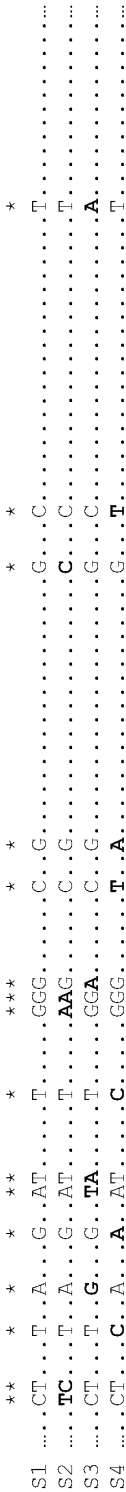


FIGURES

FIGURE 1

A)



B)

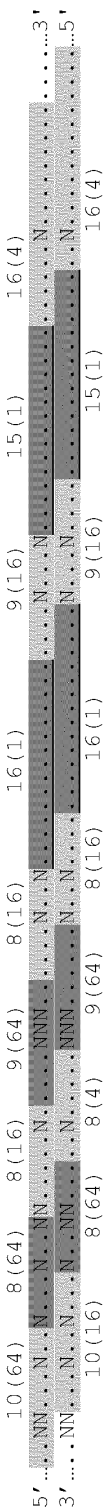


FIGURE 2

A)

> DISCOVER sequence

SEQ ID NO: 1

TTTCTTCTTTTCGAGTTTCTATATCCGTCGCTGGTCTGAACGGAAAAATCATCGCACAAATCTATGCC
TACCGTTGGCTGCTCATGCGTCCTTCCGACAATCCCATGTTTCGTCTCGCATCCGTTTCCTGC

B)

> D+

SEQ ID NO: 2

TTTCTTCTTTTCGAGTT

> D-

SEQ ID NO: 3

TAGAAACTCGAAAGAA

> I+

SEQ ID NO: 4

TCTATATCCGTCGCTG

> I-

SEQ ID NO: 5

AGACCAGCGACGGATA

> S+

SEQ ID NO: 6

GTCTGAACGGAAAAAT

> S-

SEQ ID NO: 7

GATGATTTTTCCGTTC

> C+

SEQ ID NO: 8

CATCGCACAAATCTATG

> C-

SEQ ID NO: 9

TAGGCATAGATTGTGC

> O+

SEQ ID NO: 10

CCTACCGTTGGCTGCT

> O-

SEQ ID NO: 11

CATGAGCAGCCAACGG

> V+

SEQ ID NO: 12

CATGCGTCCTTCCGAC

> V-

SEQ ID NO: 13

GATTGTCGGAAGGACG

> E+

SEQ ID NO: 14

AATCCCATGTTTCGTCT

> E-

SEQ ID NO: 15

TGCGAGACGAACATGG

> R+

SEQ ID NO: 16

CGCATCCGTTTCCTGC

> R-

SEQ ID NO: 17

GCGTGCAGGAAACGGA

C)

> D+

SEQ ID NO: 2

TTTCTTCTTTTCGAGTT----

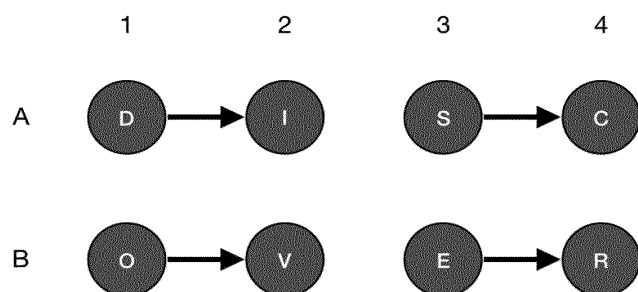
> D-

SEQ ID NO: 25

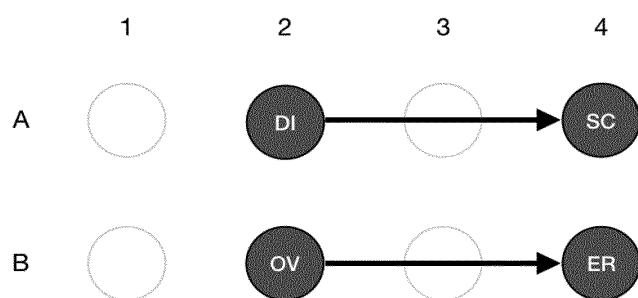
-----AAGAAAGCTCAAAGAT

FIGURE 3

A)



