTGGACCAAATATGTCAGTATGTAGGTATTGAAAGGGTTCGTATGAATTTTGGTATTTTAGTCGTGAACCTTTGATATGTCTGTGTTTGGTGCTTTTGCCGATTAAACAATCAGGACATTGATAGTCAATAGCACTAGACCAGTCGACATCTGATTCGTTAAAATACGTGATGGTGTTATTTTTAAGTGAGTATCGAATTGTCTGTGCATTGGCATGCGCAAGCATTCGATGAATGAAAGGATAAGGATATTTGCGTGTACTTTCACTTGTATGGACATTATTGATGGTGGGTACGGAGATATTTGATGGAAGCAAGTACTTTTTAGATACCCAGTAAAAGTCTCCATATTTTACGATAGGTGCAAGTACAGTGCCGTCAGACCGTTCTAAGACGTTTTTGGTAAAGCATGCTGTGATATCTACTGCAGCCAATTCATTCAAACTGAGTAAGTCATAGGCTATGTTAGGAGTGTGCAATACCTTTATTGATGTTTTGGTGTTGTCCTGGAAGTGAAATTGTAGGTCACCAATAGCGTTAATTGGTATATTTCTTTTTTGAGCATCAACTACGTTTATGTCAGGATTAGATGATGCTGAGTGTATGTGATGAGCAGATCTTATAAGGGTTCGTGATGCTCCTGAATCGAGAAGGAGGTGTCCAGGGAGTTCATCATCAGAATGATTAGTATGATTTACTGTAGATTCAGTAAGTTTCTGGCCTAAGATGAAGGTCGTGCTTATTGTTCAATTGAATCGGTTCAGTAGTTGATTTACTGATGGAATCGTTGTCCGTGCTGGGAGAGTTATTAGATGTGGATACATTGTGAGCCCTGGCTGTTTTCGATTTCGAATTATTTGTTTTTTGAGGATTCCGAGCTATAACTTTGGGTTTGGTTGTATTCGTATAGCTGCGAGAATCATTCTTCTCATCACTCGGATTTCTCCTGTAATTAGGTTTACTGTTTCTCGATCCCTGTTGTTCTTCATAAATAGCATGGATATCTAAGAACAGTTCAGCGACTGTCATATTTAGATGTCGATGACGTGTGTAGCGTAAAAATTTATATTCGCCAGATAGACCTCTCATAATTAATTGGCATGCGACCTTGTTATTGATATGAATGCCATTATTGTTCAGTCTGTCGATAATGTTTGTGACTTTTGTTTCAAATGCATCTGCAGGTGTACTGCCATTATATTGCAAATTTGCCAGGGTCACAATGTCGTTTGCCTCTTGGGTATCAGATTGCATTTTTTCAATACTTTTGGAAAGAATTTTCATGATATCCGTATAATCAACGGATAGGATGTCTTTGACCCAGGTAGGTAGGAATTGAGAGGGAGCAAATATTTGAAAAGTGTTATACAAGAAGGTGAGTTCATCATCAGTGATCTGACGTACGGGTTTTCCGTTTACTGTCGGAATAATACCACCGAGATTCGAGTTTTGTAAAAATTTGATGTATGTTTTAACCCAATTTGGAAAGTCATTAGGTGAGGTTAACATTGGTGGTGGTCTGACATATTTTTTAGTGGATGTCATATCAGAGTCCGCTGAGGATGAATCAGTAAATGTATTACCTGACTCAGGTGATGGAGTGCTCAGAGGCGTTCCAACTGATGATGGATACTGCGGAAACTGTGATTGTGGCCCAGGTGGAAAGTACATAGGCGACATTTGATAAGGTGTATACGGAATCATAGATGGGTGTCCGTAAAATGACCAACCAGATGGATTGGCTTGGTTTTGGGTCATCATGCACTGCTGTGGGTACGGCCCATTCTGTGGTGAATGTGACTGAGCAGTTTGAGGAGAGGCATGATGGGGGTTCTCTGGAACAGCTGATGAAGCAGGTGTTGTTGTCTGTTGAGAGTTAGCCTTAGTGGAAGCCTTCTCACATTCTTCTGTTTTGGAAGCTGAAACGTCTAACGGATCTTGATTTGTGTGGACTTCCTTAGAAGTAACCGAAGCACAGGCGCTACCATGAGAAATGGGTGAATGTTGAGATAATTGTTGGGATTCCATTGTTGATAAAGGCTATAATATTAGGTATACAGAATATACTAGAAGTTCTCCTCAAGGATTTAGGAATCCATAAAAGGGAATCTGCAATTCTACACAATTCTATAAATATTATTATCATCATTTTATATGTTTATATTCATTGATCCTATTACATTATCAATCCTTGCGTTTCAGCTTCCACTAATTTAGATGACTATTTCTCATCATTTGCGTCATCTTCTAACACCGTATATGATAATATACTAGTAATGTAAATACTAGTTAGTAGATGATAGTTGATTTCTATTCCAACAAATTATTCATCAAATACATCTCGATATCCATATTTTGGTTGCAAAGAAATAAATACCGGAGATATGATTCAGATGTGGAAGCGGTTTTAAAGTCCCAATTCATCATTATTTGCGACTCCATGGCCAAGTTGGTTAAGGCGTGCGACTGTTAATCGCAAGATCGTGAGTTCAACCCTCACTGGGGTCGTATTTTTTACTAAATTAGTTTTTTTTTAGGGAACAGACGTTAAGTTTTTTAATATTATTATGGCATATAGAATGGTGAGTAAAAATACCAAATGATGAAATGAATTTGTTTTGTGAGTCTATGATAAAATGCAGAATATAAAATTAAAAAGTTCAGAAATAAATAAATAAAAAAAAATCTAGTATCGCGGCACTTCCGTTCAATGTGCCGACGAGCAGTTACTGGGGAGTTGATTCATGCTTCTTTTGCGTGATGCAATTTAGGATTATTACTTTTTTCGTTTTGGCCGCTTACTGTAGCTGATGACAATGAGGAGTTTTGGCTGTCCTCAGTAGGATTTGTCTCAGACGCAGAATTAGCGCCATTGCATGTAGTATGAAGTGCATCTGTATCTACACCCCACTGGTAATAATCTCTCCTAACCTCCACGTAATCGTAAGCGAATTCGCCTATTTGATCTTCATCCAACCCCAATGCTTCGGCTTCCTCAGTGACTCTTAGATGGACACCCGGAATTTTACCTAATACGAAGCAAATGATGGCCGTGACCACAGCACAATAGCCGGCAGAGGCACCGATATAGGCAATTTGAATATACATTTGTTTCCAGTTATGCGTCAACCAACCACCCTTATGCTTTGTTGTGCCGTCCATTCCAATAACCCAATCAGCTGCAAATAGAGCGTTAAAAATCAATCCCACCACACCGGCGATACCGTGTTCAGCTAATAGATCTAAGGAATCATCCACTTTTAAATAATACTTTATTTTTGTTGCAAAATTACAAACAACACCCGCTATTATACCTTGGATCAAAGAGCCATATAGAGTAATACAACCCGAGCTAGGCGTGGCAGCAACTAAACCACAGATAATGCCGGAGCATAACCCAACAGTGGACCATTTTTTTTCAGATCGATAATCTAATAAACACCACGTCATTCCACCCGTGGTGGCGCTGAGACAAGTGTTCATGAACGCATATACGGACCTCATATTTGGTGACAGTGAGCTTGCAGCATTGAAAAGCAACCAACCAAACCAAAGTATAGAAGTACCCAAAGTCACCATGGAAACATTATGTGGTCTAAAGTTGATCAGGAGGTTTTCTTTTCTTCTTCCTAGAAAATAAGAATAAACGAAACCAGCCACAGCACTTAGGATTTCAATATTCCCACCGCCAGCCCAGTCTAATACCCCCCATTGGTAGGCCCAACCACCTGGGGCCCAAATCCAATAAGTGATGGGACAGTAAACCAAAGTCGCAAAAACAAAAAGAAAAACCATATGTGGAAAAAGCTTACCTCTTTCCGCAGTGGCACCAGCTATAATACTCAATGCGACACACATGAACATCATTTGGAAAATGGCATAAATCAGTTCAGGATACGTGGAATCATCCGAAATTTTGCCATAGACGTTTCTAAACCCAAATGAATCCAAGTTGCCGATAAATTTGTTGTTCGTCGCAGTCTTAGAGAATGCTAAAGAATAGCCCCAAAAATACCATTGCAGTATACCTACTAAGGTAGCCATTATCACTACCCAAATCAAAGCCAGAGCAGATTTTCTTCTTGCTAAACCGGAATAAAGAAAGCCCAGCCCCGGTACCATGAAGAAAACCAGGGCGGCACCTAAAATCATAAAAGCGACTGTGGAACTATCATATGTCTCTGTCCATAGATGTCCGTCACCCCGAGCCATGTGAACTCTAAATCTATATGTTTTCAATTGTATCTTCTAAAAAAAAAATGCCTTCGCTTTTTACAAAACAATTTCAAAAGTGATTGGACCCTTAACTAGCCTGCATTGATTGTAATAGACAATCAAAGAACCAAAAGAGAGAAGAAGCGACCGAAAGAAGACGGCTATCAGACTCAAAGCACACAACCTTATTCTACAAGATAGGAAAGGGAGAAGATATCTATCAAATTGTTGCGATAAGATGCGATAAGACAAGGAGAGGGAAAGTCCGTGCTGCATATCAGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:813123-814113

TGTATGCATGCATGCATGCCTTCATAAGTATTTCTACTTCCTCTTTTTACGTTGATCGCTGATATATTCCTTCACAAAATTCCTCTTAGATTCAACATCTAACTTCCGTGAGACTAGTTTATATTTGTCGCCACCGTTTAATGCAACGCGTAATTCCTCTAAATTATCCGAGAGTACTTGTGGCTCGTTGATCTTGCATTTAACATTAATGCCCTTGTTCAGAAATCTAGATAAATACTCCATATTGGAGATGGGCAATGTGGTGATGGCAGTTTTATTAGTTTTGATTTGGATGGTCTGCAATTCAAATTTTTTAGTTTTGGCCATTGCGGGGTTCATTGTGGTTATTGAAGGGTCTATGAATTCTTTAAGTTTTTTCCCGGTTATACTAAACGGTAAGACGCTTTTACCATTACATGAGGTACCCTCAGCAAACATAAAATTCACGGTATTGCCCAATTGAGATAGCTCTGCTACCTCGTGGCCATAGAGTTTTATATCTAACCCACCGGCGAGGATGAAGTTGATGAATTCTCTTATGGAAACTTTGTATACAATGTCATTGGATGGGACCAACAACGTAACAGGCCCTTGAGCTAATAACACCACTGAAAAAGCATCTAAAGGTGAGGTACAATTGCAAATATAAAGCTTGCCCTTCTGTGGATAATGCTTGGATTTCCTTACGTCACGTTTCTTGATTCCTTGCACGGTAATTTCCTCTTTCCAACTGAATGTAAACTTCAATATCAAACCCAGTAAGTTGTTCTGGCCAGTTAGAAGGTACAGCATAATCAATGGTAGCATTATAATGGTTTTCACCCCTAGGATACCCAACAAACACGCTGTCATCACCTTACTAGGTTTCCTGATTGTGTTTGGTAGAAATGGAGCTATTCCCGTACCATTGTCTCTCCAATTGGTGTACTTTTCCATTACTTTTCTTGTATTTTGTCACCTCGTAGGAGCTACTTCTTTCACGCCAGGATCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:814219-818179

TCGGACCTCAAACATAGCGTTTTTTTTTGTAAAACACTTAAGGATGGAGGAACATGTATGCTGAGTAATTCCAGCAGAAACCATTTACTGAGAGCCTCATCTTTTGTTAAAAAATTTGTTTAATAAAATATTTCATTTTCAAAAAAAAAAAAAGTAAAGTTTTCCCTATCAAATGTCTTTTAGGGATGTCCTAGAAAGAGGAGATGAATTTTTAGAAGCCTATCCCAGAAGAAGCCCCCTTTGGAGATTTCTTTCATACAGTACATCATTACTGACCTTCGGTGTATCAAAACTGCTTCTTTTCACATGCTATAATGTCAAATTGAATGGTTTTGAAAAATTAGAAACTGCCTTGGAACGTTCCAAAAGGGAAAATAGAGGCCTTATGACGGTCATGAACCATATGAGTATGGTCGATGATCCGTTAGTTTGGGCAACACTACCATATAAGTTATTTACGTCTTTGGACAACATAAGATGGTCTTTGGGTGCACATAATATTTGCTTTCAAAATAAATTTCTGGCCAACTTTTTCTCACTTGGCCAAGTCCTTTCAACAGAAAGATTTGGGGTGGGCCCATTTCAAGGTTCTATAGATGCTTCAATAAGATTGTTAAGCCCTGACGACACTTTAGACTTGGAATGGACCCCTCACTCTGAGGTCTCTTCTTCGCTAAAAAAAGCCTACTCCCCGCCCATAATAAGGTCGAAGCCATCTTGGGTCCATGTTTATCCAGAAGGATTTGTACTACAATTATATCCGCCTTTTGAAAATTCGATGAGGTATTTTAAATGGGGTATTACCAGAATGATCCTAGAAGCAACAAAGCCGCCCATTGTAGTACCAATATTTGCTACAGGGTTTGAAAAAATAGCATCCGAAGCAGTCACAGATTCAATGTTTAGACAAATTCTACCAAGAAACTTTGGCTCTGAAATAAATGTTACCATAGGGGATCCTTTAAATGATGATTTAATCGACAGGTATAGAAAAGAATGGACACATTTGGTTGAAAAATACTATGATCCCAAAAATCCTAACGACCTCTCTGACGAATTGAAATATGGTAAAGAGGCGCAAGATTTAAGAAGCAGATTAGCCGCTGAACTGAGAGCCCATGTTGCTGAAATTAGAAATGAAGTTCGCAAATTACCACGCGAAGACCCTAGGTTCAAATCCCCCTCATGGTGGAAGCGGTTCAACACCACGGAAGGTAAATCGGACCCAGATGTTAAAGTCATTGGCGAAAATTGGGCAATAAGGAGGATGCAAAAGTTTCTGCCTCCAGAGGGTAAACCAAAGGGTAAGGATGATTGAAATTTAAGCAATTAAATTCGTGTAAATACTAGCATGTATGAGGTCATTTTTACATAACAAATATTCATTACTTACTTTGCTTTTTATCTGTGCGCATTAAAATGAGTTTCATATATAATATAGTTACATGTGATGAATGTATGGACAGTCTCTGTCATTTGTCAAAGGAGTGAAAAAGACCAGAAAAGGCCTTGACCTCATTTTCTACTAACCAATCTGGTAGAATTCACTTTAGACGCAAATCTTAACGAATTGAGAGTCTCATTAATATGAGAGGAGCTTGGTGAAATGTTTACAAACATTAATGTTTTCGAATCCCCAGTGAGTGAATATTGCAGTAGGTATGTCAGTTTTGAGTTCCTGAACGGTATATGTCTTTTGGTACTATCAGGCTGACCTAAAGCATGAATAACGTCACCTAAGCAACTTAAAGATTTATTTATATTTTGTGTTTCTCTTAATCTATCCCCTACAACTTGAGAGACATTTATTCTTTCGGAACCGGCCAAATCAACAAGATTTAGTGTGCCATACGAGTGTGCTCCAGTTTTTGCATTTGATCCAGACAAATGAATTATGAAAATACTGTGTGAACGGGAGGAATGCTCATTTGATGCTGTGCTAGCGGTGGATCTTAATTTATTTGCTTTTTTCAGGATTATTTCCACCATTTCTTCCGACTCAAGCTTGCAACTCGTAACATTCGTTATCGTGGTAGTCTTAGTTTCCTGATCATGACGTATTTCGTGCTTTAAGCCAATGCTTGTGTCTTCTTTATTATTATTATCACTTCTCAATAAGTCTACGATGTTCTCGTTGTAGATCTCAATGAATTCGCAGTTAACTTTATAATCCCATCCTTTTGTCTTTAATTTATTGATCCAGTTAAATATATGAGATATTGTGGACGGAATGATACCATCACCTGGATTTAACATCGTGAAAGTTTTCCCAGATCCTGTTTGTCCGTATGCGAAGATACAAACATTATATCCATCTAATGAACTTTGCACTAACTGACCAACTTCTTTAAAAACATCCACATTTGTATCCTGTTGATCAAATATTTTATCAAATTTGAATTCATGCACTTGCGCTGTGTTTTGTATTTTCGTCACTTCCATAGATTGAACACCACTATTGTCATCAAATTCATTAACATTAATAAGGCTAGTATCAGAATTTTCCAAATTTTTTAGAGCTGGACGAATCCTACAATAAACTCGTATATTTCCTCTTAACTCTTGTAACTCATTATGCAATGTGCGTCTAACCGTTTCCTCTTTAATCAGAATTTCATTCAACTCCTTCATACCCAGTTCAGTGTCTTTTATATATTCCTCAAGTTCTTTGATCTTTTCCAAAGTTTCTAAATTAGTTTTCTGTTTTAATGCCACCTCATCTCTCAGCCTTGTAGTTTCCTCTTCCTTTTCTTTAACTTTTACTTTGATAGCTTCATACGCGTTACGCTTTTCTGTTAAGAGCTTCTTTTTTTCTGCCAACTCAGGTTTTAATGTATTTTCGATTTCCTTTTTTATGCTTTCGATTTCTTGCATATGTTTATTATTCAGCTCTATATCCTTTTTCCACTGCGATTGGTACTCTGTAAGCCATTCTTCTTTTTCAAGCATATGCTTTTGTTCAACATCGTTCAACATTTCCTGTAAAGTGGAAGGGTTCATGGTGATTTTATTTCTTACCTCTTCTATTTTATCTAAAAGCGACGCTCTTTCATTTTCAAACTGTTTAATCTTCATAAATTTCAATTTCTCAATTTTTGTTTTGTATTCATTTTCCATTTGTTTCAGCTCTTTTTTATTAGATGCCGCTAGCTGCTTTAAATGTATTTCATGTCCTTCATTCATGAACTGCTTCTTTGACAAAAATTCTTCTTTAATCGAGATAAGTTCATTGTTTTTCAAATTCAGTTGCTGTTCAATTTTTATCTTTTCTTCACGAAGGGTTTCAAATTTGAGATTAACGGCATTGATTTTCTCTTTCGTTTCTGTTAGTTCATCTTTGAGTAAATCTAGTGTTGCCTTTTTCTCAAATAAGATTGCTTGTGTTCTATTGAGTTCATTAACATTTTCTTTATAAAAGGAAGTTACACCGGAGTTGCTTTTCTGGTTTCCATAAATCAAATTTGCTGTACCTTTATAATTCTTTAAAAGCTCGCGATTAGGTGACATGGATATGCGACTCTGACTAGCTAATGAGTGTCTATGAATATCCGTACGTTGCGGCTTCAGAAGAGTGTGCTTAGGCGGTGGAGTTGTTGTATTTCTTCTTTTGTGGCCATTCATAGCTAAAATATCATTCTTCGGCGATGGTGTCGAGAGATGCTGCGTAGATCTGCCTTTTGTGGGAGTACGTGGAAGTGATTCCATAGTTTAATAGTTGCCAGAATTTCTCTAAGTCCTTTATTTCAAAATCTACCTTTTTTAAACAAAGACTCCGGATAGTTGTTCTGGTATATTCAAATAGAATAATAAGAAACACAAAGAGCGGAAAAATTGATAGCTTTAATGCTTATATAATATTCGATAATTTTTTTAGCTGTAATACTCATCATCATATTTTGATTCGAGGCGCATCAAATTGTAAACAGTGTTTGTTTTGATTTTGTTTGAGATTCATTTTGGT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:818255-821586

AAGGTAATAAACAGATGCTATGAATAAAGCGATAGAGAAGCCGAAGGAAAATCAGTACATAATTGATCATGGGCTCCAAGCACAGAGTAGACACTAAGGATAAGAAAAGAACCAGAAAGAATGCAGAATTTGGGCGTGAAAAAAGGAATAGTGGCAACCAAGAGTTAAGTAATGAGCCGGAAAAAGATACAATAATGGAAGGTGATGAAGCCGAAGAAGACGAGCAGAATAGCTCTAGCGATGAATCATCTAAAATTATAGATAACGAACAAAGTGATGCTGAAGAAGATGATGATGAAGAAGAAGAGGACGACGACTTCCCAAGAAAGAAAAAATCGAAAAACAGCAAACATGATGATGGTTCTACTGGATTTTCTGCTGCAGTAAATGCTATTTTATCATCACATCTGAAAGCATACGACAGGAAGGACCCCATCATGGCTAGAAACAAAAAGGTGCTGAAGCAAAGTGAGTCAGAAAAGCTAGAATACAAGGCCAAAAAAGCATTGTTGGCAGAAAAAAAAAAGTTATTAGGTAAAGCCAGAAAGACGGATATTATTCCAATTGCTTCCGGAGAAGACAGGTCAGAAAATATTAGAAAAGTCCTTGAGAAGGAGACAGCGCTCAGAAAGATAGCTCAAAAAGGTGCCGTGAAATTATTTAACGCCATTTTAGCAACTCAAGTCAAGACAGAAAAGGAAGTATCCGAAAATTTAAGCGAAATTAAGAATAAAGAAGAAAAGAAAGAATTGATCACTGAAGTTTCCAAAGAAAAATTTTTGGATTTAGTTAAAGCTGCCGCAGGAAGCGACAATGAATAATCAACATGTTCATGTCAAAAGAAGAAAAAAAATAAAGAAATAAAAACTGTATATTATTTAGTCTATGTCAAGCGAGAAAGGGGCCCTATATCTTCCCTCCTCCTTGCAATTGAATTTTGTTTGCATTCTATATTATCATATAGTTTCATATCAATTGCAAAAACTTTTGCAGCCAATGTTACAAAATTGTTTTCAATCAAAGAAATACAGGTGTGGTGTCCTTCACCATCGATATATTAATATTAATATATCATGAATAAATATAAAAATTCAAGGTAATGTACTTGTGCACTTCTTTTAGAATATAGCAATTTCCCTTAGCTCTTTTTCAAATTGTAATTCTCTACAATACATAAAAAGAAATTGATCTTTGGTTCAACTTTATATATCGCAATAAGCAATTCTCAACATTATGAAAGTTTATCTAAATTAAACAATCTTCAACAATAGAATGGTCTCTTGGCCCAGTTGGTTAAGGCACCGTGCTAATAACGCGGGGATCAGCGGTTCGATCCCGCTAGAGACCATTTATTTTTGACCCAGGTTTTTTTCCTAGGCAAAATTGATAACAGGGACTTACTATTTTCTATTTTTTTTTTTTTTTACATCTCAAACAAGGGAAATCGATGACTCTGTTGATATAAATGTATATATACACACTTTTAAAACTTCGTTGTTCATCTTCGCTTTCACCATGCTACCCCAGGCAAGTAGACGTTACCTTGGGATGACGCTTCGCTATCGCCGTCTTCATTATCAAAAACGTTTGTGAAAGCCTCAAATTCTAACGTAGGAAGTGTCTTCAACTTTCTTGAAGATTCTGCATTGAGCAAAGAATCATAGTTCCAGTCTAAGAAATCTTCCATGTTATAACTTAGCTTCTTAAATGGTTGAGCAAATATCTTCGCCAACGTGGCTACATTAGGATGATAATGTTCCATCAATGACGCCAGCTCCCACAGAGAGGAATCCAGTGCATGAGTTAACTCAGGGTCCGATTCATGAACATCGAAGGGATCTACATAGTTTTCTTTCAGAGTTTTCAAGTTCGCCACTTGGTCAGGTGTCTGGAATGGGTTGGAAATGAAGGCTGGGTTGTGCAGCATAATCATACAATTCGGATGTTTCCTGATTAAATTATAGATGAAGGGAATCACGGTGACAATAGCAGAGGGTGGTGATTCTAGGGTGAGTCTGGCTAGCTTTTTGATGAAAGATGCTACTAAATGGGCGGATAAATGTGTTGATGACAAAAATACGTCCATTAACCTGAAAAATCTTGCTCTGTATTTAACATGCATTAAGTCTGGATTTATAATTTGATAAAGTTTCATATAAAAATTTGGATATTCCAAGTTGAATCTTTTCATCAATTCAAAAAGGCCATTCAGAGCCAAGATCGGAACAACACCGGCGTTTTTATTAGAGCTTTGCAAATTGTAGGAATCAGTAAGGAAATCCATTAGTTTAGTTGGAGTGTGGAAATGAGGTATTATTCTCTTATGCAAAATTAACAGAATAGACTTATACTGCTGTAAAGACAATTGGCCGTTTAAAAGGGATAACCAATTTTTCTCGAAATTGGACTTGAATTTGGACTCGTTCTCTATGGCTTGTGGGGGATTTGGTACAAAGATCTCTAAATCTGCATCAACACTAGAGCAATGTTTGTCATGATTTACTAAAGCTAACCATTTACCAACGTTTTTCAAAAGCAAGTCCTGGTAGGCTGGATCCTCTAATAGTTGGTTAAATTCTGATTGAAAGTAGTATTGAATATCTGCAAATTTCGTATAATATTTTTCCGTGAATTCTACTATGATTAAATTTTCAGACGCACCCGAGCTTTTGACATCCTCTATTTCACCCATGTTCGAGGACCATAGGGCGATGATTAACTTTCTGAATGTTTTATTGGGGAAAAATGGTGCGCCCTTTTCAGATGCAAAATGAGTTGATTCCAGCTCTGCAAGTTGAAGATAGACATCAAGCGAATCTAACCCAAGTGATGTTTCGAAAGGTATGTCCGAAATGATAGCTAACAGCTTCGTCTTGAACGCTTCATACACCTTTCTACACCAATTAACAAACTGTTCCTTCTCTAATGTGCTCTTTTTGGACGAAGGAAGGGTCAAGTCGCCGCGGGAAAACAGCTTTCTAAATATCTGGAATAGCGACATAACCAGAAATCTCAAATTTTTTTCTGTCTCATCTTCTTCCAATTGAGTAACATTTTCTGGAATCACTAGTTCATTGATTAACTTGATAATGGAGTTGTACTGCTTTCTGTCACCCGCAGCAGTCAGCCTCTTGGCAATATCTTTAATTTCTGATATAAGCAATACCATATTCTTTGACGTTTCTTTTTAATAGATCTCTCTTCATGGCAATAGAGGATGATAATTACATCTCATCTCATCTCATCAAAACCGTAATACACTTTTTTTTTTCTCAGTTGGAAAATTTTAGTGAAAAATTTCAAGAATAGCCCTAAACCTTCAAATACGAGGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:821702-822035

TTTCTTTGGAGGTTTCATTTAAAGAAACCAATGACCTTCCAAGTTTTTAAAAGAATACGATGATATTATTTGCGTTTCAAATCGAACAATTCTTCTCGGAGCGATCTGAGGTTTTAATGGAGATAGCGGTTCCTGCGCAACCCATTGATCTTGTTACATTCTTAAGAATGACAAGGACGCTTTTATAAAATTCTGATTCTTTTTTCTTTCATTCTTTTGTTGTTTTTGACTTGGGAGTAGTCATCTCATCTGTACACAAGTAGCTTTTTATATGTTCTTAAATTGTAGACTAGTCAAAACTTGTGTCCTTTAAACCGTGCCGAAACAGTTTTAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:822438-825261

AAATAGTTCGTTCTTGAATTTATGCGCATTTATAGATACGCATATATAACCCTATAGTGAACGCCACTAGGAGACAGATTCTGTTTGGACCCTGATCGCATACTCTTCTTACCTTTACATAATAAAATAAGAAAAAGTATAACTTGCTTTACGCTAAGGATATAAATCGGACGTAACTTAAGATGTGTGGTATTTTCGCCGCTTTCAGGCACGAAGACGTGCATAGATATAAGCCAAAGGCTCTACAACTATCAAAAAGAATCAGACACCGTGGTCCAGATTGGTCCGGTAATGCTATCAAGAACTCCACTATATTTGTTCATGAAAGACTAGCCATTGTCGGTGTGGAATCCGGTGCTCAACCAATTACTTCTTCAGACGGAGAGTACATGCTATGTGTTAACGGTGAAATCTACAACCACATTCAATTAAGAGAAGAATGCGCAGACTACGAGTTTGGAACACTGAGTGACTGTGAGCCTATCATCCCAATGTACTTAAAGCACGATATCGACGCTCCTAAGTACTTGGATGGTATGTTTGCTTGGACTCTTTACGACGCTAAACAAGATCGTATTGTGGCAGCCAGAGACCCAATCGGTATTACGACATTATATATGGGACGCTCTTCCGCTTCTCCAAAGACCGTTTATTTTGCATCCGAACTAAAATGTTTGACTGACGACTGTGACACTATCACTGCATTCCCACCGGGCCACGTATACGATTCTAAGACTGACAAGATCACCCGTTACTTCACACCAGATTGGCTGGACGAAAAACGCATTCCTTCCACCCCAATAGATTACATGGCAATTAGACACTCCTTAGAAAAAGCCGTTAGAAAGAGATTAATGGCCGAAGTCCCATACGGTGTTCTATTGTCGGGTGGTTTGGACTCCTCTTTAATCGCTTCCATTGCTGCCCGTGAAACTGCAAAGGCCACTAACGATGTCGAACCATCAACTTACGATAGTAAGGCAAGACATCTAGCAGGTATCGACGATGACGGTAAGCTACACACTGCTGGTTGGACAAGTCTCCATTCCTTTGCCATCGGTTTACCAAATGCTCCAGATTTGCAAGCCGCAAGAAAGGTTGCCAAATTCATCGGCTCTATTCATCATGAACACACCTTTACATTACAAGAAGGTTTGGATGCTTTGGACGACGTGATCTACCATTTGGAAACTTACGACGTTACCACTATCAGAGCTTCCACTCCAATGTTCTTACTATCCAGAAAGATTAAGGCCCAAGGGGTCAAGATGGTTCTTTCCGGTGAAGGTTCCGATGAAATCTTCGGTGGTTATCTATATTTCGCACAAGCTCCTTCTGCGGCAGAATTTCACACTGAATCCGTGCAACGTGTCAAGAACTTGCATTTGGCAGATTGTTTGAGAGCTAACAAGTCTACGATGGCTTGGGGTCTAGAAGCTCGTGTTCCATTCTTAGACAGAGAATTTTTGCAATTGTGTATGAACATCGATCCAAATGAAAAGATGATTAAACCAAAGGAAGGACGTATTGAAAAGTACATTCTAAGGAAGGCATTCGACACCACAGGAGAACCAGATGCTAAGCCATATTTACCAGAAGAAATTTTATGGAGACAAAAAGAACAATTTTCCGACGGTGTTGGTTACTCCTGGATCGACGGATTAAAAGATACCGCCGAAGCAGTCATTTCAGATGAAATGTTTGCCAGTCCAAAGGCCGAATGGGGTAGTGACATTCCAACCACAAAAGAGGCTTTCTGGTACAGACTAAAATTCGATGCTTTGTTCCCTCAAAAGACCGTGGCTGACACCGTTATGAGATGGATTCCAAAGGCCGACTGGGGTTGTGCTGAAGATCCTTCTGGTAGATATGCCCAAATTCATGAAAAACATATCGAATAAATAACATTAAAAAATAGAAAAAGAATTATGGATTAATCTTATAGATATTTTTATAGAAAAACAAACACTAACAATAATAATAATAATAAATAGAATATAGAAATACATATTTTTCATAATAGTTTGATGAAGTTTTATTCATAAATCATTTTTTATCGCCAGTGCTAAAAAATTAAGTGTGTGGATGACTGTATATATGCGTATCGAACGATCTTGATGCAAATCATTTTGAAACATTATTCTTGACTTTGATATTTCCTATTATACATCCTCCTTCCTTGAGACCCAATAATCTTAAAAATGATGGAGACAGTGCATGCCCTCCTTTTCACCCTTCTTTTATGTCGTTTCTTACAATTTTCGAGATTCTTTTGAATCTGATCTCCTTTTACCTTGTGACTGAAGATTCCTAATCGAATTGCTCCTCTCTAGCGACGCCCTTTGTTTCATTTCGTGTGCAATTAGTAGATCGTGCCTTGTTATTACTGTATTCTTATTTCTTGATTTAATTTCCGCTCGATAGTTTTGCGGATATTGACTATCACTTTTCTTAAATATTAGTTTTATTTTTCTGAAGGCAGTGCTCATATGTAAAGTAGTAACGTTGTTAGTGCAGTGTTAGCAGTCAAACCTAAAAATAAAAGTATAAAAAAACTATATCTATTTTTTTTTTGTTTGTTTACGCACGTTTATATATTTAACACGGTGAAGTAGTCCTGCCATTATGCTGCTCTAACACAAGAGTCGTATATGGATGAGCTAATGACTAAGATCCGAGTAGCGAAGTCATGTATGCAAGCTAACGCAACAAGGCTGTAAAGAATACAAGCCTTGTCACCCTAGTACCAGCATCAAGCAAATTGCTCATTTACGACTGTGCCATGAAGTAGGGATGAATGAGGTGTTTCTGATGACACCTCTGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:825460-827682