B)



C)

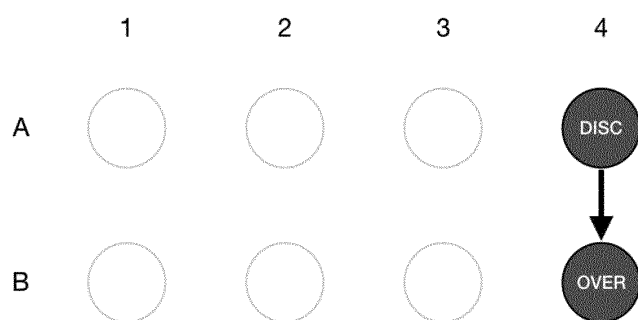


FIGURE 4

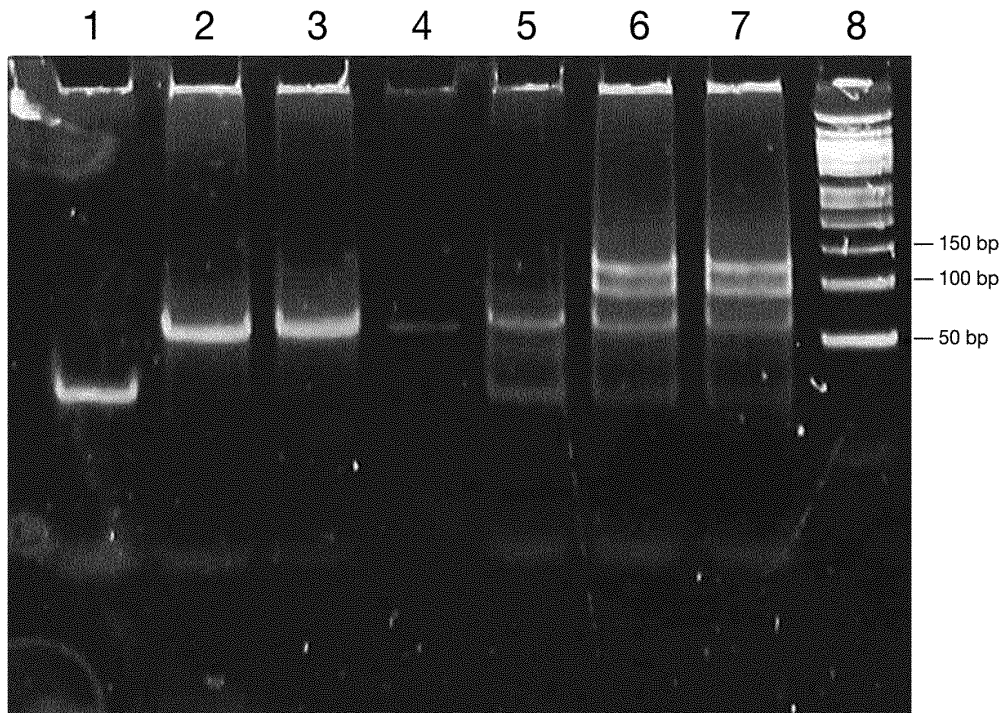


FIGURE 5

A) SEQ ID NO:18 (TOP), SEQ ID NO:19 (BOTTOM)

CCTACCGTTGGCTGCTAATCCGTCCTTCCGACAATC . . .
 GGCAACCGACGATTAGGCAGGAAGGCTGTTAG . . .

B) SEQ ID NO:20 (TOP), SEQ ID NO:21 (BOTTOM)

CCTACCGTTGGCTGCTCATCCGTCCTTCCGACAATC . . .
 GGCAACCGACGAGTACGCAGGAAGGCTGTTAG . . .