CCTCACTTCCGTTTGTAGATATATACATATTTACATGCACACTAATGCAATTATATGCGAGAACAATTTGTGAGATCATAAGGTCTCGTAAACTGTCAATTGTTGAGCAGTCACCCAGAATTGAGAGTTGGTATAAAAACACTATTACCCTCATCGAAGCCATTGCATTCAAACTTGCCATCACACTAAAAAAATGCATTGATAGCATATTCTGCATGTTTTACTACAAATGAATGAGGTATTTTGTCAGTGACATCAATTTTTAAGCGTTCCTGCTTGACTTTATCCTTATAATAATCCGACAAATGTGATCTGGTCTTACCAGAAACCCAATGGTCGTTGCTACTGAAGAGAAACCAAATAGAAATTCCGTTCTCTTCGCAATAATTGATAAATCTATCTTGAAACTCCCAGTTCGTAGTTATTTCTTCCATCTCCTGGGCAGCTAATCCTAGAGATTGACGAACAAACTGCCTATGAGTCAAAAAAATTCTTGTAGATAGTACTGCCTGATAACCAGTACTTCCACAGCCCATAAATTTATCAATAATAAATCTTGAAAACCCTTCTGATAAGATCCAATAAAAGAAAATATAACTGAACAATGATACCACATGAGCCAATGGTGGAATATAACGAAGTGCCGCTGTCATTTTGATACCCATCTCAGAGGTGTGAATGTCCATCACAGTTGGTGTAACGAGACCAACTTTTTGTACGGAGCCAACCAGTTTGTTAGAAAGGCATACTTTTTGTACGATGTATGCCCCAACCGAATGTCCCATAATAATAATTTTCCTGTTCTTGCATGAGAAATTGTTAATTACCTCTACCTGATGATCTACTTGATCTTGTAAAGAAAATATCGGTGTATTAGAATGAGCGTTCAATGTCATTCCGGCATGGGATATGCCAAGAATTTCCCAATCTGGGTGCTTCAAGTGTAGATGATGTAGCATTTCTTGATAATAGTATAAAAGCCCAGGATTACCAGGGATCCATACTAGAAGAGGCGCATCCTCGCCACTTTTAGTGACTGTAGGTTTGATATTCAATATCGAGCATGGCAACTTCGATTTAGTATACTCTTTTACAGTCATTTGTCACTAGAATTGAGCAGGCGGGCAATGGCGTAGCAAGCGGACTGTCTATTTTCCCTCCAGTAGTTTTGGGCTTTGCTGCCGTTTTAATGCTGTTTTCCTTTCCTCTTAATGAGCGCTTTCCAGTTGCGATACTTTTCGGGTAAGGAATTGTAAGGACAGCGACGCAATTCAAGCGGTTAAATAGAAGAAACTTACATCATATATAATGTTTAAAAATAACAATCAAATTACTTTATACATGAATGAGTAATGTTTTAGTTGCCTGATTTGCTAAATTTCCAAACCATTTAGAACTTTAAGGTTTGCCTCCACTTCTTGGACACATTGTCTAAAGTAAACCAACTGGAAATTCTGGAACAGTTTTATCAAGCCCAGAATTTCAGAACTGTCAGTGATTTCTTCCATTGTTTCCACTGCTGCTGTAGTATTGGAGACAAATTCATCCTCCAGTTTTTCCAGTAATTTATTATCCTCAGATTCTTCAATCGGTGGCTCATCATTTACTTTGTTACTCTTTAAATCTTCTTTTCTATCAGCAACGTCATCAACAGTAGGCTCATTCGCTTCTTTCTTTGATTCCTCTTCGGCACCCTCTGATTTTGGCTTTTCATCCTCGGTAGAAGGCGTTTCGTCAAAAGAGGTGGTAGTGTTTGCGCTAATGTCCTTTGCGCTAACATCCTTGCTATGTGCTTCTCCTGTGGCTTCAGCTTTTTTCGCCTCTAACTCTGCTTCTTTTGCTTTGACTTCATAACGCATTGTATCAAATTTGAGTCTTGATTCTTCCACTTTTTTGCGCAGGTCATGGACCTTCTTGAAGTCTTGGTTTATTAATGTTTCTAATTTTTTGTTGAATTCCTTGACCATCATAGAATCCATCTCTGCCTTCCCTTCATCGATATTTTTATAGCATGTCGACCACGAATCGAAAACTTTGATCAAATTAGACAAATCTTCATCATCTTCTTCATCTTCTTCATCTTCCTCGTCTTCTTCATTATGGTCGGCACCCTGAGCTTCCGTTGTCTGTGCAGTTTTGATAGACTCCTTTTTCTTCTTTAGTTCTGCCTTTTCGTTGTGTTCTAAATTTTGAAATTCACATTCGCAGTCAACAGCGGCTTTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:827755-828819

TCGGATTTTTTAGAGCCAAACCAGCCATCTTTATTGAGAGACCACCAATCCGAAATACTCTCCGTTAAATTTGGTGGATAGTCGTAGCCCTCTACTTCGAACGTTTTGGACACCAGTAGAATCCTTTTACATACCTTCTCTAAGGAATCACTTTTTTTCTCCAAGAATTGGTACTGTGGTGGTAATTTACTTATATCTGATACAGTACCCAATGATTCCTGAACAAATCTAGTTCGCGATTTGATTGATAGTCTTGTTTGAGGGTCATTTAAGTTTACATTTGCATTTGCTAATGCATTGTTCAAAGTGTCTTGGGTCTTGTGAGCAGCGGTGGCAATTGAATCGGTGATCTTGTTTAGAGAAAACCCTGAAAAATAACCAGACATTTTCTAACCAGAATTTTATGGTTTTACCTAACTTTGCTGTTCAGATGTATAAGTATTGCAACCTTTTTTTCCCTGATCATTATTATTTCAAGAGAAATGAAAACCAAAACTGGGATATGCGTGTCGAGTGCTAAAAAAAGCCAACTAGCGATTTAAGAGTGAGAAGTAATCCTCGTTAAAAGCGATGCAGAGCCAACTAACTAAACTGCTAACCTCGCTTTCTTTACACAAGTAGTACTCAAGAAGTTTCATAAAATGCCCAGTTACACACTCGTGAAATGCACTTCAAGGTGGTGTTACAATTTTCACGAACTGCAACAATTGAGTATATTTATTAAAGCAGGAATATGTTTGCCCAATCAAACGTAATTTCATATATGAACATATATGAAGTTGCACACATCAGCGGGAAAGATGTCTCTACCGCTCGAGGAGCCACACGTTTGATTTGCAATCCATGAAATAGAACTGCTAATCCCATATACAATTAACTATATCAATTTCCTGAACAAAGAGATTACAATCAACGGCAAAGCCGCCTGCCTCTCCGGAGATCTCCTTTTTTCTTCTTTCTTTTGTCCTATGTTGCATAGTTGCTCATGTCTTTTCCTTAGGCGGACAATTAAGAGCAGCCACAATATTTCCAAAACTAAATTGCTAAAAAAGCGTAGCAAAAAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:829103-829312

GCAATGCGGCTTTTGTTTGTAAACGGGCTTGAGAGGTTCTATGCGGTTAATTCTGTCACTAGGGGTCCGAATCTCGGATTAAGTATAAAATATGTATTACCCTGATGATTGACCGGATGATGTAAGGATGCATGTCCCTACTGTTTTGGTATTTCCACATACGGACGGGGCCCCGAAACACCACCCCCATTTTAACGGCCGCATCTGAGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:829581-830596

ACAGAAAAATCATACCCCTATAAATTCCTTGGCCCCAATCTTCTGTCAGATTTTCCTTTATAAAAGAGTCTTTGTTTTGTAATTAAAAGATACTTTTTTCTTTCTTCTTCTACGTCTCCTTTTTTTTTTTTAAGAAAATTTAACTTATACCACTATTTTGTTCGCAATTGATCAAGAAAAAATACAATTGAAAAGGTTTTACATTTTTAATTTTTCTGCTCATCGCGCTTTTTTAAAAGGATAAATAAACATTTCTTTAAAAAACATCTTCAATAAGAAAAATCGGTTAAAAAAACTTTTCTTCTCAAAGCATACCTAATAACAATATAATCCCATAATGCTAGCCCTAGCTGATAACATTCTACGTATAATAAATTTCCTATTTTTGGTTATTTCCATCGGTTTAATCAGTTCGTTGTTAAACACCCAACATAGGCACAGCTCCAGAGTAAACTACTGTATGTTTGCTTGTGCATATGGTATATTCACCGATTCATTGTACGGTGTCTTTGCCAACTTCATTGAACCATTGGCATGGCCACTAGTTTTGTTCACACTGGACTTTTTGAACTTTGTGTTCACTTTCACTGCCGGTACAGTGTTGGCCGTTGGTATCAGAGCTCACTCATGTAACAACAGCTCATACGTTGACAGTAACAAGATTACTCAAGGTTCCGGTACCAGATGTAGACAAGCTCAAGCCGCTGTTGCATTCCTCTACTTCTCTTGTGCCATCTTTTTGGCTAAGACCCTGATGTCTGTTTTCAACATGATCTCCAATGGTGCCTTTGGTTCTGGTTCTTTCTCCAAGAGAAGAAGAACTGGCCAAGTCGGTGTTCCAACCATTTCCCAAGTCTAATTGAAGCGCACCAACTTAAATTTTACGCCACTTTCAATTAAGAATATAATAAATGGACACCGTGAATAAATTAGGGAAAAAAGAAAGCAAATAAGAAAACTCCGTTTTCCCTCATCCCTTTCCGTCTTTCGGAAGAAACAAAAAATTATACCCAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:830661-831930

AACGATTATGAAGAAGTCTTATTTCTAACTAATATTATTATTATTATTATTATTATTATCATTCACCCCGCTTTCTTTTATTATAATTTGTTCTTCTAATATTTTAATTTTTAATCTTTTCATACTATTCTTATATCTAACTAAAGTATCCTTCTCTTTGTCTAGTTTTACTTCACTACATACCTGTTGCGTTGATTTGAGTTTTTTGTATGTAAGTTCTGTTTATCCTTTTTCATCCTACCGTTCCGCGCACGGCGTGACGTGGATCCCTAATGTGAGTTCAAATCGGTTACAAAAATTAATAGTTTTGTTTCCTATTATTATTATTATTATTATGTATGAGGAATCGTGCTATAAAATCATTTTCCATATGTATATGCCAAATATTTATTATTTATTTCATCTTTTTTTTGCTTTTGTGTGTCAACCGCATTTGCAGTGCCTTGTCAAACGGCTTCAACTTTCTCATCATATATGGGGGCACGTTTTTCCATTCAGGAAAATATTCCATACCCATACTGGACGTAGACCACCAATTGAATGGCAACAGCTCATTGGGTACGGTGGGATTGTACTTCCATGTACCGTTCACGCCACCTGACATTATACCACCAGTGCCACGTTCACCAAACAATATGTTCTTGTGCTTTTTCTCATCGATCGTCTTCGCCTCTGCGTTTGTTTTCTCGTTCATTGTTAATAACGTTTGCAAGGACTTTCTCTTCTTATCTCTGAATAGCGGGTTTTCCTTCACTGGGTACATTACTGGCCTGTATCCGCTATACAGAATATCGCGGGTGAGCTCCCTAGCTTCCAAATACTGTGTAGTAGGTACTTTGGGCAGCGATCTAAAGTCATAGAAATGCGCATTCTTTAAAATCTTTGAACTCCTTTGCTTGGTAATTTGTTGATGTTGCTGCCTTATGGGGTTCACCAGTCTGCTGTGAGTCCTTCTTTGCAAGCTTACAAAAGAGACGCTGACGCCCCTAATTTTTGTCCTCTTTAATAAAATCATCCTTATTCACTATTTCCGTACGTATATATGTCTTTGTATATACGTGTATGCGTGTGTGTTTCGTTACTCTCTATAATTCAACTAAAATGTATACATGCAGACACACACTCAGAGGGAAAAAATAAATGTGCTATAAATAATGAAACACAAGAAACATCTAAAGTCCGAAAATTGCACCTGCTCTTATCATTCATTCTTATACAAAAGTGACTAGATATGATGGCGGATCCCGCAGCCCCAATCACTGGCAAAGAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:832378-834327

TCTCTTTCCGCTGTTCCAAGTCGAACGTCTTATAATAAAACAGCAGTTGGGAAACGAATTTGTCTTGGTCGCGCTTCGACGGTATATACTCCTTGATTTTGTAGGCCTTGTATAACGCTTTTTGTTGTTTCCTTATATCTTGTGGGATGGTGTCGGGTGCGATTGTTCCCGCATTAGCAACAATTTGTGCCAGATAATGGTATTTTGTTGGTTCTAGTACTTCGCTATCGTCTTCGCTATTATCTTCGCTATCGCTTTCTTCAGCGGTGGCATTGCCACTGCGCTCGCCGCACCATTCTTCGAAAAGACTTTCACGAACTGTGTCATCTCTGATCTTGTAAAAATCAGGATCGTTTTCGATTTTCTTGCTTTGCAGCGACCACGTGGAAAACTTGTCTAGTTTATACCTATCGAATAATTCGAAGAAGATATTACGCTCGTCAATGTCATCTGTATCAATACGATTCAGATCATCGATAATGCTGATATCTTGATTTACAATTTGTTCTTCATTCTCTTCGTCTTCCTCTTCGTCTTCCTCTTCGTCTTCCTCCCCCGAAGATGAACCATACCCGCTGACTAGCCCAGTGTGGCTTTCCTGTAAAGGGGATTTTACGTCACCCGCCTCTTCGCTGATCTCATCTTTTCTCTCAACTTCGTCTTGATTTCTTTTAAATAGATGAATCTCTTCGTTGCAAGATTCGAGGATTTTATCAATGTCCTCCTCCCGCATAGTGTAACCTCTGGCAACGCCAATCAGAAGAACCAGTTTTTCCTTATCTAACGACTCGATTAATGAGCGACACCTGCTGTCGTCCTCTTGACTGATGTCATTTTTGAACTCCTTAGAGTCATCATTAAAGTAAAGTTTTGTACCATCGTTGTATATTATTAAGTGCCAACCATTAACCAGTTCTAATGAAAATGTTGGCTTCCTCTCTGTCTGTGATTCTTTCGCATTGCTTTCTAGGTTAGAGCCTTTCTTCAAATTAGGTTTTTCCCATCGAGACTGCTTCGTGTTCTTATTATAGTAATACTTTTTGCCTGCAGGTGTCTTAAATTCCTGCCATTCTCCACGCATGGCGATTCTGTGTTACTGAACTGTCTTTCTCTTTATAATACATATCAGAATCTCTTTCGGACACTATTTCCTCTTTCTTCAATTATATTGTTTTCTCTTTCATTGCCGAAGAAAAAAAGAAACATACTGAAAGTTGATAAATATGCAATAATAAAACCTTTTCCTACTCTTGACGCTTCTGTATAAGATAAAAACTGCCAACAAGATCAGTTCCAACTTCCTGCCGTATTATGAGGTATGTTATTCATTACCAAGACTATATCCGCCACGGCTGGATGCAGGCATCGCTCCCTGTGGCTTAAGAAAATAATAGGCACAAAACTAACAATAAAAACATCCACTACTCTGTCGCATGTTCCCTGTGCTCAGATCATTCGTAACAAATAACGATATACCTGTTGGATATGTAACGCCAAAATTCCCCTCATTATACTGGCCCATCAACAACTCGAAGTATAATACTGCATTCTTATACTATATATCTGACATTTGGAAATTTTCGCTGTACTGGACTTTGATCTTTAATGGTGCATTTTACGTTACTGCTGGTGTGTATGCTAGCTTGACCCATAGAAAGAAGGCTGGAAGTGTATGGATATTCGTCATGTACGTCTTATACGGAGGCGTTCAAGGCTTGACGACTGGTACAGTTATGGGGTTTTTAATAGGTGCGATCTATAGATCTGGTTTATTTTCTATGTCTACATGGGTCCCACTTTGTTGCGCAGTAGTCCAAATCCTTTTCGATGTGGTGCTAAGTTATTCCATGGTTGGTTCCGTTATGTGAAAGCTTCTGTCAAGAAAAAACAAGAAGGGGTTTACTGATTTGATGATAAAAGTTAGCAGCAACTTTTGAATGAGAATGTGCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:834457-837573

AAGCTGCATATATAGTCGAACCTCAAATCGGTTGAGACAATAGGCAAAGTGCCCACATTGGCGCAAACACAAGAACATTAGGAAAGAAGGCAATCTGATATTTCAAAAATGTCTGCTTCATTGATTAATCGTTCCTTAACAAACATTAGGACAGAACTGGATTTTCTAAAAGGGTCAAATGTCATTTCAAATGACGTTTACGATCAAATAAATAAGAGCTTGCCGGCAAAATGGGATCCTGCCAATGCACCCCGCAACGCCAGTCCAGCTTCCTTGGAATATGTCGAAGCTCTTTATCAATTTGATCCTCAACAAGATGGTGATTTGGGCTTAAAACCAGGTGACAAGGTCCAACTTTTAGAAAAATTATCTCCAGAGTGGTACAAGGGTAGCTGTAATGGCCGTACCGGTATTTTCCCAGCAAACTATGTCAAGCCAGCTTTCTCTGGGTCTAACGGTCCATCCAATCTTCCACCACCTCCACAGTATAAAGCTCAAGAATTACAACAAATCCCCACGCAAAATAGTGCCGCATCATCTTATCAACAGCAGCCATTTCCTCCACCTTCCACAAATTATTATCAGCAGCCTCAACAACAGCCGCAACAAGCTCCTCCTCCCCAACAACAACAACAACAACAACAACATCAGAGCTCACATAGCCACTTGAAGAGCTTTGGTAGCAAATTGGGTAATGCCGCCATTTTTGGGGCAGGCGCTAGTATTGGGTCAGATATTGTTAATAATATCTTTTAAGTCGTTTTTCTCTTTATATACTTCATTCATTTGTTCTCCATTATGGCCAAACCTTTCATAAATTGAACGAAGTTCTACCTTTGGTGTTGTTATCCCTAGAATTTTTTTCTAATGAGTATGAATTTAAGTAACCTTTTTTTTTCTTTTTTTTTAAACAGATATATCGTATATGGAGGATAATAGTACATCACTTATGATATGAGCGAGAAAATCTGTCTTTTTAGTAAAAAAGTATAAAAAGTAAAAAGGCGTCGATTTTGCGTTGATTTCTTTATATTTACGTCTGTACAAAAAATACATTAAGAATATATTCAATATCTTCCCTTTCTTCTTCCCCAGCAGGCTATACGCTAATGGATTAAAAACCTGCCATATACGTGGTATATCCTGTTGACGACATTTATATGAGCTCCGGAGTCAAGATTGGTATCCACCAGTTCCTCAACGTCCCTAAACCATTCTTTCTTTCTTGAACGCGGGATCAAAAAACTTCCCAATTTGTATAAGTTAGAAACCTCAATCACTAGTAGACCCTGGTTTAAGTGTTCCTCATCGGCGTCCGCACCTTGTTTAGAATAATTCAAAACTCTTTCCACATTATTCAAACTTATACTTATTTGCTCCCTATACCGTTTTTCATTAGACCAGACATTGCCTAGTTTGACAAATCTTTTTAACGCCACTATAGAAGAATATAGTATCACTAAAGCCGGAGATAATGCTACAACTCCAAACACCAACTGTTGCGATTTCAGCATTTTATCAATGCCATTCAATGCCATAGATCCATCGACTTTTGTTTTTTGCAGTTGAATCAATAAAGACCTGACTAATCCACCCGTAGCTATATTCTTTATCGGATGATGTAGTTGTGTTTCATATATTTCCATAAATTCGGTCAAATCACCATGTTCGACTTTAGTACTCAATAGAATAGGGTCTATGGGGCTGTTAGACGTCGAATCACTATTATCCACAACAAAACTAACAATCATTCTGGTAAGAGAATCCATGTCAGAGTTTAATGTCTCCTGTGATGTCACTGAAATGGCGCTTCCCTCGTCATGCTTAACAGTAGACCAAACCTGTTTCAGGGGTGCCCATAACCAGTTCAAGATCAGCCCTTTCGCAAAGTCAACGACATTGGTCTTAATGAAATCTTGAATAAAATACCGGGAATTCCACAACGACATAACAGAAGATGGTCCATATAAAAGACACAACAAAATTGAAGGCCAGTATCTAGTCAATATACTTGGTTTAGTGAACCTTCTTAAAGGATGATCTTTATGAAATTTCGCTGAGCATCGGATCACATCTAGTAAATTCGAATCAGACATGGCTAATCCAAAGAAGTCCTGTAAAGATTTTAGACGTCTTTCGTAGTTCGGTAAATGTACTTCGGTGAACATACCATTTTCTTCTGGTTGTTGATCGAATTCAGTGATCAACTGCCCCAGTTTAATAGTATAATACTTTGATGATTGAGTGACCATATCAAGTCTTTCGTGCACTATACCGCGAGGTATATCAGAAACCAATGAAGCTATTTCAATTGGTTTCTTCGGTAGCCCGACAAACCTGAAGTTCCGAATCACCATAAATTTGTTTATTCTTGGGCGTATTTTTTCTAGTAAATCAACTGACAAGGCCTTTAGGGACCATTTTTGATGCGACAGTTTTTTCTTATTTACATCCTTCAAAACAGTTTGAGATAAAAGACGTATTGTCGATACTGAATTTTGTAAACAGTAAAGAAAAGACTTTAGGATTGAATCACTTACTGTTTTGTAGTACTGTTCAGCTTCATACACGGCAGGTAAACCTTGGACGCATTCGTTGGTCACAGAATAGTAGCACAATAATATAATGTACTCAAATATGGCTTGGCTAACAAGATATTGCAAATCTCCGTCTTCAAAGGATGAGGGATCAGCAATGTCCTTGCAAATATTGTATAGCAAATCAAAAGGCACCGAACAATAAGAGTCAATATTGTCAGTTTTGATTGAAATGCAGATTTTTTCAACAATTGACCTGATCAATTGTAATTGATCTTGTAACCTACTTAGTTCTTCATTTTCCTCACGTACGTCTTGAATCAATTGTTGCTGTGAATCAAATGCAACCTCTCGTAGTGATTCCTCTAATGAATGACTTATCTCTTCAAAAGATTTCAAAATACGCCTATTGATGATCATTTAAGAATATTAATTAAGGAACCTGCAATTTTGCAATAGGACTATTTTGTTGACTTTGTTGTTATTACTAAGTTTTAAAGTGGAAAAGAATTCCGACCCTTTGTTTAGTGAGTGGGGGTCAATCAAATTCGTATTCCTCGGTCAAATGAGGAGGAATGTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:839693-840109

ATTGTTGCGGCTGCTGACTTTCTACATCAGACAACGAAGATGTTTCGTCTGAATTAAACGAATTTATGGATTCCTGTCTGTTCATTTCTGTTTATCTTTGGCTAGAGGAGTACTAATGCAAAATTAAAATAATGAAGTAAGAAGGGAGAAAGTAATTAGTTATATTAGAAAACTAGACCACGAAATTTGTAGTATAATTATGGGTATGACAATTAAAGAATTAGGGTGAACGCTACCGGTGAGGACAAAAAAGGCTGAACGAAGAAGAAAAATAAAAAGAAGATTAGATCAACGCACCTAGACGAAAAAGAGCAAATACTGCTTATTGTATTCACTTTGGAGAACAGGTTGTAACAGGACAGCTGACAATTGCTAAGTTAAGTAGATTACAAAGACAAATGTTCTTAGGCGAAAAGA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:841040-843009

GCATAACTCGTTACTCATACGACGGATGCGAGATATACTCTCTACGTAGTTGTACTAGCCGAATGAAAAAAGAGAAAGTTCCGAATATGTAAAATTGAAATTTCTCTTCTTTATAATAGAACTAACAATTGAACTTTCCTTTTCTTTTGAAGCTACCGTCAATGACAAAGAAGGCAGCTTTGATAAAGTACTCAATAGGTAAAGCAAACTTCAATTCAGTTAGCGAATGCATTGCGTACTAGCGCGAATATTGTTATGGTTCTTAATAGTAGATCTAAGCGTCATACGGGCGCTTGTCCTTCCACCATTGAAAGATTATGATCCGTTAGAGCCTTTGATGAAAAGAGACATGGCCATGGGTCAACGGAACAGATTCAAAGTCGACGGCCAATTGCCGCCCATACTAAATTCCACAGATGTGACAGATGATCAGAGAAGTCTGCATACGCCTGGAGAGATTCCATCTTATGTCATCAATCATTGTCCCTTAGTGCACTTGTATAGCGAAGAGAAATATTGGCCATCGGACATTGCTGAGTACGTTCAAAACTTCCAAATTAAAGATAAAAACGGCAATTCTATATCCACTCATGAAAATTTGACACTGCATGACTTGAAGGCGGAATACCACGTAGATTTATTTGGCAACAAAACGGAAACGCATATCCCCAGTAGCGAGGTATTTTTAACCAGTTTGGACGATTTCGACAAGGACCCTAAATGGTTGCTCGGTCATCTACCCGAATACGGAACAGGCTACAACTCTAAGGCGCCTGCTATTCTGATCGTAGTCGACAAGGGGAACGGGTGGGTTGATGCGTTCTGGTTTTTCTTCTACCCATTCAATCATGGCCCTTTTATTATGGGCCATGGACCCTGGGGCAATCACGTCGGTGACTGGGAACACTCTTTGGTTCGGTTTTATAAAGGTATTCCAAAATATCTTTGGATGAGTGCGCATTCCAGTGGAACAGGCTACAGATACGAAGCTGTTGAGAAATTTAAGAAACTACGGAAAAGAAAACAGCAAGATAGTGACGATGGTGGGGATACTATACTGGAAAGACCGTTGATTTTTAGTGCTAGAGGCACGCATGCTAATTATGCATCCGCTGGGCAGCATGCTCATGACATTCCTTTTTTTTTCATGCCTTTGAGTGATTTTACCGATCGTGGTCCCCTGTGGGATCCATCTTTGAACTTTTACTCCTATACTTTTGATGGTAAAACTGTGACACCCTCCTCAGAGAGAGAAGAATCTCTCGGTTTGGATTGGTTGCATTTTCAAGGTGGATGGGGTGATCAACAACTACCAGCTAGAGATCCAAGACAGAAATGGTGCGTAGCTCAATGGAAGTATATCGGAGGTCCTCGTGGCCCCCTGTTTAAGAAATTGGATAGATTGAATCTATGCGGCGGTGTGAAAAAGTGGAATTTCTGGAATGGTGGCTGCCCCGCAAGAAGATTGATAAAAAAAGCAGAAGGCTTGGACTCTGAGAGCACTGATCTTATGGGTGATAATTGTGGTGTCCTACTCTATAGAATCAGACCAAAATGGCTGAGAGGAATTCTAAGATTTCTAATGTGGAGAGGTATACTCTGTTCTCTTATGGAATTTTTCACCAATTGAAGAACTTTATGACAACAGAATGTTCTGATTGTAATATAATGACAAATTTTAATCTTTAGTAATATCTAATATAATAGTTAATGATAAATAGTTAATTCTAATGTTTAATGATCTGCAAATACTTTTTATGTTTTTCAACATAGTTTTTAATGTGTTTCTACACTTGATCGCAACTAAATCTAAATAAACACACAAGCACAAAATATGATAAAAAAGCAATTTGGCTAGAAGCACAGGAACCAAATATGACGTTCAATTCAAATAGACCCTTATTTCTGGTCTTGTTCATCAGTCCCTGATGTCTTGCTCTTTCCTTCTGCAATTGATAGCGCCACACTTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:843093-844219

AGAAAGGGAAAAATAATTGCGATATATCTTATAGCCTTTTTTTTTTTCCAACTTTCTATTTTTGTAAAAATGAAAATTTCCTTCATAAGCTACAATAAGACTACTCCATCCCTTGTTTCCTCAACGCACCGAACTCGATAGGACTGGTCGTAAAACAGAAAACTGACTAATGGCTGCCGCATGCATTTGTCAACCTAATCTTCTTGAGATTAATGTATCTGATGGACCACTGGATATGATCCGCAAGAAAAGAAAAATACAACAGCCGCAACTACGTCCACCCCTTCGAGAGAATAAATGCCAACCACACTTTTCTGTACGAAAGGTAAACCAGTCTTACATAATTTCTCTCCATAAAGAAATCACATGCCAACTCATTGCAGAAATTGTCAAACAAAAGTTATCGAGGATTTGGGAAAAAGTATACATACCATCTTATGAACTGATATCAGACAAAGACGGTAATCAAATTTATGTGGAACAGAGTGTCGACGAAAATAGGCTAACTTCTGAGATTATGGAGAAACTGGACCCCAACAATATTGATATAGAGGCGATCGAAATATTATTCGACGACTATCACCTAGAATTATCACGCTTGACAAACGGTATTATTATATCTAGTGCCAATGATCACTTTTACAGGGAATTCTCCTTCAATAACATAATTGATGACAACTTTAAAATTTGTGGAACAAGCATGTCTGCAGACAGTTTTGATAAGATTTATGGCGTTATGTGGATTGAAGTACCTTTCAATGGCAATGGCTTACAGAATGATAGCGCCGTTAATAGGGTTTCAACATCTCACAATCAGATAGAAGAATTGAATGACATAGAGCAGGAGATAAGAGCTTTTAATATTAGTCGAAGTAATCAAGAAAGTATCATCAAAAAGGAAGTATCTAGAAGATTGAATGGGCGGTAAGAAATACGGGCTACGGAATTTACCGTGTGTCTTCAAATTGAGTGTCACCCTGTAAGGCTTTCTACTCTATCACAAAATATTACATATTCTAATTCTACAATTATAGATATCAAACTTGATAAATTTAGTAGCAAATATGAAGTATTATTATGCATTTCAAAAAATTCCATTGTCCCTTCTCTTGGGCGCTTGAATTCTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:844289-856979

GGGGTATGTTCCTCAGCATTATCTGAAGGTACTCCTCTAAATTTTTAAGTAAGAAAAGGCGTATAGTCATATAATTGTTGGGAATCCACCACTGATAAAGGTTATAATATCAGGTAAAGAAATTGTTGGAATAAAAATCCACTATCGTCTATCAACTAATAGTTATATTATCAATATATTATCATATACGGTGTTAAGATGATGACATAAGTTATGAGAAGCTGTCATCGATGTTAGAGGAAGCTGAAACGCAAGGATTGATAATGTAATAGGATCAATGAATATAAACATATAAAACGGAATGAGGAATAATCGTAATATTAGTATGTAGAAATATAGATTCCATTTTGAGGATTCCTATATCCTCGAGGAGAACTTCTAGTATATTCTGTATACCTAATATTATAGCCTTTATCAACAATGGAATCCCAACAATTATCTAATTACCCACATATATCTCATGGTAGCGCCTGTGCTTCGGTTACTTCTAAGGAAGTCCACACAAATCAAGATCCGTTAGACGTTTCAGCTTCCAAAATTCAAGAATATGATAAGGCTTCCACTAAGGCTAACTCTCAACAGACAACAACACCTGCTTCATCAGCTGTTCCAGAGAACCCCCATCATGCCTCTCCTCAACCTGCTTCAGTACCACCTCCACAGAATGGGCCGTACCCACAGCAGTGCATGATGACCCAAAACCAAGCCAATCCATCTGGTTGGTCATTTTACGGACACCCATCTATGATTCCGTATACACCTTATCAAATGTCGCCTATGTACTTTCCACCTGGGCCACAATCACAGTTTCCGCAGTATCCATCATCAGTTGGAACGCCTCTGAGCACTCCATCACCTGAGTCAGGTAATACATTTACTGATTCATCCTCAGCGGACTCTGATATGACATCCACTAAAAAATATGTCAGACCACCACCAATGTTAACCTCACCTAATGACTTTCCAAATTGGGTTAAAACATACATCAAATTTTTACAAAACTCGAATCTCGGTGGTATTATTCCGACAGTAAACGGAAAACCCGTACGTCCGATCACTGATGATGAACTCACCTTCTTGTATAACACTTTTCAAATATTTGCTCCCTCTCAATTCCTACCTACCTGGGTCAAAGACATCCTATCCGTTGATTATACGGATATCATGAAAATTCTTTCCAAAAGTATTGAAAAAATGCAATCTGATACCCAAGAGGCAAACGACATTGTGACCCTGGCAAATTTGCAATATAATGGCAGTACACCTGCAGATGCATTTGAAACAAAAGTCACAAACATTATCGACAGACTGAACAATAATGGCATTCATATCAATAACAAGGTCGCATGTCAATTAATTATGAGAGGTCTATCTGGCGAATATAAATTTTTACGCTACACACGTCATCGACATCTAAATATGACAGTCGCTGAACTGTTCTTAGATATCCATGCTATTTATGAAGAACAACAGGGATCGAGAAACAGCAAACCTAATTACAGGAGAAATCCGAGTGATGAGAAGAATGATTCTCGCAGCTATACGAATACAACCAAACCCAAAGTTATAGCTCGGAATCCTCAAAAAACAAATAATTCGAAATCGAAAACAGCCAGGGCTCACAATGTATCCACATCTAATAACTCTCCCAGCACGGACAACGATTCCATCAGTAAATCAACTACTGAACCGATTCAATTGAACAATAAGCACGACCTTCATCTTAGGCCAGAAACTTACTGAATCTACAGTAAATCATACTAATCATTCTGATGATGAACTCCCTGGACACCTCCTTCTCGATTCAGGAGCATCACGAACCCTTATAAGATCTGCTCATCACATACACTCAGCATCATCTAATCCTGACATAAACGTAGTTGATGCTCAAAAAAGAAATATACCAATTAACGCTATTGGTGACCTACAATTTCACTTCCAGGACAACACCAAAACATCAATAAAGGTATTGCACACTCCTAACATAGCCTATGACTTACTCAGTTTGAATGAATTGGCTGCAGTAGATATCACAGCATGCTTTACCAAAAACGTCTTAGAACGGTCTGACGGCACTGTACTTGCACCTATCGTAAAATATGGAGACTTTTACTGGGTATCTAAAAAGTACTTGCTTCCATCAAATATCTCCGTACCCACCATCAATAATGTCCATACAAGTGAAAGTACACGCAAATATCCTTATCCTTTCATTCATCGAATGCTTGCGCATGCCAATGCACAGACAATTCGATACTCACTTAAAAATAACACCATCACGTATTTTAACGAATCAGATGTCGACTGGTCTAGTGCTATTGACTATCAATGTCCTGATTGTTTAATCGGCAAAAGCACCAAACACAGACATATCAAAGGTTCACGACTAAAATACCAAAATTCATACGAACCCTTTCAATACCTACATACTGACATATTTGGTCCAGTTCACAACCTACCAAAAAGTGCACCATCCTATTTCATCTCATTTACTGATGAGACAACAAAATTCCGTTGGGTTTATCCATTACACGACCGTCGCGAGGACTCTATCCTCGATGTTTTTACTACGATACTAGCTTTTATTAAAAACCAGTTTCAGGCCAGTGTCTTGGTTATACAAATGGACCGTGGTTCTGAGTATACTAACAGAACTCTCCATAAATTCCTTGAAAAAAAAAATGGTATAACTCCATGCTATACAACCACAGCGGATTCCCGAGCACATGGAGTCGCTGAACGGCTAAACCGTACCTTATTAGATGACTGCCGTACTCAACTGCAATGTAGTGGTTTACCGAACCATTTATGGTTCTCTGCAATCGAATTTTCTACTATTGTGAGAAATTCACTAGCTTCACCTAAAAGCAAAAAATCTGCAAGACAACATGCTGGCTTGGCAGGACTTGATATCAGTACTTTGTTACCTTTCGGTCAACCTGTTATCGTCAATGATCACAACCCTAACTCCAAAATACATCCTCGTGGCATCCCAGGCTACGCTCTACATCCGTCTCGAAACTCTTATGGATATATCATCTATCTTCCATCCTTAAAGAAGACAGTAGATACAACTAACTATGTTATTCTTCAGGGCAAGGAATCCAGATTAGATCAATTCAATTACGACGCACTCACTTTCGATGAAGACTTAAACCGTTTAACTGCTTCATATCATTCGTTCATTGCGTCAAATGAGATCCAAGAATCCAATGATCTTAACATAGAATCTGACCATGACTTCCAATCCGACATTGAACTACATCCTGAGCAACCGAGAAATGTCCTTTCAAAAGCTGTGAGTCCAACCGATTCCACACCTCCGTCAACTCATACTGAAGATTCGAAACGTGTTTCTAAAACCAATATTCGCGCACCCAGAGAAGTTGACCCCAACATATCTGAATCTAATATTCTTCCATCAAAGAAGAGATCTAGCACCCCCCAAATTTCCAATATCGAGAGTACCGGTTCGGGTGGTATGCATAAATTAAATGTTCCTTTACTTGCTCCCATGTCCCAATCTAACACACATGAGTCGTCGCACGCCAGTAAATCTAAAGATTTCAGACACTCAGACTCGTACAGTGAAAATGAGACTAATCATACAAACGTACCAATATCCAGTACGGGTGGTACCAACAACAAAACTGTTCCGCAGATAAGTGACCAAGAGACTGAGAAAAGGATTATACACCGTTCACCTTCAATCGATGCTTCTCCACCGGAAAATAATTCATCGCACAATATTGTTCCTATCAAAACGCCAACTACTGTTTCTGAACAGAATACCGAGGAATCTATCATCGCTGATCTCCCACTCCCTGATCTACCTCCAGAATCTCCTACCGAATTCCCTGACCCATTTAAAGAACTCCCACCGATAAATTCTCATCAAACTAATTCCAGTTTGGGTGGTATTGGTGACTCTAATGCCTATACTACTATCAACAGTAAGAAAAGATCATTAGAAGATAATGAAACTGAAATTAAGGTATCACGAGACACATGGAATACTAAGAATATGCGTAGTTTAGAACCTCCGAGATCGAAGAAACGAATTCACCTGATTGCAGCTGTAAAAGCAGTAAAATCAATCAAACCAATACGGACAACCTTAAGATACGATGAGGCAATCACCTATAATAAAGATATTAAAGAAAAGGAAAAATATATCGAAGCATACCACAAAGAAGTCAACCAACTATTGAAAATGAATACTTGGGACACTGACAAATATTATGACAGAAAAGAAATAGACCCTAAAAGAGTAATAAATTCAATGTTTATCTTCAACAGGAAACGTGACGGTACTCATAAAGCTAGATTTGTTGCAAGAGGTGATATTCAGCATCCTGACACTTACGACTCAGGCATGCAATCCAATACCGTACATCACTATGCATTAATGACATCCCTGTCACTTGCATTAGACAATAACTACTATATTACACAATTAGACATATCTTCGGCATATTTGTATGCAGACATCAAAGAAGAATTATACATAAGACCTCCACCACATTTAGGAATGAATGATAAGTTGATACGTTTGAAGAAATCACTTTATGGATTGAAACAAAGTGGAGCGAACTGGTACGAAACTATCAAATCATACCTGATAAAACAGTGTGGTATGGAAGAAGTTCGTGGATGGTCATGCGTATTTAAGAATAGTCAAGTAACAATTTGCTTATTCGTTGATGATATGATATTGTTCAGCAAAGACTTAAATGCAAATAAGAAAATCATAACAACACTCAAGAAACAATACGATACAAAGATAATAAATCTGGGTGAAAGTGATAACGAAATTCAGTACGACATACTTGGCTTAGAAATCAAATATCAAAGAGGTAAATACATGAAATTAGGTATGGAAAACTCATTAACTGAGAAAATACCCAAATTAAACGTACCTTTGAATCCAAAAGGAAGAAAACTTAGCGCTCCAGGTCAACCAGGTCTTTATATAGACCAGGATGAACTAGAAATAGATGAAGATGAATACAAAGAGAAGGTACATGAAATGCAAAAGTTGATTGGTCTAGCTTCATATGTTGGATATAAATTTAGATTTGACTTACTATACTACATCAACACACTTGCTCAACATATACTATTCCCCTCTAGGCAAGTTTTAGACATGACATATGAGTTAATACAATTCATGTGGGACACTAGAGATAAACAACTGATATGGCACAAAAACAAACCTACCGAGCCAGATAATAAACTAGTCGCAATAAGTGATGCTTCATATGGTAACCAACCATATTACAAGTCACAAATTGGCAACATATATTTACTTAATGGAAAGGTAATTGGAGGAAAGTCCACCAAGGCTTCATTAACATGTACTTCAACTACGGAAGCAGAAATACACGCGATAAGTGAATCTGTCCCATTATTAAATAACCTCAGTCACCTTGTGCAAGAACTTAACAAGAAACCAATTACTAAAGGATTACTAACCGACAGTAAATCTACAATCAGTATAATTATATCCAATAATGAAGAGAAATTTAGAAACAGATTTTTTGGTACTAAAGCAATGAGACTAAGAGATGAAGTATCAGGAAATCATCTGCACGTATGCTATATCGAAACCAAAAAGAATATTGCAGACGTAATGACCAAACCTCTTCCGATAAAAACATTCAAACTATTAACAAACAAATGGATTCATTAGATCTATTACATTATGGGTGGTATGTTGGAATAAAAATCCACTATCGTCTATCAACTAATAGTTATATTATCAATATATTATCATATACGGTGTTAAGATGATGACATAAGTTATGAGAAGCTGTCATCGATGTTAGAGGAAGCTGAAACGCAAGGATTGATAATGTAATAGGATCAATGAATATAAACATATAAAACGGAATGAGGAATAATCGTAATATTAGTATGTAGAAATATAGATTCCATTTTGAGGATTCCTATATCCTCGAGGAGAACTTCTAGTATATTCTGTATACCTAATATTATAGCCTTTATCAACAATGGAATCCCAACAATTATCTAATTACCCACATATATCTCAGAAATTTTACTAGAAGTTCATTATCCTATTACTTATCAATCCTTGCATTTCAGCTTTCATTAAATGTGCTCACTGTTTCTCAATCTTTATGCCATATTTTTGCACCGTATACGATAACATGCAAATAGTACGAATACTAATCGATATGTGATGGTTGATTCTTATTCCAACAATTATCTTGAACTTCAATCAACTCTCGCAGTTGTCACGTGCAATTTGATACATGTCGCGTTGATATACAAGTACTAAATACGGTACACAATGGATTATTTCTGTTGTATCTCAAAATGAGAAATGGGTGAATGTTGAGATAATTGTTGGGATTCCATTGTTGATAAAGGCTATAATATTAGGTATACAGAATATACTAGAAGTTCTCCTCGAGGATATAGGAATCCTCAAAATGGAATCTATATTTCTACATACTAATATTACGATTATTCCTCATTCCGTTTTATATGTTTATATTCATTGATCCTATTACATTATCAATCCTTGCGTTTCAGCTTCCTCTAACATCGATGACAGCTTCTCATAACTTATGTCATCATCTTAACACCGTATATGATAATATATTGATAATATAACTATTAGTTGATAGACGATAGTGGATTTTTATTCCAACATACCACCCATAATGTAATAGATCTAATGAATCCATTTGTTTGTTAATAGTTTGAATGTTTTTATCGGAAGAGGTTTGGTCATTACGTCTGCAATATTCTTTTTGGTTTCGATATAGCATACGTGCAGATGATTTCCTGATACTTCATCTCTTAGTCTCATTGCTTTAGTACCAAAAAATCTGTTTCTAAATTTCTCTTCATTATTGGATATAATTATACTGATTGTAGATTTACTGTCGGTTAGTAATCCTTTAGTAATTGGTTTCTTGTTAAGTTCTTGCACAAGGTGACTGAGGTTATTTAATAATGGGACAGATTCACTTATCGCGTGTATTTCTGCTTCCGTAGTTGAAGTACATGTTAATGAAGCCTTGGTGGACTTTCCTCCAATTACCTTTCCATTAAGTAAATATATGTTGCCAATTTGTGACTTGTAATATGGTTGGTTACCATACGAAGCATCACTTATTGCGACTAGTTTATTATCTGGCTCGGTAGGTTTGTTTTTGTGCCATATCAGTTGTTTATCTCTAGTGTCCCACATGAATTGTATCAACTCATATGTCATGTCTAAAACTTGCCTAGAGGGGAATAGTATATGTTGAGCAAGTGTGTTGATGTAGTATAGTAAGTCAAATCTAAATTTATATCCAACATATGAAGCTAGACCAATCAACTTTTGCATTTCATGTACCTTCTCTTTGTATTCATCTTCATCTATTTCTAGTTCATCCTGGTCTATATAAAGACCTGGTTGACCTGGAGCGCTAAGTTTTCTTCCTTTTGGATTCAAAGGTACGTTTAATTTGGGTATTTTCTCAGTTAATGAGTTTTCCATACCTAATTTCATGTATTTACCTCTTTGATATTTGATTTCTAAGCCAAGTATGTCGTACTGAATTTCGTTATCACTTTCACCCAGATTTATTATCTTTGTATCGTATTGTTTCTTGAGTGTTGTTATGATTTTCTTATTTGCATTTAAGTCTTTGCTGAACAATATCATATCATCAACGAATAAGCAAATTGTTACTTGACTATTCTTAAATACGCATGACCATCCACGAACTTCTTCCATACCACACTGTTTTATCAGGTATGATTTGATAGTTTCGTACCAGTTCGCTCCACTTTGTTTCAATCCATAATGTGATTTCTTCAAACGTATCAACTTATCATTCATTCCTAAATGTGGTGGAGGTCTTATGTATAATTCTTCTTTGATGTCTGCATACAAATATGCCGAAGATATGTCTAATTGTGTAATATAGTAGTTATTGTCTAATGCAAGTGACAGGGATGTCATCAACGCATAATGATGTACAGTGTTGGATTGCATACCTGTATCGTACGTATCAGGATGCTGAATGTCACCTCTTGCAACAAATCTAGCTTTATGAGTTCCGTCACGTTTCTTGTTGAAGATAAACATTGAATTTATTACTCTTTTGGGGTCTATTTCTTTTCTGTCATAATATCTGTCAGTGTCCCAAGTTTTCATCTTCAACAGTTGGTTGACTTCTTTGTGGTATGCTTCGATATATTTTTCTTTTTCTTTAATATCTTTATTATAGGTGATTGCCTCATCGTATCGTAAGGTTGTTCGTATTGGTTTGATTGATTTTACTGCTTTTACAGCTGCAATCAGGTGAATTCGTTTCTTCGATCTCGGAGGTTCTAAACTACGCATATTCTTAGTATTCCATGTGTCTCGTGATACCTTAATTTCAGTTTCATTATCTTCTAATGATCTTTTCTTACTGTTGATAGTAGTATAGGCATTAGAGTCACCAATACCACCCAAACTGGAATTAGTTTGACGAGAATTGATCGGTGGAAGTTCTTTAAAGGAGTCTGATAATTCGGTAGGAGGTTCTGGAGGCGGATCGGGAAGTGGGAGATCAGCGATAATAGATTCCTCGGTATTCTGTTCAGAAACAGTAGTTGGCGTTTTGATAGGAACAATATTGTGCGATGAATTATTTTCCGGTGGAGAAGCATCGATTGAAGGTGAACGGTGTATAATCCTTTTCTCAGTCTCCTGGTCGCTTATCTGCGGAACAGTTTTGTTGTTGGTACCACCCGTACTGGATATTGGTACGTTTGTATGATTAGTCTCATTGTTACTGTACGAGTCTGAGTGTCTGAAATCTTTAGATTTACTGGCGTGCGACGACTCATGTGTGTTAGATTGGGACATGGGAGCAAGTAAAGGAACATTTAATTTATGCATACCACCCGAACCGGTACTCTCGATATTGGAAATTTGGGGGGTGCTAGATCTCTTCTTTGATGGAAGAATATTAGATTCAGATATGTTGGGGTCAACTTCTCTGGGTGCACGAAGATTGATTTCAGATATAGGTTTTGAATCTTCAGTATGAGTTGACGGAGGTGTGGAATCGGTTGGACTCACAGCTTTTGAAAGGACATTTCTCGGTTGCTCAGGATGTAGTTCAATGTCAGATTGGAAGTCATGGTCAGATTCTATGTTAAGATCATTGGATTCTTGGATCTCATTTGACGCAATGAACGAATGATATGAAGCAGTTAAACGGTTTAAGTCTTCATCGAAAGTGAGTGCGTCGTAATTGAATTGATCTAATCTGGATTCCTTGCCCTGAAGAATAACATAGTTAGTTGTATCTACTGTCTTCTTTAAGGATGGAAGATAGATGATATATCCATAAGAGTTTCGAGACGGATGTAGAGCGTAACCTGGGATGCCACGAGGATGTATTTTGGAGTTAGGGTTGTGATCATTGACGATAACAGGTTGACCGAAAGGTAACAAAGTACTGATATCAAGTCCTGCCAAGCCAGCATGTTGGCTTGCAGATTTTTTGCTTTTAGGTGAAGCTAGTGAATTTCTCACAATAGTAGAAAATTCGATTGCAGAGAACCATAAATGGTTCGGTAAACCACTACATTGCAGTTGAGTACGGCAGTCATCTAATAAGGTACGGTTGAGCCGTTCAGCGACTCCATGTGCTCGGGAATCCGCTGTGGTTGTATAGCATGGAGTTATACCATTTTTTTCAAGGAATTTATGGAGAGTTCTGTTAGTATACTCAGAACCACGGTCCATTTGTATAACCAAGACACTGGCCTGAAATTGGTTTTTAATGAAAGCTAGTATCGTGGTAAATACATCGAGGATAGAGTCCTCGCGACGGTCGTGCAATGGATAAACCCAACGGAATTTTGTTGTCTCATCAGTAAATGAGATGAAATAGGATGGTGCACTTTTTGGTAGGTTGTGAACTGGACCAAATATGTCAGTATGTAGGTATTGAAAGGGTTCGTATGAATTTTGGTATTTTAGTCGTGAACCTTTGATATGTCTGTGTTTGGTGCTTTTGCCGATTAAACAATCAGGACATTGATAGTCAATAGCACTAGACCAGTCGACATCTGATTCGTTAAAATACGTGATGGTGTTATTTTTAAGTGAGTATCGAATTGTCTGTGCATTGGCATGCGCAAGCATTCGATGAATGAAAGGATAAGGATATTTGCGTGTACTTTCACTTGTATGGACATTATTGATGGTGGGTACGGAGATATTTGATGGAAGCAAGTACCTTTTAGATACCCAGTAAAAGTCTCCATATTGTACGATAGGTGCAAGTACAGTGCCGTCAGATCGTTCTAAGACGTTTTTGGTAAAGCATGCTGTGATATCTACTGCAGCCAATTCATTCAAACTGAGTAAGTCATAGGCTATGTTAGGAGTGTGCAATACCTTTATTGATGTTTTGGTGTTGTCCTGGAAGTGAAATTGTAGGTCACCAATAGCGTTAATTGGTATATTTCTTTTTTGAGCATCAACTACGTTTATGTCAGGATTAGATGATGCTGAGTGTATGTGATGAGCAGATCTTATAAGGGTTCGTGATGCTCCTGAATCGAGAAGGAGGTGTCCAGGGAGTTCATCATCAGAATGATTAGTGTGATTTACCGTAGATTCAGTAAGTTCCTGGCCTAAGGTGAAGGTCGTGCTTATTGTTCAATTGAATCGGTTCAGTAGTTGATTTACTGATGGAATCGTTGTCCGTGCTGGGAGAGTTATTAGATGTGGATACATTGTGAGCCCTGGCTGTTTTCGATTTCGAATTATTTGTTTTTTGAGGATTCCGAGCTATAACTTTGGGTTTGGTTGTATTCGTATAGCTGCGAGAATCATTCTTCTCATCACTCAGATTTCTCCTGTAATTAGGTTTGCTGTTTCTCGATCCCTGTTGTTCTTCATAAATAGCATGGATATCTAAGAACAGTTCAGCGACTGTCATATTTAGATGTCGATGACGTGTGTAGCGTAAAAATTTATATTCGCCAGATAGACCTCTCATAATTAATTGGCATGCGACCTTGTTATTGATATGAATGCCATTATTGTTCAGTCTGTCGATAATGTTTGTGACTTTTGTTTCAAATGCATCTGCAGGTGTACTGCCATTATATTGCAAATTTGCCAGGGTCACAATGTCGTTTGCCTCTTGGGTATCAGATTGCATTTTTTCAATACTTTTGGAAAGAATTTTCATGATATCCGTATAATCAACGGATAGGATGTCTTTGACCCAGGTAGGTAGGAATTGAGAGGGAGCAAATATTTGAAAAGTGTTATACAAGAAGGTGAGTTCATCATCAGTGATCTGACGTACGGGTTTTCCGTTTACTGTCGGAATAATACCACCGAGATTCGAGTTTTGTAAAAATTTGATGTATGTTTTAACCCAATTTGGAAAGTCATTAGGTGAGGTTAACATTGGTGGTGGTCTGACATATTTTTTAGTGGATGTCATATCAGAGTCTGCTGAGGATGAATCAGTAAATGTATTACCTGACTCAGGTGATGGAGTGCTCAGAGGCGTTCCAACTGATGATGGATACTGCGGAAACTGTGATTGTGGCCCAGGTGGAAAGTACATAGGCGACATTTGATAAGGTGTATACGGAATCATAGATGGGTGTCCGTAAAATGACCAACCAGATGGATTGGCTTGGTTTTGGGTCATCATGCACTGCTGTGGGTACGGCCCATTCTGTGGAGGTGGTACTGAAGCAGGTTGAGGAGAGGCATGATGGGGGTTCTCTGGAACAGCTGATGAAGCAGGTGTTGTTGTCTGTTGAGAGTTAGCCTTAGTAGAAGCCTTCTCACATTCTTCTGTTTTGGAAGCTGAAACGTCTAACGGATCTTGATTTGTGTGGACTTCCTTAGAAGTAACCGAAGCACAGGCGCTACCATGAGAAATGGGTGAATAATTAGATAATTGTTGGGATTCCATTGTTGATAAAGGCTATAATATTAGGTATACAGAATATACTAGAAGTTCTCCTCGAGGATATAGGAATCCTCAAAATGGAATCTATATTTCTACATACTAATATTACGATTATTCCTCATTCCGTTTTATATGTTTATATTCATTGATCCTATTACATTATCAATCCTTGCGTTTCAGCTTCCTCTAACATCGATGACAGCTTCTCATAACTTATGTCATCATCTTAACACCGTATATGATAATATATTGATAATATAACTATTAGTTGATAGACGATAGTGGATTTTTATTCCAACACAAAATGAGATATGTCAGTATGACAATACGTCATCCTGAACGTTCATAAAACACATATGAAACAACCTTATAACAAAACGAACAACATGAGACAAAACCCGTCCTTCCCTAGCTGAACTACCCAAAAGTATAAATGCCTGAACAATTAGTTTAGATCCGAGATTCCGCGCTTCCACCACTTAGTATGATTCATATTTTATATAATATATAAGATAAGTAACATTCCGTGAATTAATCTGATAAACTGTTTTGACAACTGGTTACTTCCCTAAGACTGTTTATATTAGGATTGTCAAGACACTCCGGTATTACTCGAGCCCGTAATACAACAATTTACAACAAGATTCGGGCGTGTGGCGTAGTCGGTAGCGCGCTCCCTTAGCATGGGAGAGGTCTCCGGTTCGATTCCGGACTCGTCCATTTTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:857223-860202

AAAGTTAACGCTATTTTTGGTGAAAACACAGAATAAAACAGCTTCTGATAAAATTTAACTAGGAACGTCGAAAACAACAACCGTTAAAATATTTTTAGCTTACAGAAGCACTTAAGAATCACTAACGTTTTCTTCTTTTTTTATTTTCAGTCCAAAGCTTTCGTATTGCTGCAAGTGCTCGAGAAAGCTGCATATTGTTATTGTATTCGTCCTCTCGTACTAGTGTTCATTACTTTATCGTCTATAAATATATTGTTGTTAGAATTTTTCTACTAAGGCAAGTTAGTAGTTGCACAACATTTCTCTCGTTAAATCATCTAAAGTTTACAGAATAGGTATACCACTCACTCCTTTACTCTAATGCCTTTGAGAAATCTAACTGAAACGCACAACTTTAGTAGCACAAACCTGGACACAGATGGTACAGGCGACGATCATGATGGTGCTCCTCTTTCCTCATCTCCTTCTTTTGGACAACAAAATGACAATAGCACCAACGATAATGCTGGTCTCACAAACCCTTTTATGGGGAGTGACGAAGAATCTAATGCGCGGGATGGAGAATCTCTGTCTTCTTCTGTTCATTATCAGCCACAGGGGAGTGACTCTTCACTACTTCATGACAATTCTCGTCTAGATCTAAGTCAAAATAAAGGTGTATCTGATTACAAAGGTTACTATTCCAGGAACAATAGTAGAGCTGTGAGTACGGCTAATGATAACTCATTTCTTCAGCCACCACATAGAGCTATAGCCTCTTCTCCTTCTTTGAATTCTAATTTATCGAAGAATGATATTCTCTCACCGCCAGAATTTGATAGATATCCCTTAGTGGGTTCCAGAGTCACTTCTATGACTCAACTGAACCATCATGGTCGCTCGCCAACATCATCTCCAGGAAACGAGTCGTCCGCCTCATTCTCTTCTAATCCGTTTTTGGGCGAGCAAGATTTTTCTCCATTTGGTGGGTATCCTGCTTCATCGTTCCCACTTATGATAGATGAAAAGGAAGAAGATGATTATTTACACAATCCTGACCCCGAAGAAGAGGCAAGACTGGATAGAAGGAGGTTCATAGATGACTTCAAGTACATGGATAAAAGGTCTGCTAGTGGGCTAGCTGGTGTATTGCTCTTGTTTCTGGCAGCCATCTTTATTTTTATTGTTTTGCCAGCGTTGACCTTTACCGGTGCTATTGATCACGAAAGCAACACTGAAGAAGTTACATATTTAACTCAATACCAATATCCTCAACTATCCGCCATTAGAACATCTCTGGTTGACCCAGACACACCTGATACAGCGAAGACAAGAGAAGCTATGGATGGCTCTAAGTGGGAATTAGTATTTTCTGATGAGTTTAATGCAGAAGGCAGAACATTTTATGATGGGGATGATCCATACTGGACAGCCCCTGATGTTCACTATGATGCTACTAAGGATTTAGAATGGTACAGTCCAGACGCTTCCACAACTGTGAACGGAACCTTGCAGCTGAGAATGGATGCCTTTAAGAACCATGGCTTATATTACAGATCAGGTATGTTGCAGAGTTGGAATAAGGTTTGTTTCACGCAGGGTGCTCTAGAAATCTCTGCAAATCTACCAAATTATGGCCGTGTTTCAGGTTTGTGGCCCGGTCTTTGGACTATGGGTAATTTAGGGAGGCCCGGTTATTTGGCTAGTACCCAAGGTGTCTGGCCTTATTCTTATGAATCGTGTGATGCTGGTATTACACCCAACCAAAGTTCCCCGGATGGTATTTCTTACTTGCCGGGACAAAAGTTAAGTATTTGTACTTGTGATGGTGAAGATCATCCGAATCAAGGTGTTGGTAGAGGAGCTCCAGAAATTGATGTTTTGGAAGGTGAAACTGATACTAAGATTGGTGTAGGTATAGCCTCTCAATCCTTGCAAATTGCACCTTTTGATATCTGGTACATGCCTGACTATGATTTTATCGAGGTTTACAATTTCACAACAACGACCATGAACACTTATGCTGGCGGTCCATTTCAACAAGCCGTATCTGCTGTCTCAACTTTGAACGTAACTTGGTATGAATTCGGTGAGTACGGTGGCTACTTTCAAAAATATGCCATTGAGTATCTGAACGATGACGACAATGGTTATATCCGTTGGTTTGTTGGTGATACTCCAACTTATACTATTCATGCTAAAGCCTTACATCCTGATGGTAATATTGGTTGGAGAAGAATCAGTAAAGAACCAATGTCGATTATTCTAAATCTGGGTATTTCCAACAATTGGGCTTATATTGATTGGCAGTATATTTTCTTCCCAGTGGTTATGTCGATTGACTATGTTAGAATATACCAACCAAGTAATGCTATATCCGTGACATGCGATCCAAGTGACTATCCAACATATGATTATATTCAATCGCACTTAAATGCATTCCAGAATGCAAACTTAACTACTTGGGAAGATGCTGGTTACACGTTCCCTAAGAATATCCTAACTGGTAAATGTACTAGCTCGAAGTTCAAGTTATCCTCTTAAGCGGGTATTTTGATGGTAAATCTACAAGCCCTCGGCTTTAATTATTACCATGGTCATAAAAAGTTACTTACAATGCATACATTTTTCTTTTAGGAAGAAATAAAATATAAAAGACTTATCGTTCAAATCGGGTCATAAAGGGAACTAAAGGTATACTAAGGTAAGACGGGGTTCTCATCTGCACGTAATTTTTTATTATTTTTAGTGAGGGAGAACTTTACCTCTAAGATTGTTTATATAGGTATACACATTTTTGTAAAACTGATTATTCGTTTTTTTTTTTGAAACAAGTTATTAGTACAAAAATCAAGCTCTCACTACTTACCAGTAGTTATTTTAGTAGAATATTATTAACTCTACCGAATAAGTACGATATGAGAAATTGCTGATTTACTTGTGTGTGTTCCTATTATTATCCAGGAGCGCCTCTAATCTATGCTTATAATTTTACGTTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:860943-866577