C) SEQ ID NO:22 (TOP), SEQ ID NO:23 (BOOTOM)

GTTGGCTGCTAATCCGTCCTTCCG

CGGAAGGACGCATGAGCAGCCAAC

FIGURE 6

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	A1+ A1-	B1+ B1-	C1+ C1-	D1+ D1-	E1+ E1-	F1+ F1-	G1+ G1-	H1+ H1-
2	A2+ A2-	B2+ B2-	C2+ C2-	D2+ D2-	X	X	X	H2+ H2-
3	A3+ A3-	B3+ B3-	C3+ C3-	D3+ D3-	X	X	X	H3+ H3-
4	A4+ A4-	B4+ B4-	C4+ C4-	D4+ D4-	X	X	X	H4+ H4-
5	A5+ A5-	B5+ B5-	C5+ C5-	D5+ D5-	X	X	X	H5+ H5-
6	A6+ A6-	B6+ B6-	C6+ C6-	D6+ D6-	X	X	X	H6+ H6-
7	A7+ A7-	B7+ B7-	C7+ C7-	D7+ D7-	X	X	X	H7+ H7-
8	X	X	X	X	X	X	X	X
9	X	X	X	X	X	X	X	X
10	X	X	X	X	X	X	X	X
11	X	X	X	X	X	X	X	X
12	X	X	X	X	X	X	X	X

FIGURE 7

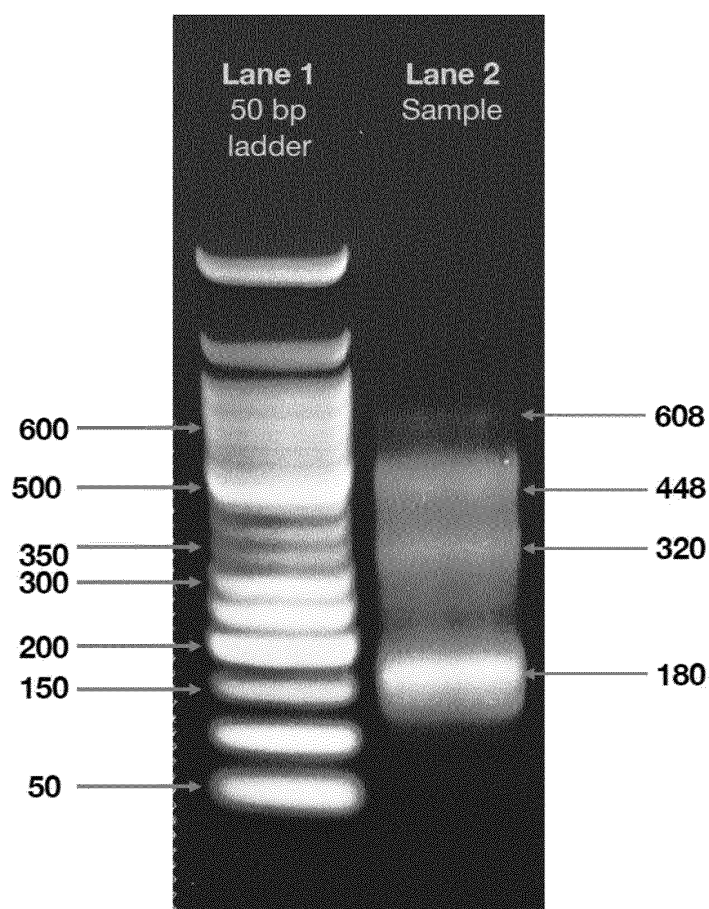


FIGURE 8

> Ribbon_test_608 (SEQ ID NO:26)

```
TTTCTTCTTTTCGAGTTTCTATATCCGTCGCTGGTCTGAACGGAAAAATCATCGCACAATCTATGCCTAC
CGTTGGCTGCTCATGCGTCCTTCCGACAATCCCATGTTTCGTCTCGCATCCGTTTCCTGCACGCACCCCC
CCCTGTACTTTGGAAAGCGGCCATCTTAACACTCTCCCACTTTTTAAATGCGTCGAAGCCCTGGGCAT
CTGGTTTCCACTAGCCTAGTCGGGTGTTGGATACGCCGAGAGTTATGGTGTAGCTGTGTGCGCGAACCG
ACGGGTGGAAATTGCTGACCGATTTTCAAATAGTTCTCAGGAAGCCGATGGCAGTTACGGCTTGCGACT
CGGGGCACCGTGAGCCTCTTCTCCCTCTAGAAGTCGAAGCAAGGGACACTATCCTAAATGCCATGGACT
AGCGCGCGCGAAATCGATGCACTCCTTATTAATGTGATCTGCGCAAGTTGTTTCAGCCATCGGTCATTTT
GCGTTGATATTCGGTTCTTTGATTTGCGTGCCATGCTTATAACAGGACACTTATTGTGCCCCAGCTCTT
CTCATGCAAGTGCGGTTTTCTCTAGCTACTGTGGTGTGCGCTCATCAATACTCCAG
```

FIGURE 8 continued

```
> A1+ (SEQ ID NO:27)
TTTCTTCTTTTCGAGTT
> A1- (SEQ ID NO:28)
TAGAAACTCGAAAGAA
> B1+ (SEQ ID NO:29)
TCTATATCCGTCGCTG
> B1- (SEQ ID NO:30)
AGACCAGCGACGGATA
> C1+ (SEQ ID NO:31)
GTCTGAACGGAAAAAT
> C1- (SEQ ID NO:32)
GATGATTTTTCCGTTT
> D1+ (SEQ ID NO:33)
CATCGACAATCTATG
> D1- (SEQ ID NO:34)
TAGGCATAGATTGTGC
> E1+ (SEQ ID NO:35)
CCTACCGTTGGCTGCT
> E1- (SEQ ID NO:36)
CATGAGCAGCCAACGG
> F1+ (SEQ ID NO:37)
CATGCGTCCTTCCGAC
> F1- (SEQ ID NO:38)
GATTGTCGGAAGGACG
> G1+ (SEQ ID NO:39)
AATCCCATGTTTCTCT
> G1- (SEQ ID NO:40)
TGCGAGACGAACATGG
> H1+ (SEQ ID NO:41)
CGCATCCGTTTCTCTG
> H1- (SEQ ID NO:42)
GCGTGCAGGAAACGGA
> A2+ (SEQ ID NO:43)
ACGCACCCCCCTGT
> A2- (SEQ ID NO:44)
AAGTACAGGGGGGGGT
> B2+ (SEQ ID NO:45)
ACTTTGGAAAGCGGCC
> B2- (SEQ ID NO:46)
AGATGGCCGCTTTCCA
> C2+ (SEQ ID NO:47)
ATCTTAACACTCTCCC
> C2- (SEQ ID NO:48)
AGTTGGGAGAGTGTTA
> D2+ (SEQ ID NO:49)
AACTTTTTAAATGCGT
> D2- (SEQ ID NO:50)
TTCGACGCATTTAAAA
> H2+ (SEQ ID NO:51)
CGAAGCCCTGGGCATC
> H2- (SEQ ID NO:52)
ACCAGATGCCCAGGGC
> A3+ (SEQ ID NO:53)
TGGTTTCCACTAGCCT
> A3- (SEQ ID NO:54)
GACTAGGCTAGTGGA
> B3+ (SEQ ID NO:55)
AGTCGGGTGTTGGATA
> B3- (SEQ ID NO:56)
GGCGTATCCAACACCC
> C3+ (SEQ ID NO:57)
CGCCGAGAGTTATGGT
> C3- (SEQ ID NO:58)
CTACACCATAACTCTC
> D3+ (SEQ ID NO:59)
GTAGCTGTGTGCGCGA
> D3- (SEQ ID NO:60)
CGGTTTCGCGCACACAG
```