TAAGTAAGGGGTGGATAATTTTCGCTAAAAAAGTTTCAGGGGAGGTTAATAACTACCATGTGCATGCTACAAAGATAAGGAAGGAACACCGACGAATATATTATATGTATAAAAGGAGCATGAAGTTTGTATAGCAGTAAAGCAAGATTCTTTGTGCCTTCCCGTTTCTTGTTGTACCTTTTGTTTTGATTACGTACGAAGTATTATAAGTTTTTTCTGCTTGCTATTGTAATATAAAGTAAGCACAGATTGAGAAGGTAACGATTACTAAAAATATCCAAAAGAAAAACAATTGGATCTTTTTTGACTTCTCTACATTACAATTTCAGTAAAGCAGCTTTCAACTTAATTTAATTTTGAACAATGCCGCCAGCTAGTACTAGTACTACCAATGATATGATAACCGAAGAACCTACTTCTCCACACCAAATCCCAAGGCTTACAAGGAGACTTACGGGGTTTCTTCCCCAAGAAATCAAGTCAATTGACACGATGATTCCTTTAAAGTCAAGAGCGTTATGGAATAAGCATCAAGTCAAAAAATTTAACAAGGCAGAAGATTTTCAAGATAGATTCATTGACCATGTGGAAACTACATTAGCACGTTCCCTATATAATTGTGATGACATGGCTGCTTATGAAGCTGCTTCGATGAGTATTCGTGACAATTTGGTCATTGACTGGAACAAAACTCAGCAGAAATTCACCACAAGAGACCCAAAGAGAGTTTACTATTTGTCTTTGGAGTTTTTGATGGGTAGGGCTTTGGATAATGCCCTGATTAATATGAAGATTGAAGATCCGGAAGACCCTGCTGCCTCAAAGGGAAAACCAAGAGAAATGATTAAAGGGGCTTTGGATGATTTAGGTTTCAAGTTAGAGGATGTCTTGGACCAAGAACCGGACGCAGGTTTAGGTAATGGTGGTCTAGGTCGTCTTGCAGCTTGCTTCGTCGACTCAATGGCAACGGAAGGCATCCCTGCCTGGGGTTATGGTCTACGTTATGAGTATGGTATCTTTGCTCAAAAGATTATTGACGGTTACCAGGTGGAAACTCCAGATTACTGGTTAAATTCTGGTAATCCATGGGAAATTGAACGTAACGAAGTGCAAATTCCTGTCACCTTTTATGGTTATGTTGATAGACCAGAAGGCGGTAAAACTACACTGAGTGCGTCACAATGGATCGGTGGGGAAAGAGTTCTTGCTGTCGCGTATGATTTCCCAGTTCCGGGTTTCAAGACTTCCAATGTAAATAACTTAAGACTATGGCAAGCAAGGCCAACAACAGAATTTGATTTTGCAAAATTCAATAATGGTGACTATAAAAACTCTGTGGCTCAGCAACAACGCGCAGAGTCTATAACCGCTGTGTTGTATCCAAACGATAACTTTGCTCAAGGTAAGGAGTTGAGGTTGAAACAGCAGTACTTCTGGTGTGCTGCATCCTTACACGACATCTTAAGAAGATTCAAAAAATCCAAGAGGCCATGGACTGAATTTCCTGACCAAGTGGCTATTCAGTTGAATGATACTCATCCAACTTTAGCCATCGTTGAATTACAGAGAGTTTTGGTCGATCTAGAAAAACTAGATTGGCACGAGGCTTGGGACATCGTGACCAAGACTTTTGCTTATACTAACCACACTGTTATGCAAGAGGCCCTGGAAAAATGGCCCGTCGGCCTCTTTGGCCATTTGCTACCCAGACATTTGGAAATTATATATGATATCAACTGGTTCTTCTTGCAAGATGTGGCCAAAAAATTCCCCAAGGATGTTGATCTTTTGTCTCGTATATCCATCATCGAAGAAAACTCTCCAGAAAGACAGATCAGAATGGCCTTTTTGGCTATTGTTGGTTCACACAAGGTTAATGGTGTTGCTGAATTGCACTCTGAATTAATCAAAACGACCATATTTAAAGATTTTGTCAAGTTCTATGGTCCATCAAAGTTTGTCAATGTCACTAACGGTATCACACCAAGGAGATGGTTGAAGCAAGCTAACCCTTCATTGGCTAAACTGATCAGTGAAACCCTTAACGATCCAACAGAGGAGTATTTGTTGGACATGGCCAAACTGACCCAGTTGGGAAAATATGTTGAAGATAAGGAGTTTTTGAAAAAATGGAACCAAGTCAAGCTTAATAATAAGATCAGATTAGTAGATTTAATCAAAAAGGAAAATGATGGAGTAGACATCATTAACAGAGAGTATTTGGACGACACCTTGTTTGATATGCAAGTTAAACGTATTCATGAATATAAGCGTCAACAGCTAAACGTCTTTGGTATTATATACCGTTACCTGGCAATGAAGAATATGCTGAAGAACGGTGCTTCGATCGAAGAAGTTGCCAAGAAATATCCACGCAAGGTTTCAATCTTTGGTGGTAAGAGTGCTCCTGGTTACTACATGGCTAAGCTGATCATAAAATTGATCAACTGTGTTGCTGACATTGTTAATAACGACGAGTCAATTGAGCATTTGTTGAAGGTTGTCTTTGTTGCTGATTATAATGTTTCTAAGGCTGAAATCATTATTCCAGCAAGTGACTTGAGTGAGCATATTTCTACTGCTGGTACTGAAGCGTCTGGTACTTCTAATATGAAGTTTGTTATGAACGGTGGTTTGATTATTGGTACTGTTGATGGTGCCAATGTGGAAATCACAAGGGAAATTGGTGAAGATAATGTCTTCTTGTTTGGTAACCTAAGTGAAAATGTCGAAGAATTGAGATACAACCATCAATACCATCCACAAGATTTACCATCTAGTTTGGATTCTGTTTTATCCTACATTGAAAGTGGACAATTTTCTCCAGAAAATCCAAATGAATTCAAACCTTTAGTCGACAGTATTAAGTACCACGGCGATTATTACCTGGTCAGTGATGACTTTGAATCCTATCTGGCCACCCATGAATTAGTGGACCAGGAGTTCCACAATCAAAGGTCAGAATGGTTAAAAAAGAGTGTCCTGAGCGTTGCAAACGTCGGCTTCTTTAGCAGTGATCGTTGTATCGAGGAATACTCCGATACCATTTGGAACGTTGAACCAGTGACTTAGCTGGGAGTTTTTTTTATCTCTTTGGCACCCTTCTCCCCATTTCTAGTAAGCGCTTTTTTCTCTTTACTTCTTCTCTTATATAAAACGCCTTTAAAATAATCGTTATCGGTTTTTTGGCACTCTTTTAAATGGTATATATGATGTTACAGGAAAACTTAGTTGTTTTCATATTGAAAATCCGCGCAGGATAACGCTTGTGTAAAACCGAGTGTCCTGAAGGTGGGTAAGGCGGTCCTTATTATCACTTACTCGAACGTTGACATTGGTACAGTCCCTATCAGGTAGGATGTACTGACGTTTTGACAATAGTTTCGATTTTATGGATTGTTTGAAAAGAGCGAGACAGTGACAAAACGTGATAGATTACATAGTAGTCAGTATACAACTTTCCGTAATTAGCCACGAGGCCAGAAAGGAAGAGAGAATAGTATAACCTAATATAGATCTGCAATATCACTATTTTGGAACTCCTTAGACTCATCTGGTTTCGCTCTTTCATCCTTAAAGCTTCCATTTTTTTTCTCTATTGGTTTACTCGTAAGCTGATGCTGCCCCTGTGAGGGCGAGATTGGGAATTGTGGATGAGAAGGTCTCGAGCCTTGATGATGATCACCAGCCATATTGCGAGAACCGTTTGAAGGATTATAATTTTTATTGATTGGCGCATTGGATTCTTGGCGACTATATTTCTGTGGTTGCCTATTGAAGTTGGTTTCCGGCTTGTTCACGTACCTAGGGTTATGATATCTAGAGTCATTTGGCGAGTTTTTGTACCGGGACTCATTTGAATTACCCTGGTATCTTGACTGAGGCCCCAATGGCAAAGGTACTTTATTATATTTAGAGCTGACATTTGTCTCAGGATGAAATCGATTTACGGGATTCCTGCTGTTGTTGGGTGCAGTGCTGTTGCCGCTGAAGCGATTATTTCTGGAACTATTGTTGGGTCCGTATCTATTAACTCCTGCAGGGGCTGCTGGCGGTGGAATCGCAGTTTTAGCATATCCGCTGTTCACATGATACGGTCTAGGATTTTGATGTAGTTCTCTTATTTTCGAAGGAGGCGGCTTAGCCAATACGTTCTTTGATGGAGGCAAAAAACTTGCGTCATCTTTCTTGGGGCCTCTTGGGATCGCCCCAAGATTTTTCACGACAGGTGATTCACCCTTTTCAACTATATGACCTCTTGGCGCAGTAGGTACTCTTTGGGACAATGATTGGTGCATTTCTTCCTTGTACCTCTTAATATCAGCTTCATGACTTTCTTCCGTCGGTAATGTTATCTTCTCTGATGGTAAAGGGTCCTCTTTAAACCAAGGATGGTGTTTAGCAGACATAGCGGTCAACCTCTTGTAAGGATCTAACGCTAACAACTGTCCTAAAAAATCTAGACCTGTTTCACTTAGATATTTACCAAATCTTTCCCTCAACGTTGGCTTGTAATTAGTTGTTGTTAGTTCAGCACCTGGCAAATATCTAGCCACGGCCCAATCTTCTTCTGTCGGTGTACCAAGTAGTTTGAAAATAACATGTCCCTGATCAATATCCGTTTTTCCCTGTAAAATAGGTTTTTTCTCAAAAAATTCTGCGAAAACGCATCCGACACCCCATATATCAACAGCTGTTGTATACTGTTTATCACCAAGCACCAACTCAGGTGCTCTATACCATCTCGTTACGACTACTGATGTATATTTGGCGCCGGAACCTGCACCACCAGGATACTTTAAGTTTGGAGGACAGCCATAATATAATCTTGCTAAACCAAAATCAGCAAGCTTTAAAACACCGTTGTGGTCAATCAAAATATTTGCTGTCTTTATATCCCTATGCATGAATTTTGCACAATGAATATAATTTAGGCCTTCTAATATTTGTAGCATCATATTCTTTATATCGCACATCTCTAAGTTGATTCTCGGATTATGCAAAACGCCCGACAGATCTGCTACCATATACGGCAGGATCATGTAGAATGACTTATGTAGGTTGCTGGATGCCGCATTTGTAATATCCGGTGAATGGTCATACACCATTTCGATTAGTTTAATAATATTTTTGTGGTTTAAACGCTTTAAAATAGTAATTTCTCGTTGTGCAGTTATAGGAAACAGATCTTTTTCAACGCTAACTATAATTTTTTTCATTGCCACTTGTCTTTGAGTCTCTAAATGAATTCCCTTATAAACCTCACCAAATGTTCCTTGTCCTAATTTTTCATCCTCACGATAATGATTCTGGAAAACTGTACACCCGTAAACTTTCTCACTACTTCTTTTTCTTAGTTTGATGTATGTTAAGTTAGTCTTCGCATCTCGCTGGATGGCTGGTGTACTCTTCACTTTGCCGATTTTGTATTTATTAAATTCGGTTTTTGGAAGAACCGCGGGGGAACCATTATCACTCATATTATTTTACTGTTATTCTGCTTGACCACGAATGTACTGCTAATACTATACAATTTCTTTTGCTGGTGTTTGGTAATATTTCTTTTCACCATTGTTAATTTCTCTCTCTACATTGCCTATGCTCTATTAAATGCATATGTGAATTTTTCAAATTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:866706-870068

TCCCAAGATTCACAGTTGTGTCCAGGAGTAGTACATATTAGATTTGGGGATAATTCTTCTTAATTCCTGAAGAATGATCTGCATCTGGTAACTTCTCAAGTCAAACGGGATCATGGTGCCCTGAAATTGATAATTGCTAGCGTAAAATGCTGCGGTCGCATTATCTCTCAAACCAACGGCTGATTTCTCGGTAAAAAAATCCAGTTGCACTAAATTTTCCCAAACGTTCTTGACGTCCTTTTTCAACCATAGTTTGATAGTATTGTCGATAGAAAAAGTACTTTGACCTGTTCCCACATTTGTAGTAGGAGCCACGGTGGGAATTCTGGAGTTGATAGCTTTAATCATCTTTTCATACTCTGCATAAGCTAAATTAAAATTAAAAGATCCGTCTTTCGCCCTTAAGGCAACCCTAGCGGCTGAGATCAAAATGGCTAACTCTAAATCGGATAAAGATTGGAGCCTTCCTGTTAAATTATTAGATAGTTGGTTCTTATTGTATATGTCAAGAAAAGAACACGATTTTATGGCAGTGCAGAGTGAACCAAAATTTTTGGATGTCGCTACTAATGGAATTATGCTATTTTTCAATGTAGGTAATGACCTAAAGGTTTCGAAATTCATCCTAATATGTCTATTCAAATTCGATCGAGGGTCGGATAGTTCTTTTTCCAACGTTTCATTCCATTGTGAAACCCAGGGGGAGATTTCAGAGCGAACTGTAAGTAAATTTCTGACGGCGTCAACCATATCGTCTAGATTCTGTATTTGCGGCATATAAATCACTCTTTGAGAAAATCTACTCTTTACCCTCTTTTCTAAATATTCCAAGATATTTAATTTCGTTGTGCAGCCAAAAATGCAAACAGGTACCCGAGAATGTTCTACCATGTCAAAAAGATTGTATAATAAAGTTTGCCTCACAGGCCCAGCAAATGTATCAATTTCATCGAATATAAAAACAACTGTTATCTTTGTTATACTCTCTCTGTCAACCTCACCACTATCTTCATTTCTTGTCTTCGTGGTCGAATCTAAGAGTAAAAGAATTTTCTCAAACACTTCTGTCAAAGAACCACTGCTAATAGTCTCTAATGAAGTATCGTCAATTTTTTCTTCACTGCCATGAATTTTCTGCAACTGCTGTTCCAATTGAGTTGCTATACCGTTAATAGCTGTTTGTTCGGAGTGAATAAACCCATTCAACCTGATAGTTATAAACTGCTCTTTATAAGATTGTTGCAACAAAGACAGTTCATAGTCTAATAAGTATGTTTTGTAACTTTGTCTGGGCCCCACGAGAATTACTGAATGACTCTCTTTCTGAATAATGGATTGTTTAATGATTCTATCGATCTCTTGTTGACAATCTTGTAAATATGTGAAGATTATCTTTTCGTCCGTAGGAAGTGTGCCATAAAGTTGCTGCAGTAACCTTCTTTGAAGGGAACCAAAACCAGGGTCGCTGTCTTTACACTTTTCATTATCTATAGTACGCTTTTTTAGAATCGCTGCAGTCTCCTCTACCTCTTCGTTTGAGTGCCTCTTTATTGGGAGAAGATTGACTTGCGGTGATAGACGAGCTTCGCTTATAGTCATGCTTCTTCTTTTGAATATTACCGATATTAGTAGTTTATATTTGATATTTCTATCAGTATTATTTAGATTTTTTTTTTTTTTTTAATTGTTAATGCTTTTTCTTAGAACTTTCCAAAAACGAAAGGAAAATGGGACATTCAAAAACTTACCTCACATAGAAAAATGATAAATCCAAAAATACACTTGAACACATGTATGAAACTTAATACAAAATATATGGTTATTTTTTTTTTAATTATATAATAGAGTTAGAATACCTGGTAGAAAGGAGAGTAGAAAAACAAGAAAGAAAAAAAGCAAACAGTAAATACAAATGTACATTTTATCATCATACAACACTCTATTTCTTACCAACAACTTCCCAATTGTCACCATCTTCAACAGTCAATTGAGCAGTTTTATCCTGTAGCTTTTCAACTGCCGCATCAACTTTGTTTTCTTTTGCGTCTCCATTTTGCTTTTCAGCCTCTTCATCTTCATCATCATCTTCAGTACGTAAAACATCATAAACAGACTTCTGGATTTTTGGTTGCTCATCAGTAGTCTTTTTGTTAGTTAGAGACCTATCCTTGTAGGTATTTTTGGTTTGTTGAGGCTTACCAAACTGAGCACCTCTGGCAGCACCCCAATCCAAAGCTGGTTCTTCCTTTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTTGAGGAGCTTTGGAAGTTGGAACCTCTGGCTGCACTCCAGTCAATATCTGGCTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGCCTCGAGGAGCTTTGAAAGTTAGAGCCTCTAGCTGCACTCCAGTCAATATCTGGCTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTGGAAGAGCCTTGGAAATTGGAGCCTCTTGCAGCGCTCCAGTCGATATCAACTTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGTGGTCTGGAAGAGCCTTGGAAATTGGAACCTCTTGCAGCAGTCCAGTCAATATCAACTTCTTCTCTTTCTCTTCTTGGACCTCTGAAGTTAGAACCTCTAGCGGCACCCCAATCAAGATCTGGTGCATCTTCTCTTCCATCACCTTGGAAATTGGAGCCTCTAGCACTACTCCAATCAACATCTGCACCTCCCCCTCTTCTTGGAGCCGCAACAGAAACGTAAACAGTTCTCTCATTCAATTTAGTACCGTTGAACTTCAGAACGGCGACCAAATCTGCTCTTTCTTTCAAAGTAACGAAAGCATTACCCTTTAATCTTGTTGGGTCTCTTAGATTCTTTGGCAAAACAACTTCTTCAACCGCTTCAGGCTTAACTAAACCATCTTCAACCCAGGCTTGAACACCCTCTGGGGTAATATCCCATGGAATGTTGTTTATGACAGCCCTATATGGTGGAGCATCTGGAACAGGGTATTCCTCTCTTCTATCGGAAGAACCGCCCCCCAAAGCAGGGTCTAATCTAGATCTACCTCCAAAACTGCCACCAAAGCCGCCTGAACGCGTGTTATTGCTGTTGTTTTTAGCATGAGCCAATTCGGACAATGGAATAGTGTTTGCATTAGCGGTTTCAATAGGAATTGTGATCTTATTCAAATCGACATCTTCTTCAGCCCAAGATGAACCAAAGGTGTCATCATTTAAAAATGACGTAAGGTCCATCTTCTTTACGGTTTTCTTTGGTGGAGCCATGATGTGTCCTTTTTATTATGGTATTATTTTCCTAAAGACAGATGAAAGCTAATATAAACTCGAGTTTTATGATAATCCCGCTTATTGGTCTACTGATCTTCTCTAACTCTGTA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:870256-876647

CCTATTATCCTGCCAAAATTTACTTTAAGAAGTCTCTATGAATATACAGGCTAAATTTGGAAACATGAGAAAGGAAAGATGAAGATACAAAGATTGCAAGCAGTCAAGAAGATTTAGGAAAAAAGGAAAAAGCAAAAAATATCGATTTTTATGACTTACAAACTAAATTGATATGTTCGAAATAATTTTGAGAAGCTGAGCTCAATCTGGTACTAATCACTTCAAGTTAGATGTGCAAAGAAAGAGAATAGCATAAATTCAAAACCAAAGGAAGTGCGAGGCATTACCCGCATATTATCGGGAAACAGAAGCCATGTTAGAGTGATTTCCAACAAATGGCCCTTTGCCAGAGATGGGCTCTGCAAAAGAATTGGAAGAAGAGAAGAAATCGCTTCACATTCCGTTTCGTTTCTGGGTCTAATTAAAGTAGTACGGTGTCAATTAGGTATGCTAGGTTTGCGAACTCATGGTTTAGACAGGTATGAACATTATATTCGTCGCCCGTCGGATTTTGGCAAACTTGAGCTGCAAGATTGGTTGAATCATAAGTCATTCCGAGTTTCCCCCAATTTATTAATTGATTCAAGCACCACACGTGAGTGGAATGAACCTGAGCTTTTTTATCAAAATACCGAGGATGAAACTTGGGTGAGACCTTGTGTAGGGCCAAAGCTAGAACCATCAATGATGATGCTCAGATATCACGATTCGAATATTGGTCAAATGCCTCAATTTTGTTATCCAATCTCAAGTCCGATAAATTTTAAACCAGTATTAAAATACATTTTGCAAGAACGTTCTGAACTGTCAGACGGCTTCCCTCAAAAGTATAACACACTAATAGGTAGTCTTTTTGACATTGATAAAAACCCAGAAACCTTAGATGATTCAGATATAGAAGCATTGGATGACATAGAAATGAGCAGTGACAGCGGTAATGTTAAAGAACCAAAAATTGAATTGCAGGCGCTGGAAGAAATCCAACAAAAGCATTTCAGTTTAATAGTATCCAACAATGGAATCTTTCAAACAGGTAGCACTTCAATAACATACATACAGTCTGGCATATCTGGCAGCATAGCTATAAAACCCAACAACGTTGCAATTTTAATATTACTCACTCAACCAAGTGGTCACTTATTGTCTATTTTACCGCTTGATGACGGTAAAGAGACATATTTGCTACAATATTGGAACCTGGGACAAAAAGGTCAGTGGAACATAATCAAGCACCAAAACGAGAAGCAGTTTGTTCTTATACATAAGGAACTAGGCATTTGCAAATTTTTTGAATTCCATTTACCATTTACTTTTCAATTAGTAAACAATTTAACATTGACCGATTCCGTGATTATGAACGGATCCTTTTTCCCAACAAATTACACTGATTTAGATCCCTATTTCATTATATTTATAACAGCCATAAGATATGAAAGGATAGTCTACTTTGTCATAGAATGGAACAACAACGAAATAAAGAAAAAAGAGGTATATCAATTGACAGTATTTGATGGTGAGAAGACTAATATGACAATACCCATTGGACTAAATGCATGTTTAGTCGAAACACCCCTAAAGTTCTCTTTAGTTTCTGCAAATCAAATTATGTCAGGAGAGACTGAATTCCACTCATTCCAATTGAAGGCTCTCAAGGGAATCAAGTCATTTTTTCCAGCTCCTTTATTGTTATTAAAATTACAAGAACTACACCCACATACATTTAAAAAATTCCAATATTGTACCATAATATCCTCCTCGACAGGAAATATTTGTTTTTGCGTCACCGAACGATCGACAATAGTAAATGGTAATTTAAAATTTTACGAGCTAACTAGGTTCAAAGGATTGAAATCCATTTCACCACTACCTTCAAATCCGATAAATTTAGACTCCAGATCCTCAAGTTATGTACTGGTGGTCATAAGTTTTAGTAGAACATTAGAGCTAACATTATCTCTAGAAGATTTGAGATGTTTAGATAAAAAAGACGTTATTAAGCCTTTGAAAAATATCACCTTCAAGCACACAATTGATAGTTCCACAGAGGAGAACTCTCAAATTTTAGCATTTACGTCTTCTAAATTTTATAACACACACACAGGCTCTAACATCAATGACACGAGAAATTCTCAAGTTTGGCTTACCTCACCAAATGCAATAACTCAACCTTGCATTGATTATAAACTCAGGAAAACTCATCAACTTATCCACTTAAAGCAATTTCAAATTTTTAGACATCTTAGGATATGGAAATGTAAGAACCTTGATATTGCTCTGTTACAGAGACTTGGAATAAACCAGTCAAATACCGAAAGTTCGTTAATTTTTGCGACCGACGCTGTTTCTAACAACAGAATATTTTTATTAGATTTAACTATGACAACGACAATCGATAATGATGATCCCGTTCAAGGACTGATAAATATAGAAGATTTACTATGTGATACTGAAAACGAAACTATCCTTCTAAATTTTACGAAAAATAACTTGATTCAAGTAACTAGGGATACGATATACATCGATCCCATTGGTGGGGACAAAGAGTTGCGTAAGATTTCTCCAGGTTGGGAATTCGAAAACGTTACATACAATGATGGTATTTTAATAGTTTGGAATGCTGGGCTTGGCTGTGTCTCTTATATTGAAAATATAGACGCTGTTGATGAGTCTGGCGCCTTAGTTTCAAACTTAAGCAGCAGCAAAGGCATGAGCAAGTTCTTCAAGCAGTTAGGAACTGTCACGAGTGTCAATTTTCAAATCAAAGAGTCTACAGATGATCCAACCAAGTATGACATTTGGATCCTTTTACCAGACTGTGTCATTCGTACACCCTTTTCTGACTGGATTAGTGATTCACTTGATTTTTCTGATGTGTATATTTTGAGTGTTCAGCAGGCGTTAATAAACGGCCCTTATTTTTGCTCTCTCGATTATGAATCATATTTTGAGGTGCACACTTTACAGAACAACTGCTTCAAAAAAGGATCCAGATGTACAAGCAGAGTTAATTTTCAAGGGAAAGATATTAAATTTAGAAGCTTTGGTGTGAATCAATGTTTGGCATTTAGTGCATTTGAAATTTTTGTCATCAATTTAACGCCAATTCACGACAGTAGAGAATTGGATTTTTACAAGCTAAAATTACCGCACCTAGGTAATAACAATTCAATTCTTGAAGTCTGTCCGGACATAGAAAACAACCAATTATTCATACTCTACTCTGATGGCTTAAGAATCCTCGAACTATCATACCTAACATCAAATAATGGAAATTTCTTATTAAAATCTACAAGAAGCAAAAATAAGAAATTTTTATATCTAGACAAAATAAATCGAATGCTGGTATTGAATCAGGACTTGAGGGAATGGGAGTGTATTAGACTATCAGATGGTAAGGCAGTTGGTTTAGATTCTCAACTTCTTAAGGATGATTCTGAAGAAATCCTAGAAATAAAGGAATTACCAATAGCAACAGAGGACAATCCTTTAGAAAAGAAAACTGTATTATTGATCTCTTTTACTAGCTCATTAAAACTAGTTTTATTAACTGCTGCAAAAAACAAAATTTCCAATCAAATAATAGATTCGTATAAACTTGACAATTCAAGACTCCTCAATCATTTGGTCATTACTCCCAGAGGTGAAATATTCTTTCTGGATTATAAAGTTATGGGCACCGATAACGAAATGTCCTTTAACAAGTTGAAAGTCACAAAACATTGCATTGACCAGGAGGAGAGAAATAATACGACTTTGCGGCTCACTTTGGAAACCCGGTTTACATTTAAGAGTTGGAGTACAGTTAAGACGTTTACTGTAGTAGGCGATAATATCATTGCTACCACAAATATGGGCGAAAAGCTCTACTTGATTAAGGATTTCTCTTCATCATCTGACGAATCGAGAAGGGTGTATCCCTTGGAAATGTATCCTGATTCAAAAGTTCAAAAGATAATACCATTAAATGAATGCTGCTTTGTTGTTGCCGCTTACTGTGGAAATAGGAACGATTTAGATTCAAGATTAATTTTTTACTCTTTACCCACCATCAAAGTTGGGCTTAATAACGAAACAGGCAGCCTACCAGATGAATATGGGAATGGGAGAGTCGACGACATATTCGAGGTTGACTTTCCTGAAGGATTTCAATTTGGCACTATGGCTTTGTATGATGTTTTACATGGTGAGAGGCACGTAAATCGTTACAGCGAAGGCATACGGTCGGAGAATGACGAAGCAGAGGTTGCCCTAAGGCAGCGTAGAAATTTACTACTCTTTTGGCGAAACCACTCTTCTACACCAAAACCTTCACTACGCCGAGCCGCCACTATAGTATATGAGGATCATGTATCATCCCGTTATTTTGAGGATATAAGTTCTATATTAGGAAGCACTGCAATGAGAACTAAAAGACTATCTCCCTATAATGCGGTAGCATTGGACAAGCCTATTCAAGATATTAGTTACGATCCCGCAGTACAAACTTTATATGTGCTAATGGCAGATCAAACAATTCACAAATTCGGCAAGGACAGGTTGCCTTGCCAGGACGAATACGAACCAAGATGGAATTCTGGCTATTTGGTTTCAAGAAGGTCAATAGTTAAATCTGACCTCATCTGTGAGGTTGGGTTATGGAACCTTAGCGATAACTGCAAGAACACAGTATAATTCCCTCATTTCCAATAACATTGTCGCTGATAAAATCGTGATTCTCGATCAATGTGCTACGCGTCGTGCAGCGTGACAAGGGGCTAAAAAAAGATACAAGAATTCTTGTTGTTTCCAATTTGCTTCGCCTCAGAAAAAAAAATAAACAGATTATACAATTTTTGTTTGATTTGTATTGGGTACTACATGTTTTAGTAGTTGATACAAATACTTCTTTATCCTAATCGTATATATTTATTTTACCAGCAGGAATTCGTCTTTAATATCGTTTCGACCATCGATCATTCCTCTGAGTATTGCAAAAACATTTTTGGAACAACCCAAACTTAAAGTTACAAAACTCAAAAAAGGAACAAAATTAATAAAACAAAAGAATCGCTGTTAGAGGTTTATTGTTGCACTAATAGAAAATCATAGAACTTTAAAAATTATACTAGAAAGATGTCACAACAAGTTGGTAACAGTATCAGAAGAAAGCTGGTAATCGTTGGTGATGGTGCCTGTGGTAAGACATGTTTATTAATCGTCTTTTCCAAGGGCCAATTTCCAGAAGTCTACGTACCAACTGTCTTTGAAAACTATGTAGCAGATGTTGAAGTTGATGGGCGTCGTGTAGAGCTAGCGCTATGGGATACCGCTGGTCAAGAAGATTATGATAGACTAAGACCATTGTCATACCCAGACTCCAATGTCGTATTAATTTGTTTCTCTATCGATCTTCCAGATTCTTTAGAGAATGTACAAGAAAAATGGATTGCCGAAGTATTACATTTCTGTCAAGGTGTGCCAATTATTCTTGTTGGTTGTAAAGTGGATTTGAGAAACGACCCACAAACCATTGAACAATTAAGACAAGAAGGTCAACAACCCGTTACATCACAGGAGGGACAATCTGTAGCAGACCAGATTGGCGCAACCGGATACTACGAATGTTCGGCCAAGACTGGTTATGGTGTCAGAGAAGTGTTTGAGGCCGCCACTAGAGCTTCATTGATGGGTAAATCTAAAACGAATGGTAAAGCTAAGAAGAACACTACTGAAAAGAAGAAGAAGAAGTGTGTCTTGTTATAGGAGTGTCTCGATCTCTCAGTCGTTAACTTAGTGGCAGATACTGCCCTTTTTCAATCCCATTCCTTTTCTCATTGTATGTACGTATGCCTTTTTTTGTTATTTTAGCTCTAACTATAGCTACTTGTTTTTCTCCCAGTATGTGTATAATCTTATTCTTCTCTACATATAAGTGTATTGCTCAGTAAGTATTATCATCTATTAAAGAAGAATAAAAATTATCATGTATTTATTTACAAGTGCGTATCCTATATATATATATATATATACTTTCGCGATAAAATTTTTTACCAAATACCCTTCTTAACACCTGGCAAATTACCCTTCAGAGCGTTTTCTCTAAATTGATACCTACACAACCTAAAATCACTTAGAACAAATCTTGCATGTCCAGAGTCCACGCACCTATTTTTGATCTGCGTAGATCTCATGTAGTTTGGCAATGCATTTAGTTTTAACTGAGCCTCCAACCTCAGTTTTGTTGGAAGGTTCATATTTCTAGCGATGAATTTCAAAGATTTAACAAGGATTTCATTCTCTTTAAATTGTTGTCTTTTGAAGTTATCCCTAAGTATGCGAGCATTGATAAACCCTGGTGGTAGCTTGGTTTTTATAGGAAATCTGAAATTACCCATCGGTTAATGTATATATTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:876819-877697

ATATGGTTATATATCGTACTCTATCTATCTAGGCATCTTGCTTTAAAAATTGCGCGAATCGGCTGGCTTCATGAATTCCACACTCGGTCTTGGCCTTGCCCTTCCATCTTCCTGCTCTCTCATCTTCACCTTCCTTGACGGGTTGTGTGGAATGGTAATCACCAATGGATCTATATCCAAGGTCCAAAAGTTCGTTGTATGGTACATTGTTTGCATCTATATACTGTTTAACCTGCTCGAACGTCCAATTGATCAATGGATTTATTTTTAAGATTCCATTAAGTTCGTCTATTTCAATAATCGACAGTTGGGAGCGGGCAGAACCTTGTGATTTTCTTCTACCAGTAAACACAGCACTTATATGTAGCTCTTTGTAGGCACGATGTGCAGGTTCCACTTTGGCCAGATAATCGTACTTGTCATCATCTTTCTCCCATAAGAAATCCCCGTATTTCGAGGCAAAATCTGCCTCCGATTCACATCCATCCGGCTTATATACGTGAATGGTTTGATTTTTAGGCTGGTAGTATTTTTTCTCAATCTCGTTTTTTAGTGTTAAAGTTTGTGGGAAATGGTGCAAAGTGTCTATAAATAATAGTTCTGGCATGTAGTATTTTTCAGATAGCTTTGACAACATATCGATAGTAACCAAGCCAGTCAAACCAAATGCAGTGGTTTGGAAAAGGTGAGGAAACGTTACGATAGACCATGCAATAATCTCCTGTGGCGTTTCCAGCTTGATTAGTTGTTCATTCCAATGATCCAACTGTTCTTGTGTGACAATTATATCATTATTCAAATGATAGGTCTTCATTTTATGAGTTGCTATGGGTTGATACCTTTGCTGGCCTTAGTTTTGATCTTAAAGCATTGAAAAGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:878050-878550

AATATATAGAAAAATAAACCGATAAGATGAATGGAAACAGCACTAACAATGAACAATTGCAGCAAGAACTGGCCACTACTCAAGACCAAGTGGCTTCGATTATTGAGTCCTTCGTTGAATTAGGTGTCTCGATATATGATTTTCCTGGTACTCCAGAAGCCACCAAGGGAATGATCACCAACTTGCAAAGAAATGTGGATCGCTTGTACAAGCTGAACGTGAGAAGCAACGATCCTCAATCCAGCTTGTCTAAGGTGGACATTCCCTTGGAAGTTGTTCAATACATTGAGGACGGTAGAAATCCAGATATTTACACAAGAGAGTTCGTGGAAGCCATAAGAAGATCCAACCAATATCAAAGAGGCAAGATGCATGGATTGAAGCAATTAAGAGATTCACTTGCTGACAAGATTGTGGATGAATTTCCAGAGTTGAAAGAACCTGTTGAAGATATTATAAAGAGAACATCTCCCATTGACAATGTCTCCAATACTCACTAAT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:878666-882980