FIGURE 8 continued

> H3+ (SEQ ID NO:61)	> D5+ (SEQ ID NO:79)
ACCGACGGGTGAAAT	CGCGCGCGAAATCGAT
> H3- (SEQ ID NO:62)	> D5- (SEQ ID NO:80)
AGCAATTTCCACCCGT	GTGCATCGATTTCGCG
> A4+ (SEQ ID NO:63)	> H5+ (SEQ ID NO:81)
TGCTGACCGATTTTCA	GCACTCCTTATTAATG
> A4- (SEQ ID NO:64)	> H5- (SEQ ID NO:82)
TATTTGAAAATCGGTC	ATCACATTAATAAGGA
> B4+ (SEQ ID NO:65)	> A6+ (SEQ ID NO:83)
AATAGTTCTCAGGAAG	TGATCTGCGCAAGTTG
> B4- (SEQ ID NO:66)	> A6- (SEQ ID NO:84)
TCGGCTTCCTGAGAAC	TGAACAACCTTGCGCAG
> C4+ (SEQ ID NO:67)	> B6+ (SEQ ID NO:85)
CCGATGGCAGTTACGG	TTCAGCCATCGGTCAT
> C4- (SEQ ID NO:68)	> B6- (SEQ ID NO:86)
CAAGCCGTAAC TGCCA	CAAAATGACCGATGGC
> D4+ (SEQ ID NO:69)	> C6+ (SEQ ID NO:87)
CTTGCGACTCGGGGCA	TTTGCGTTGATATTCG
> D4- (SEQ ID NO:70)	> C6- (SEQ ID NO:88)
ACGGTGCCCCGAGTCG	GAACCGAATATCAACG
> H4+ (SEQ ID NO:71)	> D6+ (SEQ ID NO:89)
CCGTGAGCCTCTTCTC	GTTCTTTGATTTGCGT
> H4- (SEQ ID NO:72)	> D6- (SEQ ID NO:90)
GAGGGAGAAGAGGCTC	TGGCACGCAAATCAAA
> A5+ (SEQ ID NO:73)	> H6+ (SEQ ID NO:91)
CCTCTAGAAGTCGAAG	GCCATGCTTATAACAG
> A5- (SEQ ID NO:74)	> H6- (SEQ ID NO:92)
CTTGCTTCGACTTCTA	TGTCCTGTTATAAGCA
> B5+ (SEQ ID NO:75)	> A7+ (SEQ ID NO:93)
CAAGGGACACTATCCT	GACACTTATTGTGCCC
> B5- (SEQ ID NO:76)	> A7- (SEQ ID NO:94)
ATTTAGGATAGTGTC	GCTGGGGCACAATAAG
> C5+ (SEQ ID NO:77)	> B7+ (SEQ ID NO:95)
AAATGCCATGGACTAG	CAGCTCTTCTCATGCA
> C5- (SEQ ID NO:78)	> B7- (SEQ ID NO:96)
CGCGCTAGTCCATGGC	CAC TTGCATGAGAAGA

FIGURE 8 continued

```
> C7+ (SEQ ID NO:97)
AGTGCGGTTTTCTCTA
> C7- (SEQ ID NO:98)
TAGCTAGAGAAAACCG
> D7+ (SEQ ID NO:99)
GCTACTGTGGTGTGCG
> D7- (SEQ ID NO:100)
TGAGCGCACACCACAG
> H7+ (SEQ ID NO:101)
CTCATCAATACTCCAG
> H7- (SEQ ID NO:102)
TTATCTGGAGTATTGA

> Primer1 (SEQ ID NO:103)
TTTCTTCTTTTCGAGTTTCTATATCCGTCGCTG
> Primer2 (SEQ ID NO:104)
TTATCTGGAGTATTGATGAGCGCAC
```

FIGURE 9

> Ribbon_M13_608 (SEQ ID NO:105)

AACGCTACTACTATTAGTAGAATTGATGCCACCTTTTCAGCTCGCSchGCCCCAAATGAAAATA
TAGCTAAACAGGTTATTGACCATTTGCGAAATGTATCTAATGGTCAAACATAATCTACTCGTTCGCAGA
ATTGGGAATCAACTGTTACATGGAATGAAACTTCCAGACACCGTACTTTAGTTGCATATTTAAACATG
TTGAGCTACAGCACCAGATTGAGCAATTAAGCTCTAAGCCATCCGCAAAAATGACCTCTTATCAAAAGG
AGCAATTAAAGGTACTCTCTAATCCTGACCTGTTGGAGTTTGCTTCCGGTCTGGTTCGCTTTGAAGCTC
GAATTAACCGCGATATTTGAAGTCTTTTCGGGCTTCCTCTTAATCTTTTTGATGCAATCCGCTTTGCTT
CTGACTATAATAGTCAGGGTAAAGACCTGATTTTTGATTTATGGTCATTCTCGTTTTCTGAACTGTTTA
AAGCATTTGAGGGGGATTCAATGAATATTTATGACGATTCCGCAGTATTGGACGCTATCCAGTCTAAAC
ATTTTACTATTACCCCTCTGGCAAACTTCTTTTGCAAAAGCCTCTCGCTATTTTGGTTTTTATCGT

> A1+ (SEQ ID NO:106)

AATCTACTCGTTCGCA

> A1- (SEQ ID NO:107)

[BIO]ATTCTGCGAACGAGTA

> A2+ (SEQ ID NO:108)

TCCGCAAAAATGACCT

> A2- (SEQ ID NO:109)

[BIO]TAAGAGGTCATTTTTG

> A3+ (SEQ ID NO:110)

GCTTCCTCTTAATCTT

> A3- (SEQ ID NO:111)

[BIO]CAAAAAGATTAAGAGG

> A4+ (SEQ ID NO:112)

TGAATATTTATGACGA

> A4- (SEQ ID NO:113)

[BIO]GGAATCGTCATAAATA

> B1+ (SEQ ID NO:114)

TCTAATGGTCAAACATA

> B1- (SEQ ID NO:115)

GATTTAGTTTGACCAT

> B2 + (SEQ ID NO:116)

ATTAAGCTCTAAGCCA

> B2 - (SEQ ID NO:117)

CGGATGGCTTAGAGCT

> B3 + (SEQ ID NO:118)

ATTTGAAGTCTTTTCGG

> B3 - (SEQ ID NO:119)

AAGCCCGAAAGACTTC

> B4 + (SEQ ID NO:120)

TTTGAGGGGGATTCAA

> B4 - (SEQ ID NO:121)

TTCATTGAATCCCCCT

FIGURE 9 continued

> C1+ (SEQ ID NO:122)
CCATTTGCGAAATGTA
> C1- (SEQ ID NO:123)
TAGATACATTTGCGAA
> C2+ (SEQ ID NO:124)
AGCACACAGATTCAGCA
> C2- (SEQ ID NO:125)
TAATTGCTGAATCTGG
> C3+ (SEQ ID NO:126)
CGAATTAAAACGCGAT
> C3- (SEQ ID NO:127)
AAATATCGCGTTTTTAA
> C4+ (SEQ ID NO:128)
TGAAGTGTTTTAAAGCA
> C4- (SEQ ID NO:129)
CAAATGCTTTTAAACAG
> C5+ (SEQ ID NO:130)
GCTATTTTGGTTTTTA
> C5- (SEQ ID NO:131)
[BIO]ACGATAAAAACCAAAA

> D1+ (SEQ ID NO:132)
CTAAACAGGTTATTGA
> D1- (SEQ ID NO:133)
ATGGTCAATAACCTGT
> D2+ (SEQ ID NO:134)
AAACATGTTGAGCTAC
> D2- (SEQ ID NO:135)
TGCTGTAGCTCAACAT
> D3+ (SEQ ID NO:136)
GGTTCGCTTTGAAGCT
> D3- (SEQ ID NO:137)
TTCGAGCTTCAAAGCG
> D4+ (SEQ ID NO:138)
GGTCATTCTCGTTTTTC
> D4- (SEQ ID NO:139)
TTCAGAAAACGAGAAT
> D5+ (SEQ ID NO:140)
TTTGCAAAAGCCTCTC
> D5- (SEQ ID NO:141)
TAGCGAGAGGCTTTTG

FIGURE 9 continued

> E1+ (SEQ ID NO:142)
CCAAATGAAAATATAG
> E1- (SEQ ID NO:143)
TTAGCTATATTTTCAT
> E2+ (SEQ ID NO:144)
TTTAGTTGCATATTTA
> E2- (SEQ ID NO:145)
GTTTTAAATATGCAAC
> E3+ (SEQ ID NO:146)
AGTTTGCTTCCGGTCT
> E3- (SEQ ID NO:147)
AACCAGACCGGAAGCA
> E4+ (SEQ ID NO:148)
CTGATTTTTTGATTTAT
> E4- (SEQ ID NO:149)
GACCATAAATCAAAAA
> E5+ (SEQ ID NO:150)
CTCTGGCAAACTTCT
> E5- (SEQ ID NO:151)
CAAAAGAAGTTTTGCC