TTAGAAACAATCCACGCATCAGCTATGGCAAAGAGCAAAAAAAAAACAGATGTTGTCGATTCAACAAACCTGCCCATTCTAGAATTACTATCATTAAAAGCTCCCATTTTCCAGTCTCTTTTACATCCTGAACTGCCCATTATAATAACTGGCTTTGGTACAGGACATATTGTGTGCCATCGTTATGACCCCGCTAAGTTGCAATCGCACCTAGATCGTAGACGTAGAATTGACACTGCAACTACAGGCAAGGATGCAAAGAAAGGTGTATGCCCTTGGATTAGATTAGATATAGACCTAGAAACTGGAGATTTGAAATTTGTTGATATTGAAGAACAACAGCAACAAAAGCAAACAGGAAAAGATGAAGACTTGGGCGTAAAAACACTTTGGAAGACTAAAAGACATAAAGGTAGTGTCCGTGCCATGTGCTTTGATTCTAAAGGTGACAATATTTTTTCTGTTGGATCGGATAATGTTTTAAAAAAGGCCAATACTATGACCGGCAAAGTCGTCAAAAAGGTAAACTTAAGCTCACTGTTTAATTCTGAAGAGAAAAAAAATGATAAATTTACGAAATTATGCGCCTCTCAAACTCACCCATTCATTTTAATAGGCGATGAATCCGGTAATATACACGTAATAAACTCGGAAAACTTGGCATTATCAAATTCCATTCGTTCGATACATTTTGGCGACTCTATCAACGATATTTTCCACTTTGATAAAAGATCTGCATATAAATTCATTTCTTTGGGCCAGACAACGTTAGCTTATTTTGACGTTCGCGACAAAGATGCCAAACCGAACGTAGCTGGAAACGAGGATGGTAAAATTTTGATCAGCGATGATCAGGAGGACGAAGTTCTTTGTGGTTGTTTCGTCGATCCCGAAGTAGCAGATACCCTTTTGTGTGGGATGGGCGAGGGTATTGTTACCGTCTGGAAACCGAATAAGAATGATTTGGAAGATCAAATGAGCCGTATTAAAATTAGCAAAGATGAAAGTATCGATTGCATTGTTCCTACTTTACAAGATGATAACTGTGTATGGTGTGGTTGTTCCAATGGTAACATTTATAAAGTAAATGCCAAATTGGGAAAAGTCGTCGAGATAAGAAACCACAGTGAATTGGATGAAGTCAGTTTTGTTGATCTAGATTTTGAATACCGTGTTGTTTCTGGTGGTTTGGAAAACATCAAGATATGGGAATTATCGAGTGATGATGTAGAGGAAAATGCATCGGTAGAGTCCGATAGCGACGAACCCCTCTCCCACTCTGATGAGGATCTAAGTGATGACACTAGTTCTGATGATGAAACGACGCTTGTCGGGCTCTCAAAGGAAGAGCTATTAGACGAATTAGATAAGGACCTCAAGGAAGATCATCAAGAGGAAAAAGAATCCAACTCAAAATCTGTCAAAAAAAGAAAAATAATGAAGGAGAACAACAAAAAAAAGGACCTGTATGAGCATGGGATCAAGAAGTTTGATGATTTATAGATTATTTCTTTTTTACTAAGAAAAACATATATCATTTATATTCAGAAATAAATAGGATTATTAACCTAGTGCTCCCAAAAAAAATAAGTTGAACTGTCTCTTTCGAGAAAAAGAAAGAGAAAAGAAATGGTCTCTAGCGGGATCGAACCGCTGATCCCCGCGTTATTAGCACGGTGCCTTAACCAACTGGGCCAAGAGACCATTATATTGTTAAAGATGTTGTATCTCAAAATGGGATACGTCAGTATGACAATACTTCATCCTAAACGTTCATAAAACACATATGAAACAACTTTATAACAAAACGAACAACATGAGGTAAAACCCGGCCTCCCCTAGCTGAACAACTCAAACGTATAAATGCCTGAACAATTAGTTTAGATCCGAGTTTCCGCGCTTCCACCATTTAGTATGATTCATATTTTATATAATATATAGGATAAGTAACATCCCGTGAATCAAGCTGATAAACAGTTTTGACAACTGGTTACTTCCCTAAGACTGTTTATATTAGGATTGTCAAGACACTCCGGTATTACTCGAGCCCGTAATACAACAGTGAGCTATTAAAAGAGCTTAAGTATTACAGAGTAATATCAATCATCAATCTTGGATCTAAAGTAATCGTCGAGACATTTATACACTTAAGTGATTCCTCTTTACAAGCGGAGCTTACTCTATATATTCATTCTTGTCAGTTTCATAACAGTTGTTTCATACGATTTCCACATGTGTCTCATATATATTTTATGTTTAGGTTAATAACTTTGGTAATGCTAAATTATCTTAATTTGACGTACACAAATTCTTCCTACTGTTATATATGTTCGAATTATCTTTTAAATTGTTGCTAAAAAAGTTAGAGTTATCACCAAATCAGTTGAGCAGATCACCATTATTCTTATGTAAATACTTGTTAAAAGAAGTAGCTTTCGCAAATACACCAATGCATTCGTTGATAATTTACGCAGTAACCTCTTACAGAACGCCTACATACAACTTAAACTCGTAATGTTCAGGCTTATAATGTCAGTATGCATTGTTACGCTTAGTATAGTTATTAAACTACGGACCAAATTATACTTTAAGCAGTAGTTAAAGAAAGAGATTAAATAAAGAATGATTTACAATCTAGTCGCAAAAACAAGTACAGTGCTGACGTCCCATCTTTTAATGCCTACTCTTTTGATGTTCACTTACATGTTACAATGAAGCCAAATCACAAACATTCAAATATATTCCATGGCCTCTTAGTTTGGCAACCCAAGACTCGGCATACCATATTGGTAACGCTGTATTGGAGAGATATATTCTAAAATATTGATAATTAATGGCAAAAAGGCAGTATTAATGAAGGTTGAATATGGATCTTAATATAATCGTATAAGAGGGGCATAAAATATACGCCGATTGGTTCAACATTAATTATGATCAATATAACAATGCGTCTGGTAATTACCATAACACTTAATGTAGCAACTCGTATAACAAACGTATCATGCTCAATTAATATAACCTTATCTCTGCTTCAGCACTGTCTGAGCTACTCTTTTAACGTTTCCTTTTGCAATAGGTACCTTCACACTAAAACATATACAATGGGTGCATTTAAATTGTTACCATAGCAACTCATATTACGATTCATTACCACTCATTTCAACACAACAACCTCTTGCTATCAAACTTACTTTTGCTTTTATTGCAGATATCTCGTTATTTCTGCAAAAACAGCATTCATTGGTAATGACAAGGTCAATTTTGGCTTTTATACATTTCACATGTACAGGATAGTGGAACACATTCCAAGGAGGTGAAGAACGTCCCCTTTGATACTTCCATACAAGGACGATTAAAAATACATAAGAGAACAGATCTGCAAAAATGCGTTTTACTTCCTTTACAATCTCAATGCCGATAAATAAGCGCAATGAAGATTACTCAGCAACTGTATGTTGGCTCATGCGAAATATGAATGTTTCATTCGAGATTACTTATCTTGTTTAACGCTTGAACAGCGTACTGTAACTTCTTGCTACAGAATGATGGACCCCATTATAATACTACCGCCTTGCGAATGCGCAATTTATTATGATCATGAACCCTGAGAAATCAAATGAATATTTAAAGTGTATGCAAAATGGACAAGAACATTATGGTAACATTGTCTACGACAGAATTTATTTTCTGACTTTAATAGTGACGGTTATACGAAATTAATGATTCTTCGAGAGGCAACTCACTTTACTGCAAATGGACCTGCAGAGTTTGCATCTAGAGGACAATATGCTGCACAAAAACGACCAATATTTACCTTCAACGAAAACAACCTTAAGAAACCCCTTCAACAACAACGCAGCTATCGTATCGTAGTGGTCTCCATAATGCGTGCACCTCCTTTAGCACTTATCGAGTAATAACATACGCTAGATAAGTAAAGTGTCCAGGATATTATAATTATATGATATTTCGGGAATGGTTTCTATATCTAGTTTTTTAACTTAGCCTAGACATTCGCCTCGTATTATAAAATACATGAAAGTGACTTGACTGCTTCATGAGAGTTATACTAAGAGCATTCATAACTAGAAGACACATTTTAGTTTTTATTACTGAGTAAGGGTTTAGTTTGTACATACAAGGCAACATGAAATTCAAGGTGCTGATGTTCAGTAAAGCCGCCTAGCTTTACGTGCCGAAATATTGATAATATGTCTCAGCCACTTCCTGGCTTAACTATTTAAATGATATTTCTGCATCCATCGGTATGGCGCACAATAAACGGTATCTGAGAATATCGAAAAGAACACCACAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:883225-883570

ACACCGCAAAAAAAATGAGACCCGTTGTATCCACTGGTAAGGCATGGTGTTGTACCGTCCTATCGGCATTTGGTGTAGTAATTCTTTCCGTCATTGCTCATCTCTTCAACACAAACCATGAATCCTTTGTAGGATCAATAAACGATCCTGAAGATGGACCTGCGTATGTTATATTTTCTTATTTATTTCGCCGTTACCCATTTACCATCTCTTATATCTCTCCTCCTTACTAACAATTATATTTTAACCCTATTGTTTATAGTGTTGCACATACTGTTTATTTGGCTGCCTTGGTATACCTCGTGTTTTTCGTATTCTGTGGGTTCCAAGTTTACCTAGCCAGAAG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:883743-887860

TATAAATATATACATTTATATATGAATTCTAATCAATAAAAGTCACAGTAACCAGCTTTTCCTAGCTTTTCGAAGTTTCGGAAGTATGACAAAATATGAGCGTGACCCTGAATTGGTGAACTTTCTATCGAAAGTGGAGGATTTGAACTCTAAGAGATACAGTAATATTCCTAGTTCAAAACCAGCGGGGGAAGCGCTTTCACCAGTTAGAAGTCACAACTCTGGGGAATACAGAAGGGCTGATATGATGACAGGGAAAAATGTGGAAGGTTGCGACAATTTGGCCTACCGATCTGCGTACAATTATGAAATGACGTTTTCTCCAAAGAAGACTCATTACTCATTAAGTGAGCTGAATCTCGAACGAATAACGCCAAGGCCGGATTTGGAGGGAAGTGCCTCTCAAAAAGAAAAAAAATTTTTAATTTCTGAAGAAGATTATTTATTATTGCAGAAATTGAAAGCCTCTCAAACATATAATGATTCCAATGCTGACAAAAATTTGCCTTCCTTTGAAAAAGGTCCTCGTATGCCCAGTCGGGGTCGACCCAGACCGAGAGAGAAGGAAATAATCACCATCCAATATGATTTTGAATTACCAGGAAGAGCCGATATACCCTCCTCCTCCTCTTCTTCATCACCACCGCCTTTGCCCACAAGGCGTGATCATATCAAAATCACAGATGGGAATGAAGAGAAACCGCTTCTTCCAACAAGGCCTAACAAAGCAGAAGTTACAGAAAGTCCGTCATCAAGGTCAATAAAACCGGATGCTGTGGTACCTGAGCGCGTTAAGCCTGCTCCACCTGTCTCACGCTCTACAAAACCGGCGAGCTTTTTAAGTTCTTTGGAAGATAACAAATTGACAAAGGCGAAGAGTTATAATTCGGAAATGGAAACTCCCAAAACAACTGTAAAAAGTTCTCATATCGATTACTTGGATTCCATACAACTAAAACCAACCACCTTATCTCCTACAATGAAAAATAAACCTAAACCAACCCCTCCTTCTCCACCTGCGAAAAGAATTCCAAGATCTGAAAGTTTTATCAAGTCTATGCTAAACTCGAATCTCACGACAACTTCCAAGCCTTCTTTGCCTGAAAAACCTCAAAAGCTACGGAATGCAAATTTGGCCGCCCATAAGACCAAACCAAGCATACCGCCAAAGAAAGTGGAGTTGAATATAGTATTACCTGAGCTACGTCCCGTAGAAACTTCTCCAACAAAGCAGAACTTCGAAAACTCAATCGATTTGCCCAAGTTACGATCCAGCAACCGTAACATTAAAAAAGAAGAGGAGGACAGTATTCCAGAAGCAATAAAAGGTATACAAAATCTGAAGAAAACCAAACAGCAGAAGCCTGCAATCCCTCAGAAAAAATCATTTCTAACAAATAATTCGAAAAATACTACACTCAAAAATGGTGATGATATTAACAAGTTAAATGACGAAATTGAAGCTCTATCATTGCGGAATAACCTGAAGAAACGGCCACCAACGGCGCCACAACGTAAAATTTCTTTGCCAGAGGCATTGCGAAAAGTCGAATTGATGAAAAAATCTAAAACCGAGCCTGTTTTAGAGTCCTCAAACGAACTGAGCATAAACGCAAAATTAGACGCAATAATTGCCTCTAGAAACTTAAGAGCATCTAATACTCTACCAGAACTTAGCGGTGTTAACACTAATATTGCAACTTCTGACAAGTATACTACTTCTAGAGATGAAACAGTGAAGGAAACTAAACCATTAGTTCACCCGAATAAAAATAGGACTCGTGGTCCCAGAAGAAAACTTCCAACACGCGTGTAACTACAGAGTAGACCTCCGTATTTTACACATGTATGTACGTACATATGATGTAACAATAATATGATAATTTAATGGGATACATGTATTATCGTCACTTCCCACGTTTGCGCTTTGACATTTGCTCCCCTTATGAACCTGAAGGAATATAAATCATCGATCTTTTTGCTACACTTTTCCTCCCTTATTAGAAAATAGCAGTAAAATTACAGGCTATTCAAACCCTGAAACATCTCAATTATGGCTTGGACTAGTACATTACCAGCGCATCTACTGAACCTGATCAAAAACTCCAAATATGTTCACGTGGCCACCTGTTCTAAAGACTGCATCCCTTCAGTGGCATTGATGAACTATATCTATGTGCCAGGTGAAAAACTGTTCGGTCAAACAGATAATAAGAATGACTACATTATATTTGTTTCTCCTCAGGACACACAAAAGTTTTACAACATCAAGGAGAACCCTAAGGTCGCCCTGTTGTTTCACGATTGGATCATCGCGAATAATTTGTCAGTGGGCAAGGAAAGCATCTCTGGGACTCCGACGCCGACTTCTATTCCTCATGAAGAGCAACGTCAAAGCGAGCTTTTAAATTTGTTACAGGAGTTAAATCAAGCCGAATTGAACCAAATGAGCGCATCTATTGGTGGCGAAACCGAAATTGTCAATCCTGAAAGTGAAGAATCCAAGTACTATAAAGATTTAATACTAAAGGCTAATCCTGATGCGAAAGCTTTTATATTTGAAAAGAACACCGCCGTTGTTAAAGTTAGAATTGATAATGCTAGGGTATCCAATAATGAGAACAGAACAATGTTTCTAAGTAAAGGGAAGAGTTAACTGTCCTCTGCTTTTCTTTATCTATTTTGCATACGATTCTGTATTTAATTATTCTGTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTTTATTTTCATGTACACAAGAAATCTACATTAGCACGTTAATCAATTGACTAGTTACCTTCTTGACCAAAATCTCTAGTGAACTGTTCTTGCTTCAGCAAGTCATCCTCATTCACGGTAGGTCTCGTCGATTTGATAGCCTTTAAGAAATCCTTTATGGTGAGATCTGGTTCTTTTAATTCATCAGCTTCAATATCCGTCCAACTCATCTCGATGGCGCCATCATCACCTGGAGAGCATGGTGTTAGTTTTCTTGTTTCGTCGTCCTCCGTAGAGACATCTTTGAAATGTGTCGCGCTTTGAATTTTTCTTATCGGTTGCATTAGCGCATCTTTCACCACTACAGCAATATCACTCCCGGAATAACCTTCAGTCATTGCACCTAAAGTTCTATAATCTTCCTTGGTCAATACGCATGGAGTGTCGCCGACGTTAATCTCGAACATGGTGGTTCTTGCCGCCAAATCTGGTAATGGTATATATATTCTTCTTTCAAATCTTCTCCTGATGGCACTGTCCAGTTGCCATGGGATATTTGTTGCGCCAAGGACCAAAACACCTTGGGAGTCATTCCCAACACCATTCATTTGTACCAATAATTCTGTTTTAATTCTTCTACTTGCTTCGCTCTCTCCTTCTCCTCTGGTACCTGTTAGCGCATCCACTTCATCTATAAAAATAATAGAAGGTTTATTTTCTCTTGCCATCGCAAATAACTGTTTGACAAGTTTTTCAGATTCACCCATCCACTTAGAAACCAAATCACTGGAACTAACACTGAAAAAGGTAGAATTGGCCTCGGTGGCCACTGCTTTTGCCAAATATGATTTACCTGTACCTGGTGGTCCGTACAATAAGATTCCCGAAGTGGGCTTACGGTTACCTTTGAACAAATGTGGGAACTTGACAGGTAAAATAACGGCTTCTTTAAGGGCCTCTTTGGCTCCTTCCAGTCCAGCCACGTCTTCCCACTTAACATTGGGCTTCTCAGACAAAATAGCACTCGATAAGGCACCTCTTAGCTTTTTGTTGTCTTCTCCACCATTATCCTCACCCTCTTCCTGAGAGATTTTCTTATTACCACCGTTGGAACCACTACCAGCGCTAGGAGATTTCTTTGCCGCGTTTGCCTCTTCACTTTCCAAGTGCTTTTTCAACTGCTCTGCACGGTTTAGATACTCTGTAAACTTCGCTCTTATCAAATCCTTCGACTTAGGGTTTTTCTCGTATTTCAAAGCCAACATCAAATAATCTAATCCGTTATAGTATGCTGTATACGCCTCCTCATACTGCGTGGCTGTGTCCAGGTCAATGGCCTTTTGAACCAGTTCTATTCCCTTAGTTAAAAAATCTCCCGTGCTCATTTGTACCCCATCTACTATAGGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:888064-888725

ATCCTCAGTCGGAGATTCTCTGAGAATGTTCGTTTGAGGAAGCTTAGGATACTTGGCGTAGAAGTTGGGGCCCTTTGGGGGCTGTAGGGAAGAAACTGGTCGTTGGCGCGACTGGAGTGGCGACATGTGAATCGGACTTGAAGTCACTAACGGGTTTACTGCTCTTACTGGCGAAGGTGGTAAATTTTCTGTCGGTTTGAGGTTGTCTCGCTCAATATTTTTCATGTCTCGACGAGACTCCAGGTATCTTTGATCGATGTTTGCGTCGTCCAACACCGACTGCAACAGATGACACTTTTCCTTGACAAATTGTAGTTCCTTTTGTGTAGAGTGCAGCTGCTGCCGCAATTGCGCAAACTTTGCTTGCCATTGTAGAGGCACACAATCCTGAGAATTTTTAGACAATGGGACAACGCTTTCTTCTTCCTCATCTGCGGGAGACCCCCATACAAACGCTTGGATCTTGGCAAGAGTCTTAGCAATATTGAATCCAAACGCGTGTTGTTGAGCCCTCTTTTTGGAGATATTCTTGTAGTTTTTAGAACGTGTCCTTTGTGAAGCGTGTCTAACATGATTTCTTTCGCGAGGCACAACCACCAATTTGCGCTCTTTTCGTATCCCCAATGTCTTTTCCTGAATTCCCATTGTGATCTTCAATGCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:888953-892092

CTAGAAGCGTCTATGTGTGAAATGTTTGGCTCTGGGAATGTTCTGCCTGTTAAAATTCAGCCTCCGCTGCTTAGGCCACTGGCGTATAGAGTTTTATCAAGAAAATATGGTTTATCAATTAAATCTGATGGACTGTCTGCTCTTGCAGAATTCGTTGGCACTAATATAGGTGCTAACTGGAGACAAGGGCCTGCTACAATAAAATTTCTCGAGCAATTTGCTGCAGTATGGAAACAACAAGAAAGAGGCCTTTTCATCGACCAGAGCGGGGTTAAAGAAGTTATACAGGAGATGAAAGAACGTGAGAAAGTCGAATGGAGTCATGAACACCCTATTCAACATGAGGAGAATATCTTGGGACGGACAGATGACGATGAGAACAACAGTGACGATGAAATGCCGATCGCTGCTGATTCATCCTTACAAAATGTTTCATTATCTTCACCCATGCGACAGCCCACCGAAAGAGATGAATATAAACAGCCTTTCAAGCCAGAAAGCTCCAAGGCGTTGGACTGGAGGGACTACTTCAAAGTTATCAATGCTTCTCAGCAACAAAGATTCTCATACAATCCGCACAAAATGCAATTTATTTTCGTCCCCAATAAAAAGCAGAATGGGCTAGGAGGCATTGCGGGTTTTCTACCAGATATAGAGGACAAAGTTCAAATGTTCTTGACAAGATATTACCTCACGAACGACAGAGTCATGAGAAATGAAAACTTCCAAAACAGTGACATGTTTAATCCATTATCATCTATGGTGTCTTTACAAAATGAACTGTCCAATACTAACCGACAGCAGCAATCCAGCAGTATGAGTATCACCCCAATAAAAAACCTACTAGGTAGGGATGCTCAAAACTTTCTACTATTGGGGCTCTTAAATAAGAACTTTAAGGGCAATTGGTCACTGGAAGATCCGTCTGGATCTGTCGAAATTGACATTTCCCAAACTATCCCTACACAAGGCCATTACTACGTGCCAGGTTGCATGGTTCTTGTGGAAGGAATATACTATTCTGTAGGAAATAAATTCCATGTTACCTCCATGACTTTACCCCCTGGTGAGAGAAGAGAAATTACATTAGAAACGATAGGTAATCTCGATCTCTTAGGAATACATGGCATTTCTAATAACAATTTCATTGCTCGTTTGGATAAAGATTTGAAGATTAGATTACACCTTTTGGAGAAAGAATTAACAGATCATAAATTTGTAATTCTCGGCGCAAATTTGTTCCTAGATGATTTGAAAATTATGACTGCACTCAGCAAAATTTTGCAAAAATTAAATGATGACCCACCGACCCTATTAATTTGGCAAGGTTCTTTCACTTCAGTTCCCGTTTTCGCATCAATGAGTAGCCGGAATATAAGTAGTTCCACTCAATTTAAGAATAATTTCGATGCCTTGGCGACGCTTCTGTCAAGATTTGACAATTTGACCGAAAATACCACAATGATATTTATTCCAGGTCCTAACGATTTATGGGGGTCGATGGTGTCATTGGGGGCAAGTGGGACATTACCGCAAGATCCAATTCCTAGTGCGTTTACCAAAAAAATCAACAAGGTCTGTAAAAACGTTGTATGGAGCTCAAATCCAACTAGAATAGCATACTTATCCCAAGAAATAGTCATTTTCAGGGACGATTTATCCGGAAGATTCAAAAGACACCGTTTGGAATTCCCATTCAACGAGAGCGAAGATGTTTATACTGAAAACGATAACATGATGTCTAAAGACACCGATATTGTACCAATCGATGAATTAGTTAAAGAACCAGACCAGTTACCACAAAAGGTTCAAGAAACAAGAAAACTCGTTAAAACAATACTAGACCAGGGTCATTTATCGCCATTTCTTGATTCCTTGCGCCCAATTTCATGGGATTTGGACCACACTTTGACACTTTGCCCAATACCATCGACAATGGTTCTTTGCGACACTACTTCTGCACAATTTGATTTGACATACAACGGTTGTAAAGTAATTAACCCTGGAAGTTTCATTCATAATAGACGTGCTAGGTATATGGAGTACGTTCCATCCTCAAAGAAAACTATACAAGAAGAGATATATATCTAAATAATGCATCAAAATAAGAACACTTAAACAAGCACGGTAGTGTTGGTACTCTGCCATCTATTTGTATGGATACTTTTTGAATTTTGATGTAACGGATTTCGGCATACAATATATGGGATCTATGGGGACTAAATTGTCGTATCCCATTAAACTTAAACCAGCAACACCAAAAACTGTATGGAAGACATCCACTTCATTTTCAGGCCTGTCGCTTATTCCACCCTTCTTCTCATCTTGACATTTGAGTATAAACTCAGTTAGCTTCTCATAATTTATCCAATCTAGTCTACCAATAATAGCTAATGAAGATAAAACCCACCAACTATAGCAAACATCGGGCAGTTTACTTGGCCTACCGTTTAGTCCACCTTCTGGTAATTGTCGTTCGCAAAGCCACCACCCAATTTCTTCTAGTTGGTCGTCACTAAGCATATCCAATTTGTTAGCAATTGCCAAAGCGCCAAGACAGGTAAAAGCTTGAGCTGCATGGGATTCAGCATTAGGACATAATCCAAAGCCACCATCAAAATTATAACACTTGAGTACAAAGTCTACAGCAGGGTCAACAACTTCAGACGTTAATTCACCCAAAATTGATAGTGCACTCAAGGCTGTATAAACAAACCTTGTATCTACCTCCCCAAACCTGTCACCCTGGAACGAACCATCTTCCAATTGATTCCCACGGATGAAGGAAATCAAGCGAACCTTACGATCTTTTCCAAGAACATCCAAAGCATCATAAGTGGCCAAGATCTGTACGGCGGACAATGTAGTTAATAAATGTGCATCATGTCTTGGAAATGGTGCGAAAGCGCCGTATTTGTCGTCCCAACAGCTCAGAACAAATGATATAACCTCTTCTTTCACAAATGTCTCTGGAGAATCAAGCACACACAAGGCAGTAAGTCCCCAATATATCCCATTCAAACGAAGATGCTCGGTAAGCCAGTATTCAAAATTATGCTTCTTTGTATCCAATGATTCAATATAACGTATATGCTTTTCCTTAAGTAGCGTAAGAGATCCTGACATGTTCACAATTTTCT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:892330-895832

ATATGAGTAAATATATTGCACTTGAAAATCTTCCGGTAGATTTGCAACATAAAGGAGCTACACAAAATGAAAGCACCGCTGATATACTGAAACAGTTGCCACATGAACGATTACAAGCTGTCCTGGAGAAGATACCAGAAGAAGATCTTGAGGTGAGACGATTGCTTTCAATTTTAAAGAAGCCGGAAGTAGTGGAGAATGAAGATGTACAACAAAGAAGAATACGGTTGGCTGAAATTTTAATGGTTGATGAAATTGATCTTGAGAACATTAATAACATGGAAAACATAAATGGGGAAGAAGTAGACGAAGAGGACGATGAGGACTTCTTCACTCCAGCAACATCTGAGCTCATTTTTGCGAGAAGATTTTTGATAAATTATTCACTTGAAAGATCTCGAAAGAGGCTACAGAAAGAGATGGAAAGACATCAAAAGTTCAATACAAGACAGGAATTACTCAGTCGGCGTACAGAATTACAGCGTATGGCTAATTTAGAGCTTGCTGGCTCTCAATTAGTATCTACGAAGCCTATTTCCGCAGTTTCTTTATCTACCGATGACATGGTTGTCGCAACGGGAAGCTGGGCAGGTGATCTTCAGGTATTAAATTCTCAAACACTGCAGCCATTGACACAAAAACTCGACTCTCATGTAGGGAAAATCGGAGCTATAGATTGGCATCCTGATTCAAACAATCAAATGATTTCATGCGCAGAAGACGGGCTCATCAAAAACTTTCAATACTCAAACGAAGAGGGCGGCCTTCGATTATTGGGAGATCTTGTGGGACATGAAAGACGTATTTCTGATGTGAAATACCACCCTAGTGGCAAATTTATAGGTAGTGCCTCTCATGATATGACTTGGAGACTTTGGGATGCGTCAACACATCAAGAACTGCTGCTACAAGAAGGCCATGATAAGGGAGTGTTTAGTCTGTCTTTTCAATGCGATGGATCTCTTGTTTGTAGCGGTGGCATGGACTCGCTTTCAATGCTATGGGATATAAGATCCGGAAGTAAGGTGATGACACTCGCAGGACACTCAAAGCCTATTTACACCGTAGCTTGGTCACCAAACGGGTATCAAGTAGCCACTGGTGGTGGTGATGGAATCATTAATGTTTGGGACATCAGAAAACGGGATGAAGGCCAACTAAATCAAATATTGGCGCATCGTAACATCGTTACGCAGGTAAGGTTTTCAAAGGAAGACGGCGGAAAGAAACTTGTCTCTTGTGGCTATGATAATTTGATCAATGTGTATAGTAGTGATACGTGGTTAAAAATGGGAAGTTTAGCAGGCCACACTGATAAAATTATTAGCTTGGATATTTCGAATAATTCTCATTTTTTAGTGAGCGGCGGATGGGATAGGTCTATCAAGCTCTGGAATTGATTGTGTAAAGAAATGTATTTAGTATTTTTGAAACTAACGTTTTATTAACACTGCATTATTTATTTAATTATACATTTCCTGGTTTTTTTGCCCTGGATTTTTTTTTTGTGTTACCATTTTGAGTACGAACTCGTGGAATTGTTAAGTTTTCCAAGTTGTCCATCGTCTTCGATAACTGTCCCACTAACTCCTCGTTTAGATCATTCTCAAGCTTTAATTCCTTTTTCAAAAAGCCAATTTTCTCATTCAATTCTTTTGTAGAGATTTCAGACTTTTCGAATTTCAATTTCAACTCACTTTCTAATCCATTTTGTTTCTCATTAAGTTTGTGTGTCTCCTCCTCATTTTCCCTTATAGCATCAACGGCTCTTTTGATTTCTTGTTCCATATATTTCTTCTCAGTATCCCTTGATACACTTACCCTTTCTTCTTTCTCGATCTCGTCTTGTACATTGTCTGTTTTAACGAAAGCGTCTTTTAACTTTGATAATGTTTCACCTTGGGCCATCAAACTTCCCTTTAAAGTTTCAATGTCTTTTTCCAGTGTTTCGATTTGGGAAAACTTCAAATTGTTTTCAACTTCTAGTTCATGCGACCTATTTAAGTTTTCATTATTGGTTCGCAATACGGTTTCATATTCTTTTATAATTTTCTCATCTTCATTTGAGAAAAATTTCAGATGATCATTTTGCAAATCATCAAGGCAAGAATAATCATCCAGCTCCTGTTTCTGAACGCAAATATCCATATACACTTCTCCCATTGATTGAATCAGTTTGTGTGTTATGATTCCACTTGATAAGTGGTAATTTACATTCGAGGAGTTGTCAGCTGTAGTAATACCTGTTAGTTGTGTCATGTCTTGTTTTAAAGGATTTGTATAATAATCGTTCTTTAATCTTTTGGTAGAGTAAAAACTTGGAGTAATATTATCCTCAATTCCGGCAACAGTTGAAGATGCTGCCTTATTAGCACCATGGCGTCCTCTTTTTTTGGAACAGTTGGAAAAAGCATCCTCTAGTTGATCATCTGACTTTTTGAAATGTACTTCCGTTAACAAAGACCTTTCTACATCCATGGAAGTATATTGTTTTAAAGGGTAAATATCTGGTAATGGCCACGGTACTGTTGGGTTTTCCAACCATTCTACTAAATAATGCAGCTTTTGTGAATAAATGGGCCTCAAATCAGGTGGAAGTGTGCCCAGTCGATCTCTTAAAATTACCATAGCTGCGGTAACGTTCTCCAAGTATTCTCTACTGTTCTTGTCAAATTTTTTACCAAAGAATAACCTACAATGATCAATTGAATTAATGGCCACTAGCCTAACAATTGGAGCATATCTTTCTAAACCCTTCCTCTCCCTCTTATATTGCAACAAATATTGAATATCTTTTTGACTTGTATCCACTGTAGTATCTAAGCAGATCAGCATGTCGAATCGAGCCTTGGATTTTATCGGATATTTTGTGAAATTAATTCCTTCAGAAGAAAACAAATGAACTGTACACGAGAAGTCATTTGCCTTTTGTTTTGACTTGATAGAATGACCGTCATATCTTTTGATATGCACCTTATTTCCCAATAGTAAGGCTTCCAGTAAGTCCATTGTTCTCCCAGGTCTACAAACAATGGCCGTTTCAGTTTCATATTCTTGAACAAGATTTATGAGATCTCTCAAAACGCTGAACTTTCCACTATTTTCCGCTAAATGTGCAGGAACATCACGAGTTATTAACGATTTAGGCATATAATGATCTATTAGTAGGTATGGATGGGTTGCTACCAGTGAACCATTTAAACACATGGTCTTCATAGATTCGAGAATGACGTCCTCTTTGTAGTGTGACGTTTCGAAGTATCTCAAGATATCTGAGTAGTGTAATGATACTATTTGATCCGTGAGTTCTTTTTGATAAAGCGACATTGTAGTTGGCAGCCAATAATCACCGGAAGTATTTCCTGAGATTCCCAGAGTAGTAGCATCAACAATTGTAGGTATTGGTTTCGTGTCTAAAATGCGTAGTAAATCCATACTAAAGGGCAATTAGTTTGTGCTTCTAACTTTCCTTTTTATCATTTTTATAGTCTAAAGTATTTCTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:895933-899723

ACAAACTGAGTGGATTAAATCAGTAACTATGGATATGAAAGTAGAAAAATTAAGTGAAGATGAAATTGCACTGTATGATAGACAGATTCGTCTATGGGGAATGACAGCACAGGCCAATATGAGATCAGCAAAAGTATTGCTGATCAATCTTGGAGCAATTGGTTCTGAAATTACCAAAAGTATCGTCCTTAGTGGTATAGGGCATTTAACCATATTGGATGGACACATGGTGACTGAAGAAGATTTAGGATCCCAGTTCTTCATAGGCTCTGAAGATGTTGGCCAATGGAAGATTGATGCAACAAAAGAGAGAATTCAAGACTTGAACCCCCGTATAGAGTTGAACTTTGATAAGCAGGATTTGCAAGAAAAGGACGAAGAGTTCTTTCAGCAGTTTGATTTAGTCGTGGCTACAGAAATGCAGATTGATGAAGCAATCAAAATTAACACATTAACTCGAAAACTAAACATTCCATTATATGTTGCTGGTTCTAATGGATTGTTCGCTTATGTTTTTATTGATTTGATTGAATTCATTTCAGAGGATGAAAAATTGCAAAGTGTAAGACCTACCACCGTTGGTCCCATTTCAAGCAATAGGAGCATTATAGAAGTTACTACTAGAAAAGATGAAGAAGATGAAAAAAAAACATATGAACGAATCAAGACCAAGAACTGCTATAGGCCACTGAACGAAGTTTTAAGCACAGCAACATTAAAGGAAAAAATGACGCAAAGACAGTTAAAAAGAGTCACTAGTATCTTGCCGTTAACCCTGTCCTTATTGCAATATGGTCTCAACCAAAAGGGCAAGGCCATAAGCTTTGAACAAATGAAAAGAGATGCGGCCGTATGGTGTGAAAATCTGGGTGTACCAGCAACAGTGGTAAAGGACGATTACATACAACAGTTTATCAAACAGAAAGGTATCGAGTTTGCTCCTGTCGCGGCCATTATAGGGGGTGCTGTAGCGCAGGATGTCATTAACATTCTAGGTAAAAGGCTATCTCCATTAAATAATTTCATTGTTTTTGATGGTATTACATTAGACATGCCACTTTTTGAGTTTTAGATATATACATACCTACTATACTGTAGTTTCAGCCAAAAAAAATAATAAAAAAAGCATAATTGGAGGCAGTAAAGCATTATAGTCATACACAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAGTAGTAGTAGTAATGGTAATAAAAAAGTTAGAAAAGAAATTAGATACAGATATTCGTAGTAAAGGCCACGCAGTACAAAAAAGACGGAGAATATATTATATAAAATCCTCTACTCTTTTCGTTCAGGTCCAAAGGAAAATTCTTGCACGCGCAATGGACTGAACAGGCCTTATATTATACAAAAAGCCTAATAACGATCAAATAAAACAAAAGAAAGCCGTTGCTCCTATGCCTGACCAGAGACGGCTACTTGTTGTAAGTGAGTCATGAAATTTTGTAAGGAAACATCATCTGTTAAGACAATTGTAGATCCTCCGCGCGCCATGTCTTGATAGTTATCGGAAGGATTCAATTTAGATAACAAGAATCTGGCTTGAGAACCACCGGCTTCAGTATCAATGAATCTTGGTAGCGGGAACCTATCTACTAACAATTCTGCGGCTTCTAATTTTGGCTCTTCAAGAAGAGCTTTGAAATCTGCGTACTGTGGATCGTCTTGGTAACCGGCTTTTCTCCATTGAGCGATTTGCTCACCGTGGTATATTAAGATGAAGAAAAATGTATCTAATAATAGAATGGTATTGGGTTTGACGGAGATAGAGTCTAATAATACCGGTTGTGGATCGTCCTCCATTGAGAAAGAAGTTAGAGTTGGTTGAATCATGATTAAAGAATTAGTCGTATCCTCTCTTGTGAAAATATGTCTATAAAATGCAGTTTCATCCGGAGAATTGTTAAAGACACTTAAGAATTGGGATCTTCTTAAATAATAGGTAAATTGAGGATACAGTGAGAAATTTGGAGCCAACCTGAAAGATTGAGGATCATCTTTATTATAGTCGGCGTACTTTTGACATAGCTTAATCAAAGTTCTGTCTAACCATCTAATAACATCTGCACCATCATCGGTTTCAGCCTTGTGAACAGCAATACGAGCCATCAAAACGGCAGCAGCTTCTTGATCGAAAGAAGCTGCAATGGCAGGAGTACCGAAGGGCAAAAGCTGGTTTGCGACCGTGGTGACTCTGATACGGTTGGTACCAGAGGAGTGTTGATAAGTAGTGATGAATTGAGTATATGCTAGATGAGGTCTATCTGCTGAACCAGGGGCAGACATCATTGGGTTAGAATTAGCCGCAGTGTTTGCAATTTCAAAGAAAATCGCATACGAGTGATAAGGCGATAAGGAAGCCATCTTCCAGGTGGACGTTGCACCTATACCGATTTCAGATTCACTGATGTTGTTAGCGTCTGTCTTCTTTACAGCAGAAGCATGCCCAATCAAACCTTGTACCTTCAAGTCTTTACTTGTCTTGACTGCCATATTACCATTGAAAGCCATCTTCAAATACCCTTCTTCATCCTTGGCAAACAATCTCAAGTATGATTGCTTAAAAATCGCGGTAGAGAAGGCATCGGTTAGCAACAACACACCTCCAGTAGAGTCGGTCAACTGTTTCATTTCAGACATACCGATTTGATCGTAACAACCGGCAAAAATATCAACAGTGTGTCCATTGGCGGCAACTCTTTGTGCAATCTGGTTGTAAAACTTACAGGCCTTCTTGTAATGTTGCGCGTGATCAGAATCGATGTCGTGGTGGGATCTTAAGGGATCTTTTAACTCTGAGTTAACAATCAAACCTGGGGCCACGGTGCCTGGACCGGAGGCGAAAAGAATGATTCTTGCTGGGATGTTCTTATAGCAGCCCTGTAAAAGCAAAGATGCAATGTTCAAAGCGGAACCTGTGGCCCTTAATGGCCTATGACCCGCTGGAACAGACCATTGGTCTGGAGACAGATTTTCCAGTAATTGATTCAGTTTGAACTCGACCTGTTCCAAGGGCAGGAAGAACCTATTCAAAGAGAAGGGCGTAACTTTGTTCATGGCGTTCGGTAGATGAGATGCAGCACCGCCGGGGCCGGTAGGCTTTTGGCCGGTCAACATTTCCGTCAACGCTTCGAGCTGGTACTCCCTGTCTCCTCTGAACACGTTGCACCTGTCAATAGTTTCGCTGGACAGATCGTGCAATTGAACAACGTTTCCGTAAGTGATCAACCCAATCAGCGCGTTGGGAGGTAATAGAGACAAAGAAGTGATGATAGACTCCTTTAGCGAATCGAGGTTCTCGGTTTCCGAAGTCAAATCCACAACAAAGAAGAAAATGGGAGGAACGGTAACGGGCTTATTGGTGATGTACTCAATGGTGGTGGACTGTAACTCTAGCGGCATATTCTCCTGTGACAAGTTGGTGTACTGTGGAGGTAAATGGTTCCTGGAGTTACAGATGGGACAACTCCAGGACGAATTGCGCGGATCAATCACACAGTAAGGATTTAGAATCGACTTACAGTGTGGACCGGAACACACAACTGGATTGTATGGGGCAACGTTCAATTCGTCATACTCCTTCAAAGGTGTGTACAAACAGCCCACAGGGACGACGTTGCTGTTAGCGTCGCTTCTAGTAGAGGGAAACACGTTCCAGGTGAAACGGACCCCGTTGATGTCTTCATTAGTCTCGAAGTCCATGGCTAGAAAAGAGGAAGGGGAGGCAGGCGACAGACAGATAAACACTGGCTTCAGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:900168-900465

ACACTACGTCACAACACAACAAGACAATGAGCGAGAGCAGTGATATCAGCGCGATGCAGCCGGTGAACCCGAAGCCGTTCCTCAAAGGCCTGGTCAACCATCGTGTAGGCGTCAAGCTTAAGTTCAACAGCACCGAATATAGAGGTACGCTCGTGTCCACGGACAACTACTTTAACCTGCAGCTGAACGAAGCAGAAGAGTTTGTTGCGGGTGTCTCGCACGGCACCCTGGGCGAGATATTCATCCGCTGCAATAACGTGCTGTACATCAGGGAGCTGCCGAACTAAGACGACTGTGC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:900692-901581

ATATAGACCGCTATTGTAATAACGCTATCGCTTCAATTACACACAAACATACACGCACCCACAATGAGCATCGAATACTCTGTTATCGTTCCCGCTTACCATGAAAAGCTGAACATCAAACCCTTAACAACCAGATTGTTTGCCGGCATGAGCCCTGAAATGGCCAAGAAGACCGAGTTGATCTTTGTCGATGACAACTCACAGGATGGCTCCGTTGAGGAGGTGGACGCCCTAGCTCACCAAGGCTACAACGTCCGCATCATCGTCAGGACAAATGAACGTGGTCTATCCTCCGCCGTGCTTAAGGGTTTCTACGAGGCCAAGGGTCAGTACCTGGTATGCATGGACGCAGACCTACAACACCCTCCAGAGACCGTGCCCAAGTTGTTCGAGTCTTTGCACGATCACGCCTTTACTCTGGGCACCAGATATGCCCCAGGTGTCGGCATTGACAAGGACTGGCCTATGTACAGACGCGTCATTTCCTCCACTGCTAGAATGATGGCCAGACCTTTGACCATCGCCTCCGACCCCATGAGCGGGTTCTTCGGTCTACAAAAGAAGTACCTCGAAAACTGCAACCCTAGGGACATCAACTCGCAAGGTTTCAAGATTGCCCTCGAGCTTCTCGCCAAGCTTCCTCTTCCAAGAGACCCTAGAGTGGCGATCGGCGAAGTGCCATTCACTTTCGGCGTGAGAACGGAAGGTGAATCCAAACTGTCAGGTAAAGTCATTATCCAATACTTGCAACAACTTAAGGAGCTCTACGTCTTCAAGTTTGGCGCCAATAACCTTATCCTTTTCATTACTTTCTGGTCCATTCTGTTCTTCTACGTTTGCTACCAGCTATACCATTTGGTCTTTTAAAGGAAGTGAATGGTAACGAAAAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:901941-906729

GTATATTACACACTGTACTTGAAGTCACTCATATCCGAATACTACTTCTCTTAACTTCCAGTCAACCCGACACCCACAATCGTCCTTAGTATATAACTGCTTTATGAATAGATCATTACTGCTACGTTTGTCGGATACCGGTGAACCCATTACAAGCTGCTCTTACGGAAAAGGTGTCTTGACGCTACCACCAATTCCGCTCCCTAAGGACGCCCCAAAGGACCAACCGCTCTATACGGTCAAGCTACTGGTATCTGCAGGTTCCCCTGTCGCTAGGGATGGGCTAGTTTGGACTAATTGCCCACCAGATCACAACACGCCCTTCAAGAGGGACAAATTTTACAAAAAAATCATTCATTCCAGCTTTCACGAGGATGACTGCATTGACCTGAATGTCTACGCTCCAGGCTCGTACTGCTTTTATCTATCTTTCAGGAACGATAACGAAAAACTTGAGACAACAAGGAAATACTACTTTGTTGCCTTGCCCATGCTTTATATAAACGATCAGTTCCTACCTTTGAATTCCATCGCTTTACAAAGTGTTGTATCGAAATGGCTGGGCTCTGACTGGGAGCCCATCCTATCGAAAATTGCCGCTAAAAACTACAATATGGTACATTTCACCCCTCTACAGGAAAGAGGCGAGTCTAACTCGCCTTACTCTATATACGACCAATTGCAGTTCGACCAGGAACACTTTAAGTCTCCTGAAGACGTGAAAAATTTAGTTGAGCATATACATCGCGATTTAAACATGCTTTCATTAACAGATATTGTTTTTAACCACACAGCTAATAATTCTCCTTGGTTAGTTGAGCACCCGGAGGCTGGGTATAACCACATCACTGCGCCACATCTAATCAGCGCCATAGAGCTCGACCAAGAATTGCTCAATTTTAGTAGGAATTTGAAATCCTGGGGCTATCCTACCGAACTGAAAAATATAGAAGATCTCTTCAAGATCATGGACGGTATTAAAGTGCATGTTTTAGGGTCGTTGAAACTGTGGGAATATTATGCGGTAAACGTGCAAACAGCTCTTCGGGATATCAAAGCCCATTGGAATGACGAATCTAACGAAAGTTACAGTTTTCCCGAGAATATTAAAGACATCTCGTCCGATTTCGTAAAACTAGCTTCCTTTGTGAAGGACAACGTCACTGAGCCTAACTTCGGCACTCTTGGTGAAAGAAACTCAAACAGGATTAACGTGCCAAAATTTATTCAACTACTGAAGCTCATTAACGATGGTGGTAGTGATGACAGTGAATCTTCGTTGGCCACGGCTCAAAACATCTTGAACGAGGTCAACTTACCCTTATATAGAGAATACGACGATGATGTCAGTGAGATACTCGAGCAACTGTTCAATCGTATCAAATATTTGAGATTAGATGACGGTGGGCCCAAGCAAGGTCCAGTGACCGTTGACGTGCCCTTAACAGAGCCTTATTTTACGAGGTTCAAAGGAAAAGATGGTACTGATTATGCCCTCGCCAACAATGGCTGGATATGGAATGGTAACCCACTAGTGGATTTTGCATCGCAGAATTCAAGAGCTTATTTACGTAGAGAAGTTATCGTGTGGGGGGACTGTGTCAAGTTAAGATACGGTAAAAGCCCTGAAGACTCTCCGTATCTGTGGGAAAGAATGTCCAAGTATATAGAAATGAACGCCAAGATATTTGACGGGTTCAGAATTGACAACTGCCATTCTACTCCAATACATGTTGGCGAATATTTCCTAGATTTGGCAAGAAAATACAACCCGAACCTATATGTCGTTGCAGAGCTGTTTTCTGGTTCCGAAACACTAGATTGTCTGTTTGTTGAACGGTTGGGTATCTCCTCTTTAATCAGAGAGGCAATGCAAGCCTGGTCCGAAGAAGAGTTGTCTAGATTAGTCCATAAGCATGGCGGGAGGCCCATTGGCTCCTATAAGTTTGTTCCTATGGATGACTTCTCATATCCTGCGGATATTAATTTAAACGAGGAGCATTGTTTCAACGACTCCAACGATAACTCCATAAGATGTGTATCAGAGATCATGATTCCAAAGATTTTAACCGCCACTCCGCCACACGCTTTATTCATGGACTGTACCCATGATAATGAAACTCCCTTTGAAAAAAGAACAGTGGAGGATACTTTGCCCAATGCTGCATTGGTGGCTCTTTGCTCGTCCGCCATTGGATCTGTTTATGGCTACGACGAAATTTTTCCACATTTACTGAATTTGGTCACTGAAAAAAGACATTATGACATTTCTACGCCTACTGGTAGCCCCTCGATAGGAATAACCAAAGTCAAGGCCACTTTGAATTCGATTAGAACGAGTATAGGAGAAAAGGCGTATGACATTGAAGACTCAGAAATGCATGTGCATCACCAGGGCCAGTACATTACTTTTCATCGTATGGATGTTAAATCCGGAAAAGGTTGGTACTTGATAGCAAGGATGAAATTTTCTGACAATGATGACCCTAACGAGACTTTACCACCAGTGGTGTTAAACCAATCCACCTGTTCTCTCAGGTTTTCGTATGCTTTGGAAAGAGTTGGCGATGAAATTCCCAACGACGATAAATTCATTAAAGGTATTCCCACGAAATTAAAGGAGCTTGAAGGGTTTGACATTTCTTATGATGATTCTAAGAAGATTTCAACGATAAAACTGCCCAATGAATTCCCTCAAGGATCTATTGCCATTTTTGAGACCCAACAGAATGGTGTGGACGAATCCTTAGATCATTTTATAAGGTCAGGTGCTTTAAAGGCCACTTCAAGTTTGACTCTAGAGTCAATAAATTCCGTCTTGTATCGTAGTGAGCCGGAAGAATACGATGTTAGCGCCGGCGAAGGTGGTGCTTATATTATTCCTAATTTTGGAAAGCCTGTGTATTGTGGTCTGCAAGGTTGGGTTTCCGTATTAAGAAAAATTGTGTTTTACAATGATTTAGCACATCCCCTCAGTGCAAATTTAAGAAATGGACATTGGGCTTTAGACTACACTATCAGTAGACTTAATTACTATAGCGATGAAGCAGGAATCAATGAAGTGCAGAACTGGCTGCGTTCAAGGTTTGATAGAGTGAAAAAGTTACCGAGCTACTTAGTGCCCAGTTATTTCGCCTTAATTATCGGCATCCTCTATGGTTGTTGTCGCTTAAAAGCAATACAGCTAATGTCCCGTAATATTGGTAAATCTACATTGTTTGTACAAAGCTTATCTATGACATCAATCCAGATGGTTTCCAGAATGAAGTCAACCTCTATTTTACCAGGCGAAAATGTTCCATCTATGGCTGCAGGGTTGCCACACTTTAGCGTAAACTACATGAGATGTTGGGGGAGAGATGTATTCATATCGCTAAGAGGTATGCTATTAACAACAGGTAGATTTGATGAAGCTAAAGCTCATATACTAGCCTTTGCAAAGACTTTGAAGCATGGTTTAATTCCAAACTTGCTGGATGCCGGTAGAAACCCGAGATATAATGCTCGTGATGCTGCCTGGTTCTTCTTGCAAGCTGTACAGGATTATGTTTATATTGTTCCTGATGGCGAAAAAATATTACAAGAGCAAGTAACAAGGAGATTCCCACTGGATGATACTTACATTCCTGTAGATGATCCAAGGGCATTTAGTTACTCTAGTACCTTGGAGGAGATCATTTATGAAATTTTGAGTAGGCATGCCAAGGGAATTAAATTCAGAGAGGCTAATGCAGGTCCAAATTTAGATCGTGTTATGACTGATAAAGGGTTTAATGTTGAAATTCATGTCGATTGGTCGACTGGCTTAATTCATGGTGGATCTCAGTATAACTGTGGTACTTGGATGGATAAGATGGGTGAAAGTGAAAAAGCAGGGTCTGTTGGTATTCCTGGAACACCCAGAGATGGAGCCGCAATAGAAATCAATGGGCTTTTAAAAAGTGCTTTAAGGTTTGTTATTGAACTAAAAAACAAGGGATTGTTTAAGTTTTCCGATGTGGAGACGCAGGACGGCGGGAGGATCGATTTCACTGAATGGAATCAATTACTTCAAGACAATTTCGAAAAAAGATATTATGTTCCGGAGGATCCATCACAGGATGCAGATTATGACGTGAGCGCTAAATTGGGTGTTAATAGACGGGGGATATACAGAGATTTGTACAAATCAGGAAAGCCTTATGAAGATTATCAGTTAAGACCAAATTTTGCTATTGCCATGACTGTGGCACCAGAGTTATTTGTGCCTGAGCATGCCATAAAAGCAATCACCATTGCAGATGAAGTCTTAAGAGGTCCAGTAGGTATGCGTACTTTAGACCCAAGCGATTACAATTACCGTCCGTACTACAACAACGGAGAAGATTCGGATGATTTTGCCACCTCAAAGGGTAGAAACTATCACCAAGGCCCTGAGTGGGTCTGGCTTTACGGCTACTTTTTAAGAGCGTTCCATCATTTCCACTTTAAAACCAGTCCACGTTGTCAGAATGCTGCCAAAGAGAAACCATCCTCTTATTTGTATCAACAATTATACTACAGATTAAAAGGCCATAGAAAATGGATTTTTGAAAGTGTGTGGGCAGGATTGACAGAGCTAACCAATAAAGATGGTGAAGTATGCAATGACTCAAGCCCCACGCAAGCCTGGAGTTCTGCTTGTTTGTTAGATCTATTTTATGATTTATGGGATGCCTACGAAGATGATTCCTGAAAATAGCTAAAGCATAAATTAATTGAACGGTCCCTTTTTGCCACCCGCTAATACTTTTATTTCTGTTCAACTATA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:906901-911034

GGGGGACAAAACGCGTCAGAGCAAGAGGTGAAAGGGTTGCCACGTACGTATTTGAACCGGAGTGAGCCGTTTGCGTGTTACAATCAATTCGATATCTTTGTTGTTTTGTTTAATTCGCTAAGATCTAAGTTTTTAACTAAGTGAGCAGCGGCAGTTACAGAAAGAGGCGAGAAGTAGAAACAAGGGTGTATAGATTTTCGTTACCTCACATAGATATAGAACGAATTCATAGGTACCAAATACATTCCACTTACACCTTCCAGGCTCAAGTCTTGAAAAGAAAGCAGAACATACAGCCCGGTTGAATAGCATGAGTCATGGTTGCCGAAGAGGACATCGAGAAGCAAGTCCTTCAATTGATAGACAGCTTTTTTCTGAAGACTACACTACTAATATGCTCCACCGAATCAAGTCGATACCAGTCTTCTACAGAAAATATATTCCTATTTGACGACACATGGTTTGAAGATCACTCAGAATTAGTGAGTGAGCTACCCGAGATAATATCAAAATGGTCTCACTACGATGGTCGAAAAGAGTTGCCACCCTTAGTGGTAGAGACATATTTGGATTTAAGACAGTTAAACTCGTCTCATTTAGTTAGATTAAAGGACCACGAAGGCCATTTGTGGAACGTTTGCAAAGGAACTAAGAAGCAGGAAATCGTGATGGAACGTTGGCTTATCGAATTAGATAATTCATCCCCAACTTTCAAATCATACAGTGAAGATGAGACTGATGTTAATGAACTTTCTAAACAGCTAGTCCTTCTCTTCCGTTATTTGTTGACTTTAATACAGTTACTACCCACAACAGAATTATACCAATTATTAATAAAGTCTTATAACGGCCCGCAAAATGAAGGAAGTTCCAATCCAATAACTTCCACGGGCCCACTAGTAAGTATCCGGACGTGTGTCCTTGACGGATCTAAACCAATTTTATCGAAGGGGAGAATAGGGTTGAGCAAACCGATTATTAATACATATTCCAATGCGCTTAACGAATCAAACCTGCCAGCCCATTTAGATCAAAAGAAGATCACACCTGTATGGACAAAGTTTGGACTCTTAAGAGTCTCGGTATCATACAGACGTGATTGGAAGTTTGAAATTAACAATACAAACGACGAATTATTTTCAGCTCGACATGCATCTGTCTCACATAACTCACAAGGACCCCAGAATCAGCCAGAACAAGAAGGACAAAGTGATCAAGACATAGGGAAACGCCAACCACAATTTCAACAGCAGCAGCAGCCCCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAGAGACAACACCAGGTCCAGACACAACAACAAAGACAGATACCTGATAGGAGATCTCTTTCACTTTCTCCTTGTACAAGAGCCAATTCTTTTGAACCACAATCTTGGCAGAAGAAAGTCTATCCAATATCGAGACCTGTTCAACCATTTAAAGTTGGTTCAATTGGAAGTCAAAGTGCGAGCAGAAATCCCTCTAATTCATCGTTTTTCAACCAACCACCTGTTCATAGGCCAAGTATGAGCTCCAACTACGGGCCACAAATGAATATTGAAGGTACCAGTGTTGGAAGCACCTCAAAGTATTCCTCCTCCTTTGGGAACATTCGTCGTCACTCAAGTGTAAAGACGACAGAGAATGCTGAAAAAGTATCAAAAGCTGTAAAGAGCCCACTACAACCTCAAGAATCACAAGAAGATTTAATGGATTTTGTTAAATTACTCGAAGAAAAACCCGATCTAACTATAAAGAAGACAAGTGGAAATAATCCACCCAATATCAATATTTCTGATTCTCTAATCAGATATCAGAATTTGAAGCCAAGTAATGACTTATTAAGTGAAGATTTATCCGTAAGTTTATCCATGGATCCAAATCATACATATCACAGAGGCAGATCAGATTCCCACTCACCATTGCCTTCAATATCCCCTTCGATGCATTATGGATCGTTGAACTCGAGAATGTCTCAAGGCGCCAATGCAAGCCATTTGATTGCAAGAGGCGGTGGGAATTCATCTACTAGTGCCTTGAATAGTAGAAGGAATTCTTTAGATAAGAGCTCAAACAAGCAGGGTATGTCAGGCTTACCTCCTATTTTTGGTGGAGAGAGTACTTCATATCACCACGACAACAAAATACAAAAGTACAACCAATTAGGAGTAGAAGAAGATGATGATGACGAGAATGACCGTTTGCTCAACCAAATGGGAAACAGTGCTACAAAATTCAAAAGTTCAATATCTCCAAGATCAATTGATAGCATTTCAAGTTCTTTCATAAAAAGTAGGATACCTATCAGACAACCATACCATTACTCTCAACCAACTACTGCGCCCTTTCAAGCTCAGGCGAAATTTCATAAACCTGCAAATAAGTTAATCGATAATGGTAATAGGAGTAATAGTAACAATAACAATCATAATGGGAATGATGCAGTTGGTGTGATGCATAATGACGAGGATGATCAAGATGATGATCTAGTATTTTTCATGAGTGATATGAACCTTTCTAAAGAAGGTTAAAAATGGTAAAGTTTTATTTTAAAGGGCACAACTAAAGAAAAATAATCAAAAAAAAGGTGAAATAGATATGCAAGAAAAGAAAAAAAAATACAATACTAGTAAACTGAAATAAAAAAGATTAGCCATAATGGATTTGTTTCTCTTTGTTATCGATATTCTTACCTCTTGAAGATCCATGTGTCTATCATTTGAATTGAATATATAATTATATACAGTGAGATATACCAATTGCAGTAACAAAATGGCAAATATGTATATCAGTAATATAATTAGCATATAAAATAAAAAAAAAAAATGCTTATTTGTCACCCGCTGACTGCGTTTCCTTTTGAATTATAAAAGGTTCCTTATGGTTCTGGTCCACTAGCGTTTTATTTTCTTCCTTTTCCTGTAATATTTTTAACTTTAGCTCATGTACTTTGTGCTTGTCTATATGTTTCTCGTATTTTTCCTTTGTCTTGAAAGTCCTAGAACAATTATTGTAAAAGCATCTGTATTTTCTTCCAACGGTATTCAATAAAAGGTTTAGCCCATTTTCACCAGACTCAAGTCGCTTTTCTAAATCCACTTCATTCTGTAAAAACTCTACATTATTGTTTTCGGTAAGTTTTCTCCTTTTCCTCAACCTATTGGAAATCTTCTCTTCATCCTGCTCATTCGAGTGTTTGCTATTCCCCAGTTGAACTCCGTGGTCTTGGACAAGTTGTTGAATATCAGAAATTTTATATTTTAGTTCCAGTGGGATATCTTCTTCCGTATGAATAGACCCATAATGCGTGAGAAGATCATGTTTTCTAGAAAAAGACATATCAGGACATATATGACACTTCCAATTTTTGGTTACTAGTGAGTCGTCATGAATAATCATGTGCATTTGTAAACCATTTTCCCCCACACATGGTTTGCTACAAATAGGACATTTTAATTTAGGATGATCATTTTTTATATGCGATTGCAATTGTGACCATATCCGAAACTCTTTGCAACAACCAGCAAAAGTACATTGGTAAGGATTTTCTACCTCAGGATCGTGATGTTTAGAAATGTGATTTCTTAGCCTATATGGCCTCTGAAAGCTTTTATTGCAGTGTGGACAGGTTAGTTTATGTAAATGAACAGATAAAATATGTGCCCTTAATTGTGGATGCTTGTAGAATCGGAGGTTGCATCCTTCCTCTGGACAAATGAAAGATTTGGTATGCGTTACTTCGTGTCGCTTCAGTTGCTGGCGAGTCGTCACTCCTTTTCCACAATAAGAACATTGGAATGGTTTCGTATCAGAATGCGTATACAAGTGTCTCTCTAAGTGACTCTTTTTAACGAAGGATTTTGCACACTTATCACACTGAAATGCTCTTAAACCCTGATGTACGCTTAATTGGTGTTCAGTCAAAATTGAAGGTCTTGTAAATGCCTTATCACAGCCATCATAGTCACAGAAATATGTCTTTGGCCTATTGCTCGATGAGCTTCTAGTTGATGTTAAACTGTTCAATGATTCTGAACTCTCTGATCGTGATATGGGAATGGTCTCCTGTTTAAGTTCGGCCAGTGGCATTCCTTCATTATTTAGAACCTCTCCTCCCATTTGACAGCGATT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:911242-912477

AGGCTACAAGTGATCATGTCAGACTACGAGGAGGCGTATGTGCATTCATATTGGAGAAATTGCGTGCTTTAGTTTTAATTATATTTACTAACTTCTATCATTGTGATACAGGTTTAACGACGGTAATGAGAACTTCGAAGATTTTGATGTAGAGCATTTTTCTGATGAGGAGACTTATGAGGAAAAACCTCAATTCAAGGATGGTGAAACAACCGATGCCAACGGTAAGACCATCGTTACTGGTGGTAATGGCCCAGAAGATTTTCAACAGCATGAGCAAATAAGAAGAAAGACACTTAAGGAAAAGGCCATCCCAAAAGACCAAAGAGCAACTACTCCATACATGACCAAATATGAAAGGGCAAGAATTTTAGGTACAAGAGCCCTACAAATTTCCATGAATGCGCCAGTTTTTGTAGATTTAGAAGGTGAAACTGATCCATTGCGTATTGCCATGAAGGAGTTGGCTGAAAAGAAAATTCCTTTGGTTATTAGAAGATATTTACCAGATGGTTCCTTTGAGGACTGGAGTGTGGAGGAACTCATTGTGGATTTGTGATTACACCTGCATTTTCCTTTATGTGTATTTGCTTTGTTTGTATATTATTATAACTATAAAGAACGATTTATTTTGTAATGCAAATAACTGGACGAGAGAACCACGCTATAACCTATTTGGTAATAAAAATGTTTGTATGAATAAAAAAGCTGCTGACTGCTTTCTTTGATATGTGTATATAGAATATTTAATCGGTGATTGAATCTAAGAAAAGCTTACCTCTGAAAGTTCTCTCTTCGGTCGCTTGCTGATTTGTAGTAAACAATTTGAAAAGTTTAGCAAATTCTTCCTCAGGATTTTCAAAACCGGCTTCCTTTAAAGAATCAATGACCTCATTCAAGGGAACGTTTAAATCGTGTCCTCTTCCAATGGCTTTTAAACTTTCTTCCAATTCTTCACGCTCGGGAAACTGCGATAAGTTCTTCCCCATGATAGATAAGAATATGGGAAAGCTTACACCTTCTTCTCCAACTTCCGCGGTACTGGTGTCATTGTCAGGTACCATTTTGGACCATTCCTCATCTGTCAATGTCTTCCCCAATGTTGCATATATCTTGGTAAGATCTCCCCTACTAATCAGACCATCCTCATCCTCATCCAGCATTTGGAAAGCATCTTTGAGTTTATTTATGTAGTCCTGCGTAAGTTGGTTAAACGTTAGCGATTCACTATGGTCC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:912667-919086

TCGGATATTAAACAGCTATTGAAGGAAGCCAAACAAGAATTGACAAATCGTGACTATGAAGAGACCATCGAAATATCGGAAAAGGTTCTTAAACTAGATCCCGATAATTATTTCGCACATATTTTTCTAGGGAAAGCACTTTCGAGTCTTCCAGCTAGTAATAATGTCAGTTCAAATCGGAACCTGGAGAGAGCTACTAATCATTACGTGTCCGCTGCCAAATTAGTTCCTGATAACCTTTTAGCGTGGAAAGGACTTTTTCTCTTATTTAGAACCACTGAGGTTGTCCCAGACATACTTTCGTATGATGAATATTTTGACCTGTGTGGCCAATATGCAGACGCACTTTTAAAGCAGGAACAGTCTCAAGTAGAACTAATAAATGACATAAAATTACTAAAGAAAACGCATCCAGATTGTCAAAAAGCCTTTTATCAGCATTTGAAACCTGGGTCGCTAATGGCGGAAACTATTGGTCGTCATCTATCTACACCCCAGGACGCTTTATTAAATCTTATAAAGATACTGTCTAATATTGAAACAACGGAAATAGGTAAGACCCTTAGTCAGAACAGGTTAAAACTAAAAGCTAGTGATCCTGATTATCAAATTAAACTAAATTCATTCTCCTGGGAAATAATTAAAAATTCAGAAATTGATCAGTTATACAACCAGTTGGTAAATATTCTCGCTGACGATCAAAAGAGAAGTGAAATTGAGAACCAGTGGTTAGAATATAGAATCAAAGTGCTAAAATCAATGCCGCTGGATGTAAAAAAAGATTTTTTCACGAAAGTTAAGGAAATGGTCGAGGATATGGTTCTTGTGAATCATCAATCTTTGCTTGCATGGCAAAAGTATTTCGAATGGACAGATTACGAAGATCTGGACAACATGGATGCCCCATTGATAATAAAGTACTTTAAGAAATTTCCTAAAGATCCATTGGCCATGATCCTCTATTCCTGGCTTTCCTCAAAACTATCGAAATATGATATTAAAAGTTTGGAATCGGCTAATAAACCACCTGAAGGCCATAAAAAGACGGAGAAGGAAACAGATATTAAGGATGTAGATGAGACAAATGAAGATGAAGTTAAAGATCGCGTTGAAGATGAAGTTAAAGATCGTGTTGAAGATGAAGTCAAAGATCAAGATGAGGAGGCAAAGGAAGATGAAGAAGAAGACCTTGATGATATAGAAATTGGTTTATTAGAGGAAGAGGTTGTCACTGTATTGACGGAGAATATCGTAAAATGTAAAAATAATATCTTAGCGCATCGCATTCTTTGTCAATATTACCTACTGACCAAGGAGTATGAGGCAGCTTTACCATACATCAAAAATGGTATTTCTTTAATTGCCTATAATATAAAGGACCTGGGGGTACATTTGCCATTAACAAAAAGAGAATTTTCTCTGGATTTGGCTACCGTTTATACATATGTCGATGCCCCAAAGGACCACAATGCTGCATTAAAGTTATATGATAACATTTTATCCGGTGATTTTAGTAATATACAAGCAAAAATGGGCAAAGGTATAATTTTTATTGAAAGGAAAAATTGGAAGGATGCTATGACATTACTAACACAGGTGCATGAACAATCGCCTAATAATCTGGAAGTTTTATCTGAACTGTCATGGAGTAAAGCCCATATGGGTTATATGGACGAGGCATTAGCTGGCTTAGATACTGTCATCAAGGGTATCAAAGGTATGGATTTACGTTCGATAGATTTCAGAGCATTAAACTTATGGAGGCAAGCCAAAGTTTACATTATGAAGCATGCTTCCATTAACGATGCTAAACAGGAAAACGTCAAGTGCGCATTCAAATTACTCATTCAGAGTATTAAAATATTGGACACTTTTGCTCCCGGATTTTCGACACTGGGCGATATTTATTGCCACTATTATAAAGACCATTTGAGGGCCTTCAAATGTTATTTCAAAGCTTTCGATCTGGATGCGGGGGATTACACAGCAGCGAAGTATATTACCGAAACTTATGCAAGCAAGCCCAATTGGCAAGCTGCTTCTTCCATCGCTTCAAGATTAATTAAAGGTGAAAAAGCAAAGGCAGAACTGCGCTCAAATAACTGGCCCTTTAGGGTCGTAGGGATTGCTCATTTGGAAAAGCAAGAAGAAAGTGATTCTATTGAGTGGTTTCAATCTGCTTTACGTGTTGATCCAAATGATGTAGAGTCATGGGTGGGCCTGGGACAAGCATACCACGCGTGTGGTCGTATAGAAGCATCTATCAAAGTTTTTGACAAGGCAATTCAATTAAGGCCCTCTCATACTTTTGCCCAATACTTTAAAGCTATTTCTCTATGTGACGTAGGTGAATATCTTGAAAGTTTAGACATTCTGGAAAAGGTATGTCAAGAAGCCGCTACAGAAGAGTCATTCCAAATTGGTTTAGTGGAAGTGCTTATGAGATGTTCCTTGGATTTATATTCGCAAGGGTTCTTGCTCAAATCAGTTTCAATTGCAAAGGACACTATTGAACGGATCAAGATAATTATCAGTGAATTAAAATGTGAGAACCAACAGGTTTGGATCTACCTTTCACAAGTACTGAGATTATTTATTTGGATAGAGTCAAAGGTTGATACTTTACCTGTTGAATCACTAGTATCAATTTTTGAAAATTCTCAATTTTCTGGTAGTGAAGAAATTGATTCTGTCGACAATATCAAAATCGATACTTTACTCGATAGCACTACTGATGATAATGTGTCCATTGCGTGCAAGTTTTTGATCTTAGCTTCAAAATATAGTGTTTCGGATCAAAAATTTACAGATATAGCAGGAACGGTCAGGGCCTCATACTGGTATAATATAGGTATCTCAGAGCTTACTGCTTTCATAACATTGAAAGAACCGCAGTATAGAGATGCTGCTATTTTTGCTTTTAAGAAATCCATTCAATTACAGTCTAATACAAGTGAAACTTGGATTGGTCTAGGGATAGCCACTATGGACATCAACTTTCGTGTCTCTCAACATTGCTTTATTAAAGCAACTGCTTTGGAACCGAAGGCGACAAATACATGGTTCAACTTGGCTATGCTAGGTTTAAAGAAAAAGGATACTGAATTTGCTCAACAGGTTCTGAATAAATTACAAAGCCTTGCCCCACAAGATTCGTCACCTTGGCTAGGTATGGCCTTGATTCTTGAGGAACAAGGAGACATTATCGGAAGTTCTAAACTTTTTGCACACTCCTTCATATTATCTAATGGAAGGTCAAAGGCTGCGCAATTTATGTATGCTAAAAATGTCCTTGAGAATCACATTAATAATGGTGACGATGAAAGAGATATTGAGACAGTGGAAAAACTAACCACTGCTTCAATAGCTTTAGAGCAGTTTTTCAAAAAAAGTCCTGATAGTCAATTTGCTCTTCAATGTGCTCTTCTAACTCTTGAAAGGTTACATCACTATGAAAATGCAAACGAACTGGCTAATCGGTTGATAGGCATTTTGGAAAAAAAGTTTGAGAAAACTCAAGATGAAAGAGAACTGTTTAATTTTGCGATAATTAAAGGACAATTCGCTCGTATTCACTTAGGTTTAGGAAATTTCGAACTCTCTATTGAAAACGCTGATCTTTCTCAAGGTATTATATCTGAATCGAGCGACGAAAAATCAATGAAAACCAAAATATCCAATCACATTTGCTTAGGATTAAGTTATTTCTTCTTAAACGACTTTGATCAGACTTTGAACCAATTCCAAGAACTGCTAAGCATTTCAAAGGATTCTAAGCACCTAGTTGTTTTAATTGCGAAGGTGCTTTATGATGTAGGTGAATCTGACACAAAGGAAATTGCTTTACAGGAACTAACAGAATATATAGCCACAAGCGGCGCAGACTTGTTAGTAACACTAACGATTGCAGCTATGTCAATTCTAGACGATAAGCGTGAAGATTTAAGCATTATTTTAGAAGAATTGAAAGCTTTGCCATTATCCAAACAAATAATAGATAAGCACAAAGACGCACCATATCTGATAGAAGAAATTACTAAGAGACTTTATCGTAACGATACCGGTAAACAAGTATGGCAAAGGAGTGCGTACTTTTTCCCTAATAACCTCAAGGTTTGGGAGAGATTAGATAAGAATATTCAACGAAGAATAGCTTCTAATGGACAAAATAAAGTTACTGCGGAGGAGATGAGTAAACTATATTGTGAGAGTAAGAATTTGAGAAGCATACAAAGAGGTATGTTTTTGTGCCCTTGGAACGTTACTGCAGTGAAGGCGCTAAACGAATGTTTCTAAAAATTTGGATTCGAGATAGTCAATCAAACCTTAATGTAACATTAGTAATAAATTTTATCTTTTCTATAGAGTATAAAAGGTTATTAGACAGAGTTTATCAGCTGTATAGAGTAATCATGCCATTTGGAAAACTTCCCAAAGCGATAGCAACCTCGATAAACGAGCGAAAACATTTAGCTCTCTTTCATTGACCATCTTTAATTGATTCAATTCGCTTGGTAATAGTAGTTCGTTCTCTCTTCCTTTAACATCATCTCTATTTGCCTTTTTTAATAATGTAGAGTTTTCTTGCTTTAATTTCTCCTTTTTAAAAAGTAAATTTGCCATATTCCATTCCAAGTTTTGTCTCATGAAATTATAGGAATGCGTTTCTTTGCATCTAAACAAAAAAACTGCCCTTGATGCTGATCTATCGGCTGTTCTTGGAACTTCCTGGATTTCCACAGAATTGTATCTAATTAAAGATGCTAATGTAGATCTTATATCCTTTTCCTTCATTAACGCAGTTGAGTTGATAATTTTCTCAGACACCAGCTTGTTATCACGAATACAACGGCTTAAACGCATTGCTGAGGGTCCCAACGTAGACGCGATAACATACTCATAAACAGATGACTTTAATACTGGCATTAGTTTGCTATATGGAACATAGTAAACACCTGGTTTGGTTTCGTTCAAAAAGGGGAAATTTGATGATGCTAGGATTTTTAAATGACTATTTATCAAAGAAGCTGAGTGAGGATCCTCAGTGTCTGCATCCAAATCCTCCTCCTCTTCGTCTTCTTCTTGTGTATCTCCACTTTCTTGAAGAGATTTGGAAACAGCAGCAGGTAGCGCCGGGATCACAAATCCATCTTCGGTTTTTAATTTTTTACTGGGTAATGATGCAGCAGCGTTTGAGCCAGAACGCTTTTTATTGTCAGAGGGCTTTCTAGATAATAAGCTTCCACGCAAGTCCAATTCTGCGGGGAGATGTCTTGCCAAGTCAATAGCATTAAAGGTAAGCCCTGGTGTCTTCTCCTCAACAAGTTCGGCTTCGTCTTGAAACGATTTTGCTTCCTCCAAATCTTGTAAAAGCCCAGTTTGAGTTAGTGGATCTCTAATTTTAGGAGACTTTTGCTCTGTGAGTCTTAATGCAATTTTGTAAACTTGAGCTGTGACGGAGCCGACTCTTGTCTTGGCCAAGTTAATCAATTGTTTAGATCTTCTACCTTTCATAAATCTATCCAAATTAATCGTCAGAGAGACTGTAGGTTTAACAATCCTCAATGAGGTCTTTGGATCAACCGTTAAGATTTGTGAAAGCTCATTTGGTTTATTTATGATTTTGGCAAAATCAGTTTTCGCATTCATCTTGGCTTGGGATCTTTTCTTCAAATCGGACAACGGGGAGTTTCTGGGAATATTTTTGTAATGTTTTTCATATAAAAATTGCCAGAGATCTTCGATTGGGGTATAATGCAATTTTGATATTTGAATAAGATATCCCATTTCACACAGTTGCACGAATAGTGATGAAATGGTGTACTTCATGGAATCTGACGTGACACTACTTAGATAATCTTCCACTGTTAAGGACCCTAATGATATAACGTTTTGTACAATTTCAGCCACCAGCTGTTTATGCTCCTCTTCGTCGTTTACACGCATTTGCGTAATAATTTCGTCAATAATCAACCCTGAGTAGAGTAAAATGTGTATCCCTTCCTCGTTATAGTAATAATAAGTCGTTTTTTTCCCGGATATTGCTGTTTCTTGCAGGTACTTAACACACCTTAATTGAGTTAATGAGACTAGTGTCGTCTTGACGCTGTCTACATCCATACCATCTATTTTCTCCACTAACTCGCGCACACTCAATCTGCCCAGCGCAACCAACATCCCAATTACAGAAGCTGCTCTTTCACCCAGATGTGCCTTCACCAACTCTTTGTAAAGAAACAAATCGGGATTCAAGGTTCTCTGTTCCAAGGATGATATGGTCATAACATCTTCGGGGGTGACCAACTTCTCAGATTCGACAGTGCTCTCACCTGTTTGGTTCTCTGCACTAAGCGCTTCTCCCAGTAACTCGTCCATTTGGATCTTGCTCAACAAAAATTTTTCCCTATTCCTGTGTCAGCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:919297-920664

GTTAATAAGGTTTTTAACAGCAGTGTGCTCGAACGATTAGGACGGGAGAGTTAAAATTATTAAAAGGAAAAAAGAAGAACGTTGATGTTGTCAGCAGCTAGATTGCAATTTGCCCAGGGGTCAGTTAGAAGGTTGACCGTTTCCGCTAGAGACGCACCTACTAAAATATCTACATTGGCTGTTAAGGTCCATGGAGGGTCTCGTTATGCAACCAAGGATGGTGTGGCCCATCTTTTAAACAGATTCAACTTTCAAAACACGAACACTAGATCAGCTTTGAAATTAGTCAGAGAATCCGAATTATTAGGGGGAACTTTTAAGTCTACCTTGGATAGGGAATACATCACTTTGAAAGCTACCTTTTTGAAGGACGACCTTCCCTACTACGTCAATGCCCTAGCAGACGTGCTATACAAGACTGCCTTCAAACCTCACGAGCTCACCGAATCTGTTTTGCCTGCTGCTAGATACGATTATGCGGTCGCTGAACAATGTCCGGTAAAGAGCGCCGAAGACCAATTGTATGCCATTACATTCAGAAAGGGTTTAGGAAACCCATTGTTATACGATGGTGTGGAAAGAGTCAGTTTGCAAGATATCAAGGACTTTGCGGACAAAGTCTATACCAAGGAGAACCTTGAAGTTAGCGGTGAAAATGTTGTTGAGGCCGATTTGAAAAGATTTGTTGACGAGTCACTGTTAAGCACTTTGCCTGCAGGTAAGTCATTGGTGAGTAAATCCGAACCAAAATTCTTTTTGGGTGAAGAAAACAGGGTAAGGTTTATCGGTGACTCCGTTGCCGCCATTGGTATCCCGGTAAACAAAGCCTCCCTAGCTCAATATGAAGTATTGGCCAACTATTTGACCTCTGCCCTATCCGAGCTTTCCGGTTTAATCAGCTCGGCTAAACTTGATAAATTCACTGACGGCGGCCTATTTACTCTGTTTGTAAGAGACCAGGACAGCGCCGTGGTATCTTCCAACATCAAGAAAATTGTTGCGGATTTGAAGAAGGGCAAGGACTTATCCCCTGCAATAAATTACACAAAGTTAAAGAATGCCGTCCAAAATGAATCTGTTTCCAGCCCAATTGAACTAAATTTTGACGCCGTGAAGGACTTTAAGTTGGGAAAATTCAACTATGTAGCCGTCGGTGATGTTTCCAACTTGCCATATTTGGACGAATTGTAAGAGGAAAGTATTTGTACAAAACGAAAAACTAAAGGCAAATATATATATAGATGTTGCCGCGCACCTTTTTTTTAATGAATATTCACACAAATATTGAAAATAAAAACAAACAAAATTCAAATAACAACATGTAAGACCAAAAAAAAATCCCTCATTATTTATTCCTTACCCTTTCCA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:921817-922124

TCTGTCAATACGGCACATAAAGTAACATGTAATTAACTATAACATGTCTTCGAACGATTCGAACGATACCGACAAGCAACATACACGTCTGGATCCTACCGGTGTGGACGACGCCTACATCCCTCCGGAGCAGCCGGAAACAAAGCACCATCGCTTTAAAATCTCTAGGGACACCCTGAGAGACCACTTTATCGCTGCGGTCGGTGAGTTCTGCGGCACATTCATGTTTTTATGGTGCGCTTACGTTATCTGCAATGTCGCTAACCATGATGTCGCACTCGTTGCAGCGCCTGACGGTTCCCATCCGG

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:922177-922979

CTGGTGTTTTGCCGGTGTCTCTGGTGGGGCTTTGAATCCTGCTATGTCGCTTTCGCTGTGCTTGGCGAGAGCCGTCTCTCCTACAAGATGTGTCGTTATGTGGGTTTCGCAGATTGTTGCTGGAATGGCCGCTGGAGGCGCTGCAAGCGCCATGACACCTGGTGAAGTCCTCTTTGCCAATTCTTTGGGCCTGGGCTGCTCTAGGACGAGGGGTCTGTTCCTGGAGATGTTCGGCACCGCTATCCTATGTTTAACAGTCTTAATGACGGCTGTGGAGAAGCGTGAAACCAACTTTATGGCTGCGCTGCCCATCGGCATCTCCCTGTTTATCGCACACGTCGCTTTGACTGCATACACAGGCACAGGTGTCAACCCTGCGAGGTCCTTGGGTGCTGCTGTCGCAGCCAGATACTTCCCTCATTACCACTGGATTTATTGGATTGGCACGCTGTTAGGATCCATTTTAGCATGGTCTGTATGGCAATTATTGCAAATCTTAGACTACACAACCTACGTTACCGCTGAAAAGGCTGCCAGCACCAAGGAAAAAGCTCAAAAAAAAGGTGAAACCAGCAGTTCCTCTGCTGTGGCTGAAGTCTAATTTTTCCCTCCTTTTCTTTATTTCTCGCTCACTAGCACTTAATGTTATAATACTCGGCAAAAACTAGTAAGATTAATTGTTTTTAATTTTTTTTTTTCTATACATCCATACTACTGAGGTAATTAGTGTTTTTAATATCCCTTCCTCTTGTATAATATTTTTGGGGCTTTATAGCCGACCTTGACGTATAGCAGCTGAGCTC

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:923096-923523

ACATAGAGATCGTTGATGTATATCTTGTCCTTGAAATCCCAAGTAGTCATATGGTTGAAAAAGTTTATCATTCCAATAATTTTTTCGCTCGAACTTTCCACAGCTACGGCTGCCCACATTTTAATGTTAGGATCTAGGAATCTGCCGAAATTGAAATCGTCCAAGTCATCGGGAAAAGAGACTTCATAAAAATCTTGATAGGATTTCCAAAGCCTTTGCCAACCCTCCTTATCGTTTTCGGTTACAAACCTTACGGTAATGTTATCTTCGCTAGTGTTGGACATGCTACACAGAAAGGGCTGTTTGCTTTCTTGGCATATAAAATACTAAGAGCAATACTTAGCCCTTTTTGCTCTATTTATAGCGTTCCCTCTCTTAATGATTGCCGCTCCCCTAATATAATTGGTAGTTCTTGCCACCCGTTAGTT

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:923580-927885

AATGAACTATGACGTTAAAAGGCTAACCCAATGCAGAAATTAAATAGAAATAAATACATTGTGTAGTCGGCCTGTAACTTGTATTTCGCAAACGTCTTATAAAGGCAAGAAAATTTCAAATGTTCGAAATCTGACATCAGCCGCATGCTATGTTGTCAATCTCTCTCAATACTCGGCTGGCTTAACCCTGAATCATCCCAAAAAACGGTGATACTGTATTTGAATATGCTTCAACCGGAGTAATTATCCAGTAGTGCAACGCATCTCATTCCAACTTGAAATATACGTTTACAAAACTATTTACCACTTGTATTTCTGCAATAATACCAAAATTCATGCAAAATAAACACCATCATTACTTGTAGTTGGAAGCAAAAAATATTCTTGATTGATTTTCAATTGCCAGGCTCCTTATCACTTCGTCGATGAGCCAAAAAAAAATGTAGTTCCTATTCTGGTATCAAAGCATTTTTCTTTATTGATAACATCCGCATACACAGAGAAAAGGCGAGAAGCATGAAAAGTGTCAAAAATATTGAACTAGAGTGTACTGTTATAGTTTTGGCAGGTATGAAGACAAAATGATGGCTTTTTACATATCAAAGTAACTCTGTACTATAGATAGAAGAATAAAAACTAAATACATGCAGGTGACTGATAGAAAAGACAAGTGCAGGGGAGAAAAAAAAATAAAGAAATGATAGCGTTCTAAGAAAAGTTCTAGTCATGGATAGTGTCCTGGAGCATAGCCGAAATAGCCATTTGCTGTATCAGTTATGTTCTTTAGAGGATAGCCAACGCCATCGGCACCAGCATACGGAACTGTATTGCCCCACCAATTAAAAGCTGTGTCTTTATATTGGACAGCAAAGAAAATGATAATAGCTGATAAAACCAAGCCCGTTGAAAAGCCTGCCGATAAAACATAATTATATTTCTCCCACAGATTTAAATGGTGTCTTTTCATGTAGTACTGGGAAATGTAACTAACAATCATACCAGAAGTGTAATACATCAGGTTATATGGAGGGCTCATATTAAGCATTCCACCTACAAATAACATTGGGTCAAAATATCTGGGATAAAACTTACCCCAGCGCTTCCAAACACCAAAAAATATGCCAATGCATGCGCCTATCAACCAACACCATTTAAATATTGGATAAATGTAATTGAAAATTCTTTTTGGCCCAATTGCACCCCAGACAACGGAAGCATTATAGTAGGTCACAGCATCAGGACAGGTGAATTTTGCGTTTTGATGAGGTGTGCAAAAGTCTTTGATATTGGAGATTTGCCAATTCAGAACACCTAGATTGACAAATATCTGAATGAAAACTATAACACATTGTCCCCTGAATAGCGCCATTGGCGGAATCTTACAATAATGCGCTATTTTTAAGTTAGAAACGTAATTATCTGCTTGGCCGTCGATGTTATAACCAAAAGCCTTCAAAATCATTATGGCGATTGGATTACCTGGTAAAGCGTACCCCATCACCATTTCAATTAGTAGATTCAAACCAAACGAATAACCAGTGGTTGCTTGAAGGATAGTAGTTGGAATCAAGAAAACAAAATTAAATCCTAAACAAACAAAAAGACCCCAAACTGGTGTATTTGTTGGGTAGTGCTCTACAACAGCTATTCCAACAACAAGTGAACCTATCAATATGGCAAAATACCACCAATCTGGAACTTCTTTATAGTTTTTCATGGCATTAGAATGTGGGTCATCATAATCGTCGAGCGCCCTGTAATCGCTTTTGAACATTGTGACCCAAGATTTAAGTTTTCTCATGGCCCACAAATTCAAAGCCCAATCTTTGAAAGCATTGAACAATAACTTTGAGTGTACAATAAACGACCATGTAATCATCAGAGGATATGCGCAAATGAAAGCACCATATGATACCAAATTTCCAGCACTATAGTATGGTGGCGAGTAGCTTTGATATTTTTTCACATCTAGCTTATTGTCACTGTCTAATACCTCAGTAACTTTAAAGGAATGGCCAGTATTAGTATACAAAGAATTTGTGAATATTGGCAGGTATTGGCAACTCATATAATTACTATAGTATACTGCAATAACAATTAAAGCTGCTAATATGCAACCAAGATATTGTGTTAAGTATGACCAAAATGGGTAAACTAAAGGAGAATTAAACGAAATAACATTCCAGTCAAAAGATGAGATAGGATTAATCCCAAGACCAGTGACTCCTCCCGTGATGTTTGCGAGATTAATGTTACTTGGCTTGATCCAGGTCATCCAATTGAAAGTGTTTAGAATATTAATAATGTAAGTGGGAAACCAGTTATAGATGAACATGATAAAAAAAGTCAAGAAAAAGAATTTATACCTGCTCATTCCAGATTCATGCTTTTCTTTACCCAATAGTGCCTTGTTGATAGCAATAGTTGGCATGACTGTTGGCCATAGTGCACGGGCTGGATAAACAACGAATTTTCTAAGGATGCCAGCAAATCCAAATCCAATAAATTGTACGGATAACGAAAGTAAAAATTGGTAGCCAAACGAGAAAGCAGAATGGTAAAAGAGTTTTTGCGTTAGAATATTGTAATGAGTATAGAACGCGCCTTGACAAATTGCATATAACAAGGTTGAAAACATTTGCTCTTTTTGGGTCCATGGTTTATCGATATTGATACCATACTTTCTGCCCCTGATGGTTATAGTCCAACAGGGGATAGTTTTAGCCCAAGCCTTACCACAGATATATAAAAACATTTGGATAATTGGAGTATTCAGTGAAATTGAAACCACCCTGTGTGAAAAAAACTCATTAAATCCTGAACCGATGACAGACCAAATTATTGCCAGAAAATATGCTCGGAATGTCTCCACTGGAATGGTGGGATCATCTTCTGGATCAACAACAGCTCTAACCTCTTGGTAAGGCGAATGAAATTTAATAGCAGAAGCAAATGCTCTAATGTCAAAGCTATCATATTCATCTATCCCCTCTTTTGAATCCAAGTCCTCCAAGTCAACCAATCTCTTCCACTCCTCATATTGATCGTGTGGAATGTTCTCATCATCCTTGAAATAGATGATAGAGTCTTTTAGTATTTTGAAGGAATCCTCAAGTGTCAATTCAGGCATTTTTTTGAGGATATACGCAACGTCTTCCGGAATATCATAAAGAGTGCGATTTTCATAACCCAGCTTCTTCATAAAGTGCAGTATCTGTTCATCCGTATACCACTGAGAAAAGTCTGATGAATGATTTGAAAGCCTCTCAGAATACTCAGCACCCTCGGCGTAATCAACAGTACCTTTTGTGGATACCTTCTCATCAATTATAACTTTATCTTTGACTGTTTCACTCATAATTTCTAATAATTCAACAGCAATATTGCGTATAACAAACCCTACTAGTTGTAGAATAAGCTAATATGTTCGTTTCTGCTATTAAAAAAATGCCGCCGTTGTTTAGACGTTCAATGTATGATTGTAAGTGTTTCAAATATTATTTTTTGGGATGTTTCGATAGGAATGAATATAAGTAACAACTGACTTGAGACATGACTTAAGTTTACACAGGATAGTGTTCCATTCCCATTTATAAATTTTTTTGAAGCGAGAAGAAACCTAGCAAGTTGATATCAATATTTTTTTTAATGTTACTTATCTTCATTGCTAATAATTCGTGAAATGATTGAAAATTTCCAATCCATGAACATTCAGAAGTAAGATAACAGCGTCCAATTGTAAAAGAACGCTATTATTATTGTAGATAAGAGAATAAACTTAAATAATCGAAGGTGTTACGAATCTTCATAAAACCCAATGGGCTGATATTGACAACCGCAATGGCGATTCACGTGTTCGGTAACCACAACAGGGGCCAAGAGGAAAACAAACTACATCAATTTTTGCAAAAGGTTAACAACGAAATGTGGGATTATTGAAAATTATAACGAAGAAACTACGTCGGACAGCAACCCCCCGATTTTTGTCGGTTGCTTTTACTGACACCATGATGTGAACCAAATTTTCTTTTGGTATTCCTCGCATAGTGTTGACTTCTTTTACCATGATAAAAATAATGAGATAAGAAGTGTTGCAGTAATATTATGTGTCACACCAGCGTGGCTGCCATATTTGAGACGGATTCGTCCGGTGGATGTGATGGATCCGTTTAATGCTGATCTCTCCTGCATTTTTTGTGAAAAATCAGATATCAATTATTGGTCTATCTGCTTTTGCCTGTTTGTTTTTTTTTCATTATAGAGTTCCTCAGTGAGTGGGATTGATGATGCGCACGGCACAATTGAA

>NC\_001148.4 Saccharomyces cerevisiae S288C chrXVI:928166-948066

CCTGCAAAGAATGTGGTACGGCACACTCCTGCTAGCTTGAGGCCCTATTCCAATGGCAATTGAGATGCTGCTTTCTCCTCTTACAATGTATGTTGATGCTTCCACTAAAAGAGGGATGAGAGAATTCATTTGACTGTGCAGTCAAATCTGTGATCTTTCTATTCTTGCTTATCTATATTCTGCCCTATTTATTTTTAGTAAAGTTTCGTATTTACATTTTTCATCATAGATCGCACCAGCGCGTGGGGCTCTTTCATTATCATCTCAACTAAATGACATACATTGCAAATACGTGAAATGAGCTGACTCAAAAAGAAATATTCTGAACTGTGAATACCAAACAAACTTAAAATAGCTGAAATTCACGTGTTGAATTACCGCATCGGTTAAGGAAAGGGAAAGTTTCTTCTCTAAATAAGGAGGAGCCTTTGCACATATGTAGATTATGTAAATACTATACTCTTTTTTTGCTTTTAGTACTTGGTATCCTACTAAATCTTTATTTTCTTTCGTTAGTGAAAAATATGAATTGAAGGATCAGTTCCTTCAAAAAGGTAAGAAAAGAAATGGACCATTCGATTAATGCTGGCACCAACATTCCACAGCACGGAATACAATTTTTGGTGTCCTTTACTTCAAGATTTGTTACTACGTGCGGCTTAGAATAACTTCATTATTTATCTAAACGACCCATAATTTTCGATGCTAAAGTCTAAAGTTGAGCAGGTAAGTTTATTAAAAACGTCTTTTTCATTACTGCTCTAGCGGGTAAAAGTCAATGACAGCAGACGCGGCAAGTTGTGACGCCTCATCGGATCCAAGAAACATTTATTTTTGCGTGCACGAGTAATCTAGCGAAACAATTTCCAAAAAATAAGTGAAAGAATATCTACTAATGCTTAGGATTACCAAATTCAAAAATAACCCTTTTAAAGTATAAACTTTGCATTTCAGAGATTCTCTGGCATGGCAAATATTACGAATAAGGAAAGCAAGGTAAGATATATTAGAAGGACCAAATTGTTAAAGAGACATCTAACAGGTGAGTTTGAAAAGTAATATATGGAAAGGATGGTAATACAGATTTAGCGCAAATAATAGTTGTATTATCAAATGAAATGTGAACTTTTTTATATGAAAGTCCATAGGGTAGACTACTGTCGCCATAATTTCGTAGAAGAAGAGAAATTCATGATAGGCGTCAGCATTATTACAGGCGCGGGTCTTAAATTTATGGAACTATAATTGTTGTAATTAAGATGAGGCCAAGATTAGGTGGGTAATATGTTTCATGCTTTTTACTACTACTGCAAGATTTTTTTTTCCACAAAGTTTATTTGTTGGCATTTCTAGTTACGAAACTCTCGTTGCTAACATCATGTTAGTCTGACAAGTTACATATTCGTTTCGACGTCGCCATTCTACGCACTTAGGCCAAATAACACATCTCTTTTACATTTGAAATTGCTACCATTTATTCCTGTTCGATCTTAAGATTGACTAAACCATAATCCGAGCCTAATATTCACGTTTAGGCGGGGGGTACTAAATCACAAAAAACAAGTGGCGAGCGAAGACCTTTTCAATTCTAATAACTCAGTTACACCCTCAACTTGTAATCAATGTACAAAACACAGTAAAATCGAAGATAAGAGATGTAAAACCATAGAGACAATTTGAAAACCTATAAACACACGTTTTATACTTTATCGTTATTACGAAAAATCAATTTTTGCTCGACCAAAAGCAGCCTTCGGACTGATATATCTAGGTCCGTTAGTTTAGTAGCTGTTGAGGTCATTGTAACCTCATGTACACCCTTAGGATCTTGAAGTTGCTGCTCTTTACTTCAGAGCATCTCTCATTTCGATGACTTCGCATTTTTTTGAATACTGCCTTCCCACTCCCATCTTTTACAGCTTCCTAACGATACTACGATACTACGATGCTACATATTACAGAGATACAAAATAATAACTCTTATAAGAAAGAAAAATAATATGTATTGTACAAATTACACTATTAACGAACAAGAAATGGGCTCTAGTGGAAGAGTTAAATCACAGAGAAGGGGTTAAATATCTCTTTGAGTAAAAAGTTTAAAGAGCAAAGATTATTTGTTTTGTAAGAACCATTGCAGATAACTTTTCCTGTTTCTTACCTCCGAACAAATCCATGTCGCCCATATCACCAAACTTTGAACCATGACCATGTTGGAGGTACGCAATTATCTGTATCATTATAGATCAATTTAGTGCTCGGAAGTCAAGTGCACAATGAAAGTCATGCAAAAAGTTTGTGGCTTAGCATCTCGTGAGGATATGGAAGACTATATGGAAGGCTGCTCTGTTTAGTCACATGATTCTTTCCCAACTCTTTCGCCAGCTTGCGTGTTCTTTTTTACTCTAGCAAAAAAATCGAGCCGGAGTTAATGACCGGAAATACACGGATTTCATATTAAAGTTTTTTGAGCAACACGTAAGGTAAAAGTCACAATCATGTTCACCTAAGTGATATCGTACGATAGTTGCGTATCTGTGCTAATACTCGCCGAAACGTAATCCTTTAAAAGTACCTTCGTATCATTGCATCATTAGAGACGCCTAATAGGAATGTTATAGGTGTATCCAAATCTCACCTTGAATGTGCTTGGCATAAGTATACAACTGTAGCATAAAGAACCCTCGTTTTACTTTCTCCGGCTTATGCAAAGTATAAGTTAATCCCTGCCTAGTTTTTTTCTCACCGTTTTTCGTAGTTTAAATCTGCAATGCAGATTTAAAGTTTTTCTTTTCTCTAGCAGCACTCGTGGAAGTAAAAGATTTTTTCTTTCAAATTGCCTACACCGAAGGATGTGAACGATTGCCTTCTTGAACTCAAACTATGGAAGTCTTCGTATGATTTTAGATGATTTGTTTTGGCTAATATCAAAGTATCCACGTATATCCCCATGACACCGCGATACATACTTGCGATGCGGCAATTAAAAGTCGTCATTGTATTGTTCACACTTAAAAGGTTCAAACCTGCAATATCGTCCGGATGACTGCTTGCGTTACTATATATTTTTTGCTGTAATTCAGGCCACTCCGGGTTTAATCATCCGTTCCTGTATATTAATACTATATACGGAAAGCAGAGACAGAGCTTCGAGAAGTTTTATATCCTGTGGAAAAAAACTAACAATCAAAATTTCTGCCTTGAAGGAATATGAGTATTGTAAGACAGTCATGTGATTGCTGTCGCGTTCGTCGAGTGAAGTGTGATAGGAATAGACCGTGTGATCGTTGCCGTCAGCGCAATTTGAGATGCACTTATTTACAACCGTTAAGGAAACGAGGTCCCAAGTCCATCGGAGAAAGCAACCTTGAAAGAGCAGCTGAAATACAGATGGTGACTGTAAACAATAACATCATGGCGGCCCCAGTAATGTATAAAAAGGTTCCAAAGAAGGTGATTGATCAATGTTTGAGACTATATCACGATCAACTATACGTGATTTGGCCAATGCTCAGTTACGATGATCTTTACAAGCTTTTGGAGGAAAATTATGAGGACTGCAGCACTTATTGGTTTTTAGTGTCTCTATCTGCAGCAACTCTTAGTGATCTGCATACAAAAATAGAATACAAGAAGGGATTTTTTTTTGCTGGAGAACAATTGTGTAATCTTTGTATGTCATCGCGACGGTTTTTCGACGATCTCAGTAATAGTGATATATTTCGAATTATGACATATTATTGTTTGCATCGTTGTTATGCACAGTTTGCTGATACAAGAACCTCATACAGACTTTCTTGTGAGGCTATTGGCCTCATAAAAATAGCTGGATTTCATCGGGAAGAAACTTATGAGTTTCTTCCATTTGGTGAGCAACAACTTATAAGAAAGGTTTACTATCTGCTTCTCATGACAGAGAGGTACTATGCCGTATACATTAAATGTGTAACAAGTTTGGATACCACTATATCTCCACCACAACCCGAAATCGTAACTGATTCCCGACTTTCTTTGGATAGTTTTCTTGAGGTGATTAAAGTATTCACTGTTCCTGGGAAATACTTTTACGATGCCTTAGCTACCAACAGTGTTAATGGTTCCTATACTGAAGACTCTCTAAAAAGGATATGGAATGAACTTCACATAAGCTCACTTGATATAGAGCCATACTCTTACGGATACATAGACTATCTCTTTTCTCGGCACTGGGTCAGGACTCTAGCATGGAAGTTGGTACTAAATAAGAAGGATATGCGGATGAATTTTTTTTCGAATACTAACGCCACACACATTCCAGTCGAAATAGCCAAGGATATGTTACAGGATACACTTTTAACTCCAATCGACCTATATGATGTGCATGGTCCTGTGATACCAATGAAGGCGCTAGAAATAGCCAATGCATTGGTAGACGTCGTAAGTAAGTATGATCACAATATGAAGTTGGAGGCTTGGAATATTTTGTGCGATGTATCTAAGTTCGTTTTCTCCCTGAAACATTGCAATCATAAAATGTTTCAAAGGTTTTCAACTAAATGTCAGAGTGCTCTAATCGATTTGCCTATCTCTAGACCACTGCGCCTAAATGATGATTCCAAGGATGAAGTCGACATTATTCCCTAAATGAACTTTATCTTCTTACAGTTTCAACATCTTGTGACCTGATGATTTTCCTCAAATGAACTTTTGCGTTTTCATTGAGAAAATTTCATTATACTTTATTTTTTTTATAAATGGGTACCAAGGCATTAAATATAGATCTGGTTTACTAATCTGAAGAAATTGTTTTCAACCACATAATTTGTGCAATTTGGCGCTATACAAAGCCCATGTTGGCTACATTAGTCTTTGAATCCTTTAGATTGCCTGAATCAATAGCTCATTCAAAATATTTTGGACAATCGATAGTTAACTGTAACATGTGCTGCTATATAGTGGCAATCTAGATGCATGTATCTTATATGATTAAGTATAAAAGAACCACAGCAAAGCTAAACGTAAATAAGTAGTTTAGAAAGTACTGGATATGAGTTAAGAATCTGTTAATTGAGCATGACATGAAAATTTTGTATTAAAGCAATATGAGTCGTCACATTAAATATATGAAACTACGGGAATTACCATCATATTGGTCATGATTAATAATAAACCAATCAGCATGTTTTTACCTCTATTATATTAGTCTTGGACCCGTATTCAACCTTCATTAATATTATCTTTTTACCTTTGTTCATAAACACAATACATTGTTTTTGCAAAATATAACAAAAAAGATTAAGGAAGAGGACCATGTACACTACGATCTTACTTTTGAAATAGAATTTGTTTATTTTTTCAAGATGTTAAACGAAGATGGTGAGTAATATTCACAAAACATTGTAAAAATATTACTTGCTTCATTCTGCGAATTGTTCAAACCCGTAAAGAAAATTTCTAGTATATGATATATGCATAATATCAATAGCTTTACAAAAATAGAATCCGAAAACTATCTAGAAGTTTACTCGTTTCTCAAGTTTTATTTAACAAAACATAGACGAGCTTTATTTCGTGTGAAGAAGTGAAGAAGCTTTAACAAAACTGTATTTCTAAAAGAACGTTACTATACAATAAATTATAAAACTGCATTAACCAATGAAAAAAAGCACTATTAATCGAAACTCGAATATGCAATATTGTTAATGTAAATTAAGCTATCGGTCCGTTTATTTTTCTATCGAAAAGCGGCTTAGTTAGAATGGTTGATAAACGGCTGCGCTTCGTAAAAAGAAATGACATCTTGGAACTACTTTAAATAGAAGTTTAAATCTCATGATCATGCTCATCTGTTTGTACAACACATAAGCTTCACCGTCAGACATATATGCAATGAAGAGTACTTTGAGTTTAACTTTATGTGTTATATCGCTTCTATTAACCCTTTTTCTGGCGGCCTTGGATATTGTTATAGTGGTTACTTTATATGATACAATTGGCATTAAGTTCCATGACTTCGGCAATATTGGTTGGTTAGTTACTGGATATGCTCTTTCTAATGCTGTTTTCATGTTATTATGGGGTCGCTTGGCCGAAATACTTGGTACAAAGGAGTGCTTAATGATTTCTGTTATTGTATTTGAAATAGGGTCTTTGATTTCTGCTCTTTCGAATTCAATGGCGACTCTGATTAGCGGAAGAGTCGTTGCTGGGTTTGGAGGAAGTGGAATTGAATCACTTGCTTTTGTAGTTGGAACATCCATTGTCCGAGAAAACCATAGAGGAATTATGATAACGGCACTCGCTATATCGTATGTCATTGCAGAGGGAGTCGGGCCTTTTATTGGTGGTGCATTTAATGAACATTTGTCTTGGAGATGGTGCTTTTATATAAATCTTCCAATCGGTGCGTTTGCGTTCATAATATTGGCATTTTGTAACACATCTGGAGAACCACATCAAAAAATGTGGCTACCATCAAAAATCAAAAAAATTATGAACTATGACTATGGCGAATTATTGAAAGCAAGTTTTTGGAAGAATACATTTGAAGTACTTGTATTTAAACTAGACATGGTTGGGATTATTTTATCTTCAGCAGGCTTTACACTACTGATGTTAGGTCTTTCATTTGGTGGAAACAACTTCCCATGGAATTCGGGTATCATTATTTGCTTTTTTACCGTGGGCCCTATCTTATTGTTACTATTTTGTGCTTACGACTTTCATTTTCTGTCATTATCGGGGCTTCACTATGACAACAAGCGGATCAAACCGTTACTGACATGGAATATTGCCTCAAATTGTGGCATATTTACAAGCTCCATAACAGGATTCCTTTCTTGCTTTGCTTATGAATTACAGTCTGCTTATTTAGTCCAGCTTTATCAACTAGTATTTAAAAAAAAGCCTACATTAGCGAGTATACATCTTTGGGAACTATCAATTCCAGCTATGATTGCAACTATGGCCATAGCATATCTAAATTCAAAATATGGCATCATCAAACCGGCAATTGTTTTTGGTGTGCTTTGTGGGATTGTTGGATCTGGTTTATTTACGCTAATCAATGGCGAACTCTCTCAGTCAATAGGTTATTCAATTCTCCCAGGAATAGCTTTTGGTAGTATTTTCCAAGCAACGTTATTAAGCTCCCAGGTGCAGATAACATCAGACGATCCAGACTTTCAAAACAAGTTTATTGAAGTCACAGCTTTCAACTCGTTCGCCAAATCCTTGGGCTTTGCGTTTGGAGGGAATATGGGGGCAATGATATTCACTGCATCACTCAAAAACCAGATGCGCTCTTCCCAATTAAACATACCACAATTTACGTCTGTAGAAACACTTTTAGCGTATAGCACAGAACATTATGATGGCCCCCAATCTTCACTATCAAAGTTCATAAACACAGCTATCCATGACGTTTTTTACTGCGCCTTAGGATGCTATGCTCTTTCATTCTTCTTTGGAATATTCACTTCGAGTAAGAAAACAACAATATCAGCCAAAAAGCAACAATGAACAATTTTCCAACGTATAAATTAACTTATCGTAGTTCGATAAAACTAGACAGTACTTATATATTATCTAACATCAGATGGTTTGTCTTTCATTATTTATTTAGTGATTAATGCTAGCTTTAAGCAAGCTTAGTTGCCTCAAGAAAGATTAATATTAAGCTACTGAGGATATAGCATTCGAATATAAAGATATAATCAAAGCTCATAATTACAAAATACCCTGTGATTAGGATATCATTATTACTAACAACACCGTTCCTAAACTAGCAGAAAGTTGACCAACTGTATAAAAATTAAATTTGTTCGTAAATACATATACATAAAATCCGCATTAAATGTGGACTTTCAGTTGAGCAAGTGTTAATGAATATCGTAGGATAGCAAATGAAGATTCGAATTTGATGAGGTCTCTTGTTCCGAGAACTATTGTTTAAGCCAAACCAGATTCAGTGTCTGTACTAAACAGTTGTCACAGAAAGGTGGTAGCTTTACTTTCCGTACATTAAATACAGAAAAATTACCACTTCTGTTGAAAATACTGTTTTGTGGGTTGGGATAATATAATCGTATATAATATCAATAAAACTGTTAATAAACTCTCGAGGATCTGATGTTGATTTTTCCCGTCATTCCACAAACTCTGATGCCTGAAAAGGTGAAATATAAAAAGCGGGACATTGATAATCCTTGGATTATTCCATCTCCAATATTGGAACAATAGAGATCGTGAGTCTTGAACTATAGCTAGTAAAGGCATTTTCTTTTTGCCGCCCTTTCAGTGTTACTTTCTTTCAACTAGTTTATCGATACTTTTCGGGCTTACAGCTCCTATGTGGATATGTGAATACTCATGCTGACACTGAAGGATTATTGGTATTGGCCGGTTGTGTTTTTTCTATACATAGCAATAGTTCAAATGTCAATGACCAAAAGAATAGGAATTTTTTTAAAATACAAGGCTGATGAAGTATCAGTTACTAGATGACCACTCTTATAAAAAAACTCAGAAATCTTCCAAACATTGTCTGCTCAAAGAGGTACCTATTCGTTTTCTGTGCAACTTCATCAATTTCTCAAAAAAATCTCATTGATGTTCTCTTAATGGATTGCCCCCCTGAGTTGTACGCTGGACCCATTGACTTTGACTGGTAGTGTCAGAACAATCTTGAATGATTAAAAATTGGTAGGTCCCCTTGTTTTTTGTTTTGTATCCATCCAATGGTATGATTCTTTATATTTTATTAAACTTATACTCGGGAAATCTTAAAAGAGCTGCTTTGACGAACGCTTATAAGTACATACAGAAATTGGAAATCATTATCGCTTATGTTCTGTGACCTACTAATTGCATTCTTCCTTACGTAAAAAGACCTGAAACTAACCAATAAACTGCCATGGATACGTCCATACGAAGGACGATAAATCAATTTGTAATAGTCCAAAAAAATTCCATCAAATATCAGCTCCAAATTGGCAACTGTTTAACTTGCGTTGCCCGATTACTTGATATCCCTTATTGTGAACATCATGACAAAACGAAATGAGAAAAGACCTTTCCTTTCCATTAATCATTAGTAATTAAAAATTTCTTAACTTCTTTTCGATCAATTACAATATATGTATACTTGCGTGCACATTGCAATTTTACTTAACCATGCATAGCAGAGGCTCTTCTACTTTACTATAATATGTTTACAACAAAGTTATAAAAAGTTTTCTCAAACCTTTTCCATGGTGAATGGATAACTAAGGGTTCCAATCAATGTTATGAAGAATTCCAAGTTAATCGACGAAAAGCGTTTGGAAAGGAATTATATAAACGTAAACATGAAAAATATTCATCGAATACTCCACATCGATCGTATTACAGTGTTTTAGTAAATGTTTGTATTTGAATCAAAGTTTCAGCATTTGTTCTACACTGATAAAATCATGGTTCTAGTATAGTGAAACATACGCCCAAGTTATCCTAGTACAAGACCGCCATATTGTGCTCATAATCGGGAACAATGAAAATAACACCCTAACAATTGCTGAAACTTGTCGTACGCGATCCCTAATTACATTATCAAGCATTCAGCATTGGTCAATACCTCAATACCTCGACAAGAAAAAAGAAATAGACACGTGTATGTCAAGGCATTAAGAAGGGTATCAGGCCTAGTGCTCGCCTCTTGCCTTCCCAATTTGTTGAACATCTTTGACATATAATTTGATTTTGAAATAGTTATTGGACTTCCATTTTAAATAAAGGCTCTATCATTAACTATACAGAATATACTAGTAACGTGAATACTAGTCGATAGACGATAAATTAATACTTTTTCCAATAAAATCTAAACGCATGCAAGTACATAAATAGGCGAAGGTATCTGACCGTAATAATCTTCACGCCATCTATATAAATAAATGAAAAATTCGGCTTTTAACTTATATATTAACAATAAGAAAGACAATGTTGCGCTGTGCTTACAGGAAGAATATTATAATTTTGACGAAAAGACCTTAATGAAATGCTTGAGGCTAATTAAAATATCAAAATTAGAACACGTAGCACTTTTCTTAAGTTCTGTTCCCAAAATTTCAAGGTCAAATGTGTTAACCTTTGGATGCACTTTCATAAAACTCCAAATATCCATCGCACTTAATAGGACGTCCCCTCCAAAAGCATCCACTGTATAATACTGTCTTGGATGGAAACCCTGCCTAATCACCATGCTCGCTGCCGCTGTTTCTATTGCATTAGTGTTTTCAGTAATGAAATTATTTGGCTCCTTTATTTCAGTCCCACTAAACTCCAAAAAGGTACTATCAAGTTCCCCATTAAAGTCACCAAACGTATGAATCTCACTCATTGCATCATTTAGAAAAGAATAGCCTGGTATGTCATTTGAGAGATTCGTACAGCCTATGGGATAGAAGGACCGATCAAAGGAATTCAACGGTGACGGCACTGTACAATTCTTTCCAACACACACTGAGAGCAGTTGCTTGAAAAATACGTAGCATTGTTGTATTTCAAGGGAATTATATGTGGAGGAAAGAACCACACTACCATCGAGAGTGTTACATGTGGGCGGTTTTTCTTCACAACAGGCCTTACTAATGTTCCGTTCATCAGAAGGCATGTTCCTCTCAGTCAAAAGACTCCTCAACATAAAATGGAGAAGTTCATTTTCCTTCTTTAATATGTGAATTTGATCATTTGTTACCGTTAGCTGAGCTTCTTTCTTCTCTAGTTCTTCTAATCTTTCCAACTTTCGTTTTCTAAATGCGTTTTGGGATGCTCTAAGTTGCGCAGCTCTCTTATTTTTAGGTGGAGTAAGTGAAGGCTTCCTGCCGCCTTTTCTTCCACGCGGTTTTGCCATTATCTTGGTCACTTATCTTCCGTTTTGACATGTTTTTTCAACGGCCGCTCCTTAAAGACCATCCGCATGCTAGAATTATATACTAATATGATTTTGTAAAGATAGGAATATTATAATTATAATTATATTTAATTTAATAAGAAAAGAAACGAAAAAAAAAAAAAAAATGGAATTAAAAAGTTTTGCCGTACATAAAATATTGAAAAGACTTTTACATTAATGCTGGAACAATAAAGCTTGAGGAGCTCAACCACTAACAATCAATTTAAGGTTACTCTCTCTACAATGGGTCTCCCAAGCGTAAAAACCTCCAACGAGGATGCAACTCTCAAACTTACTTGTAATATCTTCTTCTTGTAAGTAGGTTTCGAATTTAGCAGCTACTTTTGGTCCCCTATTCTTGGACCCAGTACAATGAAATATCACTTTGACGAATTGAGAACTTGAGAAAGTATCGGATAAACCTTTAATTAATTGATTCAGTTGCTTCTCTGTAATCTGTGCTGTTACTGGAACATGCCAAGCGTTTGTAATATGATCACGTGCAAAATCTTCTCTTCGAAGATCAACAACTTGAAAATCCTTCCTCTGATTTTCAATTAGGCCCTTGAGTTGCCTAGACGTTATGAAACTTACCATTACGCTTGCTGGATTGTCAAGTTTTCCTCAATATTAGTTTGTTATACATTAGTTTTTATACCGACTTTTCAAAAGTGTTGATTTAAAATCAAATTTTGAATGCTCTTAATTATCTTTTTGTTTGATTAATAATCAACTTTAGCGGCAACGCTCCTTACATAATTATAATGTAAACGGAAAAGAATATAAATGAATGCTCTCGTTGTAATTCAAGAGAACCCAACCAACAAATCATCAGGTTAGTAGAATAATGTCAGAAGATCAAAAAAGTGAAAATTCGGTACCTTCTAAGGTTAATATGGTGAATCGCACCGATATACTGACTACGATCAAGTCATTGTCATGGCTTGACTTGATGTTGCCATTTACTATAATTCTCTCCATAATCATTGCAGTAATAATTTCTGTCTATGTGCCTTCTTCCCGTCACACTTTTGACGCTGAAGGTCATCCCAATCTAATGGGAGTGTCCATTCCTTTGACTGTTGGTATGATTGTAATGATGATTCCCCCGATCTGCAAAGTTTCCTGGGAGTCTATTCACAAGTACTTCTACAGGAGCTATATAAGGAAGCAACTAGCCCTCTCGTTATTTTTGAATTGGGTCATCGGTCCTTTGTTGATGACAGCATTGGCGTGGATGGCGCTATTCGATTATAAGGAATACCGTCAAGGCATTATTATGATCGGAGTAGCTAGATGCATTGCCATGGTGCTAATTTGGAATCAGATTGCTGGAGGAGACAATGATCTCTGCGTCGTGCTTGTTATTACAAACTCGCTTTTACAGATGGTATTATATGCACCATTGCAGATATTTTACTGTTATGTTATTTCTCATGACCACCTGAATACTTCAAATAGGGTATTATTCGAAGAGGTTGCAAAGTCTGTCGGAGTTTTTCTCGGCATACCACTGGGAATTGGCATTATCATACGTTTGGGAAGTCTTACCATAGCTGGTAAAAGTAATTATGAAAAATACATTTTGAGATTTATTTCTCCATGGGCAATGATCGGATTTCATTACACTTTATTTGTTATTTTTATTAGTAGAGGTTATCAATTTATCCACGAAATTGGTTCTGCAATATTGTGCTTTGTCCCATTGGTGCTTTACTTCTTTATTGCATGGTTTTTGACCTTCGCATTAATGAGGTACTTATCAATATCTAGGAGTGATACACAAAGAGAATGTAGCTGTGACCAAGAACTACTTTTAAAGAGGGTCTGGGGAAGAAAGTCTTGTGAAGCTAGCTTTTCTATTACGATGACGCAATGTTTCACTATGGCTTCAAATAATTTTGAACTATCCCTGGCAATTGCTATTTCCTTATATGGTAACAATAGCAAGCAAGCAATAGCTGCAACATTTGGGCCGTTGCTAGAAGTTCCAATTTTATTGATTTTGGCAATAGTCGCGAGGATCCTTAAACCATATTATATATGGAACAATAGAAATTAATTGTTGACTCACCAAAAAATTACTTGGGCACCAATGAATAATACCACTTATAACTCTATATTAATCCAAGTTCACCCTAAAAACAGATAAAATTGACAATTTTTTTTGAAGGACAACTGATTGATCTTAGTGATGGTTAGGATGAAAAAATGGGTTTGTTCACGCCATCCCGCATCATTCAAAAACTCCGCACAGTTTTGGAGTTCAGTAAGAAGGGGACGTAATCTTACTATTGCATTTTTGAAAGTCTAATGAACTCAAGTGGCAAACTGTGTTACGTACATCACTTCTAAATACAATGTCTTTGAATTAGAAACTCGCTGAAAAATTATTATTGCGTATTGTATGTCATTTTTGAGATTTTCCTGCAAGATTAGTAATGCTTTAAACCCAAGTATTGTAAGCCCGATGGAATAGCACATGGTGATGGTACAACAATGGCTTCATAGATCATTCGCATAAAAATGGAATTCGTGCATCTAGTGTCTAATTAAAATTAACGTAACGAAATAGGACAAGATAAGCTTATGTCGTAGTACCCGCATAAGTACGTGTAGCTGCCATTTTATAATGCATGAAGTTGAAGTCATTAGGATGAAGAGGTGACATATAATGTTTCAAAATGGTGCCAGTATAAGTTTGGGATATCATGGAGCGGCATTCGTTTTAGTAAATGACTGTATTGTATAGTACTGTCTGTATGATTATCAGTTGAGTTGGTGAGATGAAGTAAAGATATTATAGCATCTGCGTTAATGTGTATTGCTATTATAGTATAGCATAGTGGTGTTATATAGTGGCACCGGGAATGAGTATAGGGAGTAAGAAGATCTTGTAGTTGCGTTTGAATAGCGACATGAGGACACGTCTTATGTCGCCATTATTAGGCTGAAATTGCAAGCATAAACTATTCGATATCAAAGATACCACAAGACCATGTATGCATAATTATAGAATACCAAGGTGGGGAGAGATTAAAAACGCACCATAGCAGCTGCGCGAGTATATTCTGCTATTAAATTGGAATTCACTGAAAGGTGATGAGAATGCAAATAGCTATGATACCTTATAGTGGTTAATTTGTATGAAAACGTTATAAAGCATGAAGTTGAGAGTATTGATATGATAATGGAGGTTCTGTGATCAATTTTAGAAAATTAAAATGTGGATGATCATGAATGTTATGGGTAAATGGCACAAGTAATAGACAATTTAATGAATAGGGTGTTATGTTTACGATATTTCAATTATGTTAATATTTAGTATGTTTATATCTTCTCATTAATGAATGGTTAATTTTTATGTTTAGGTGATTTTGGTGGTGATTTTGTGGTTATATTGACATAAGTGTGTATAAATTGAGTGGTTAGTATATGGTGCAGTTATACAATATTTGGAACCGCAAAATGAGATGTAGATATTAAAATGTGGATAATCATGGGCTTTATGGGTGAATGGCACAGGGTATAGACCGCTGAGGCAAGTGCCGTGCATAATGATGTGAGTGCATCTAGTACTGATTTAGTGAGAATGGGGCCATGGTGTGGAATATGAAAGTAGGGTAAGTTTGAGATGGTATATACTGTAGCATCCGTGTGCGTATGACATATCAGTAGAAGTGAAGGTGAGTGTGGCAAGTGGCGGTGGTGGTAGTGGTGGTATAGAGTGGTAGGCTCCTTTACTTCGAAGCGTGAGGTCGTATACCTAATAAGGAAATGTAATTTATAACTTTTTATTATATTGGTCTTTTCGAGAGCGGAAGAAGTTGTAGGCTAAGCGCAGGCTAAGCGTAGGTCCATGTTTAAAGTATCCAAGAGAATATCCACGAAGCGGCTGAGCAACGAACAGAATCCTGGTTCTCCTCGACTAAGCAGATAGTTAAGATACTGTGCACCATGGAAATTGAAAACGAACGTACGTACCGACTACTTTATTTTTGCAGGCCGGAAATCAAGCGATGAATGAGACATCCTTCTGTTTTCTATGTTGTGCTTGAAGGGGACAGACAGTCGCTTATCTTAGTGAGATTGCTTACTAACTGAATTTACTTTGCTGCTGCTAGAGATTTGCACCTGCATAGCGCAGATTCTGCATCTTCTCAATAGCTTAATTATTACATTCTCAGATGATGATAAGACGGAAACTGGACAATCTTTTGTTTATATTGATGGATTTCTTGTCAAAAAGCATAACAATCAACATACTATTGTTAATTTCGAAACTTACAAAAATAAAATGAAAGTTTCCGATAGGCGTAAGTTTGAAAAAGCAAACTTTGACGAGTTTGAGTCGGCTCTAAATAACAAAAACGACTTGGTACATTGTCCCTCAATAACTTTATTTGAATCGATCCCCACGGAAGTGCGGTCATTCTACGAAGACGAAAAGTCTGGCCTAATCAAAGTGGTAAAATTCAGAACTGGTGCAATGGATAGGAAAAGGTCTTTTGAAAAAATTGTCATTTCCGTCATGGTCGGGAAAAATGTACAAAAGTTCCTGACATTTGTTGAAGACGAACCAGATTTCCAGGGCGGACCAATCCCTTCAAAGTATCTTATTCCCAAGAAAATCAACTTGATGGTCTACACGTTGTTTCAAGTGCATACTTTGAAATTCAATAGAAAGGATTACGATACCCTTTCTCTTTTTTACCTCAACAGAGGATACTATAATGAGTTGAGTTTTCCGTGTCCTGGAACGTTGTCACGAAATAGCGAGTGCCAGGCCGAACGACAGCTCTACGATGCGTACTTTCACTGACTTTGTTTCTGGCGCACCTATTGTAAGGAGTCTTCAGAAAAGCACCATAAGGAAATATGGGTACAATTTGGCACCCCACATGTTTTTGTTACTACACGTAGATGAGCTATCGATTTTTTCTGCATACCAAGCAAGTTTACCTGGCGAAAAGAAAGTCGACACAGAGCGGCTGAAGCGTGATCTATGCCCACGTAAACCCATTGAGATAAAGTACTTTTCACAGATATGTAACGATATGATGAACAAAAAGGACCGATTGGGTGATGTTTTGCATGTGTGCTGCCCAAGTTGAGAAGAGATACTAACAAAATGACCGCGGCTCTCAAAAATAATTGACGAGCTTACGGTGATACGCTTACCGTTATCCAGAGCTACAGCGCAACGTATACGTCGACGATACAACAAGAACGGTTCATCGGAGCCTCGACTAAAGACGCTTGACGGACTCACTTCCGAGCGCTGGATTCAATGGTTAGGCCTTGAAAGCGACTACCATTGTTCATTCTCTAGTACTCGGAATGCGGAAGACGTAGTGGCAGGTGAGGCGGCGAGTTCAGATCATCATCAAAAAATTTCAAGAGTAACGCGAAAAAGGCCCCGAGAGCCCAAGAGTACAAACGATATCCTCGTCGCAGGCCAGAAACTCTTTGGCAGCTCCTTTGAATTCAGGGACTTGCATCAGTTGCGCTTATGTCATGAAATATACATGGCAGACACACCCTCTGTGGCAGTACAGGCCCCACCGGGCTATGGTAAGACGGAGTTATTTCATCTCCCCTTGATAGCACTGGCGTCTAAGGGCGACGTGAAATATGTGTCGTTTCTGTTTGTACCGTACACAGTGTTGCTTGCTAATTGCATGATCAGGTTGGGCCGATGCGGTTGCTTGAATGTGGCCCCTGTAAGAAACTTTATTGAAGAAGGTTGCGATGGCGTTACTGATTTATACGTGGGGATCTACGATGATCTTGCTAGCACTAATTTCACAGACAGGATAGCTGCGTGGGAGAATATTGTTGAGTGCACCTTTAGGACCAACAACGTAAAATTGGGTTACCTCATTGTAGATGAGTTTCACAACTTTGAAACGGAGGTCTACCGGCAGTCGCAATTTGGGGGCATAACTAACCTTGATTTTGACGCTTTTGAGAAAGCAATCTTTTTGAGCGGCACAGCACCTGAGGCTGTAGCTGATGCTGCGTTGCAGCGTATTGGGCTTACGGGACTGGCCAAGAAGTCGATGGACATCAACGAGCTCAAACGGTCGGAAGATCTCAGCAGAGGTCTATCCAGCTATCCAACACGGATGTTTAATCTAATCAAGGAGAAATCCGAGGTGCCTTTAGGGCATGTTCATAAAATTTGGAAGAAAGTGGAATCACAGCCCGAAGAAGCACTGAAGCTTCTTTTAGCCCTCTTTGAAATTGAACCAGAGTCGAAGGCCATTGTAGTTGCAAGCACAACCAACGAAGTGGAAGAATTGGCCTGCTCTTGGAGAAAGTATTTTAGGGTGGTATGGATACACGGGAAGCTGGGTGCTGCAGAAAAGGTGTCTCGCACAAAGGAGTTTGTCACTGACGGTAGCATGCGAGTTCTCATCGGAACGAAATTAGTGACTGAAGGAATTGACATTAAGCAATTGATGATGGTGATCATGCTTGATAATAGACTTAATATTATTGAGCTCATTCAAGGCGTAGGGAGACTAAGAGATGGGGGCCTCTGTTATCTATTATCTAGAAAAAACAGTTGGGCGGCAAGGAATCGTAAGGGTGAATTACCACCGATTAAGGAAGGCTGTATAACCGAACAGGTACGCGAGTTCTATGGACTTGAATCAAAGAAAGGAAAAAAGGGCCAGCATGTTGGATGCTGTGGCTCCAGGACAGACCTGTCTGCTGACACAGTGGAACTGATAGAAAGAATGGACAGATTGGCTGAAAAACAGGCGACAGCTTCCATGTCGATCGTTGCGTTACCGTCTAGCTTCCAGGAGAGCAATAGCAGTGACAGGTGCAGAAAGTATTGCAGCAGTGATGAGGACAGCAACACGTGCATTCATGGTAGTGCTAATGCCAGTACCAATGCGACTACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGCCAGCACCAACGTCAGGACTAGTGCTACTACCACTGCCAGCATCAACGTCAGGACTAGTGCGACTACCACTGAAAGTACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGCCAGCACCAACGTCAGGACTAGTGCTACTACCACTGCCAGCATCAACGTCAGGACTAGTGCGACTACCACTGAAAGTACCAACTCCAACACTAGTGCTACTACCACCGAAAGTACCGACTCCAACACTAGTGCTACTACCACTGAAAGTACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGCCAGCATCAACGTCAGGACTAGTGCGACTACCACTGAAAGTACCAACTCCAACACTAATGCTACTACCACTGAAAGTACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGAAGGTACCAACTCCAACACTAGTGCTACTACCACTGCTAGCACCAACTCCAGCACTAATGCTACTACCACTGAAAGTACCAACGCTAGTGCCAAGGAGGACGCCAATAAAGATGGCAATGCTGAGGATAATAGATTCCATCCAGTCACCGACATTAACAAAGAGTCGTATAAGCGGAAAGGGAGTCAAATGGTTTTGCTAGAGAGAAAGAAACTGAAAGCACAATTTCCCAATACTTCCGAGAATATGAATGTCTTACAGTTTCTTGGATTTCGGTCTGACGAAATTAAACATCTTTTCCTCTATGGTATTGACGTATACTTCTGCCCAGAGGGAGTATTCACACAATACGGATTATGCAAGGGCTGTCAAAAGATGTTCGAGCTCTGTGTCTGTTGGGCTGGCCAGAAAGTATCGTATCGGAGGATGGCTTGGGAAGCACTAGCTGTGGAGAGAATGCTGCGAAATGACGAGGAATACAAAGAATACTTGGAAGACATCGAGCCATATCATGGGGACCCTGTAGGATATTTGAAATATTTTAGCGTAAAAAGGGGAGAGATCTACTCTCAGATACAGAGAAATTATGCTTGGTACCTGGCCATTACTAGAAGAAGAGAAACAATTAGTGTATTGGATTCGACAAGAGGCAAGCAAGGGAGCCAAGTTTTCCGCATGTCTGGAAGGCAGATCAAAGAGTTGTATTATAAAGTATGGAGCAACTTGCGTGAATCGAAGACAGAGGTGCTGCAGTACTTTTTGAACTGGGACGAAAAAAAGTGCCGGGAAGAATGGGAGGCAAAAGACGATACGGTCTTTGTGGAAGCGCTCGAGAAAGTTGGAGTTTTTCAGCGTTTGCGTTCCATGACGAGCGCTGGACTGCAGGGTCCGCAGTACGTCAAGCTGCAGTTTAGCAGGCATCATCGACAGTTGAGGAGCAGATATGAATTAAGTCTAGGAATGCACTTGCGAGATCAGCTTGCGCTGGGAGTTACCCCATCTAAAGTGCCGCATTGGACGGCATTCCTGTCGATGCTGATAGGGCTGTTCTGCAATAAAACATTTCGGCAGAAACTGGAATATCTTTTGGAGCAGATTTCGGAGGTGTGGTTGTTACCACATTGGCTTGATTTGGCAAACGTTGAAGTTCTCGCTGCAGATAACACGAGGGTACCGCTGTACATGCTGATGGTAGCGGTTCACAAAGAGCTGGATAGCGATGATGTTCCAGACGGTAGATTTGATATATTATTATGTAGAGATTCGAGCAGAGAAGTTGGAGAGTGAAGGAAATTGTTGTTACGAAAGTCAGTGATTATGTATTGTGTAGTATAGTATATTGTAAGAAATTTTTTTTTCTAGGGAATATGCGTTTTGATGTAGTAGTATTTCACTGTTTTGATTTAGTGTTTGTTGCACGGCAGTAGCGAGAGACAAGTGGGAAAGAGTAGGATAAAAAGACAATCTATAAAAAGTAAACATAAAATAAAGGTAGTAAGTAGCTTTTGGTTGAACATCCGGGTAAGAGACAACAGGGCTTGGAGGAGACGTACATGAGGGCTATTTAGGGCTATTTAGGGCTATGTAGAAGTGTTGTAGGGCTAAAGAACAGGGTTTCATTTTCATTTTTTTTTTTTAATTTCGGTCAGAAA