> F1+ (SEQ ID NO:152)
CTTTTCAGCTCGCGCC
> F1- (SEQ ID NO:153)
TTGGGGCGCGAGCTGA
> F2+ (SEQ ID NO:154)
CTTCCAGACACCGTAC
> F2- (SEQ ID NO:155)
TAAAGTACGGTGTCTG
> F3+ (SEQ ID NO:156)
AATCCTGACCTGTTGG
> F3- (SEQ ID NO:157)
AACTCCAACAGGTCAG
> F4+ (SEQ ID NO:158)
TAGTCAGGGTAAAGAC
> F4- (SEQ ID NO:159)
TCAGGTCTTTACCCTG
> F5+ (SEQ ID NO:160)
ATTTTACTATTACCCC
> F5- (SEQ ID NO:161)
AGAGGGGGTAATAGTA

FIGURE 9 continued

> G1+ (SEQ ID NO:162)
GTAGAATTGATGCCAC
> G1- (SEQ ID NO:163)
AAAGGTGGCATCAATT
> G2+ (SEQ ID NO:164)
GTTACATGGAATGAAA
> G2- (SEQ ID NO:165)
GAAGTTTCATTCCATG
> G3+ (SEQ ID NO:166)
ATTAAAGGTACTCTCT
> G3- (SEQ ID NO:167)
GATTAGAGAGTACCTT
> G4+ (SEQ ID NO:168)
TTGCTTCTGACTATAA
> G4- (SEQ ID NO:169)
ACTATTATAGTCAGAA
> G5+ (SEQ ID NO:170)
GCTATCCAGTCTAAAC
> G5- (SEQ ID NO:171)
AAATGTTTACTGGA

> H1+ (SEQ ID NO:172)
[BIO]AACGCTACTACTATTA
> H1- (SEQ ID NO:173)
CTACTAATAGTAGTAG
> H2+ (SEQ ID NO:174)
[BIO]GAATTGGGAATCAACT
> H2- (SEQ ID NO:175)
TAACAGTTGATTCCCA
> H3+ (SEQ ID NO:176)
[BIO]CTTATCAAAAGGAGCA
> H3- (SEQ ID NO:177)
TAATTGCTCCTTTTGA
> H4+ (SEQ ID NO:178)
[BIO]TTTGATGCAATCCGCT
> H4- (SEQ ID NO:179)
GCAAAGCGGATTGCAT
> H5+ (SEQ ID NO:180)
[BIO]TTCCGCAGTATTGGAC
> H5- (SEQ ID NO:181)
TAGCGTCCAATACTGC

FIGURE 10

> 12345678 sequence

SEQ ID NO:218

TACTGAGGAATTATTGGTGAAACTAAAT**CGT**GAAGATTTGCTGCGCAAGCAACGGACCTTTGACAACGG
CT**T**CTATTCCCCATCAAATTCACCTGGGTGAGCTGCATGCTATTTTGAGAAGACAAGAAG

> 2.1+

SEQ ID NO:202

GTGAAACTAAAT**CGT**G

> 5.1+

SEQ ID NO:210

AACGGC**T**CTATTCCCC

> 2.1-

SEQ ID NO:203

TCTTCAC**G**ATTTAGTT

> 5.1-

SEQ ID NO:211

TGATGGGGAATAG**A**GC

> 2.2+

SEQ ID NO:204

GTGAAACTAAAT**G**GTG

> 5.2+

SEQ ID NO:212

AACGGC**A**CTATTCCCC

> 2.2-

SEQ ID NO:205

TCTTCAC**C**ATTTAGTT

> 5.2-

SEQ ID NO:213

TGATGGGGAATAG**T**GC

> 2.3+

SEQ ID NO:206

GTGAAACTAAAT**T**GTG

> 5.3+

SEQ ID NO:214

AACGGC**C**CTATTCCCC

> 2.3-

SEQ ID NO:207

TCTTCAC**A**ATTTAGTT

> 5.3-

SEQ ID NO:215

TGATGGGGAATAG**G**GC

> 2.4+

SEQ ID NO:208

GTGAAACTAAAT**A**GTG

> 5.4+

SEQ ID NO:216

AACGGC**G**CTATTCCCC

> 2.4-

SEQ ID NO:209

TCTTCAC**T**ATTTAGTT

> 5.4-

SEQ ID NO:217

TGATGGGGAATAG**C**GC

FIGURE 11

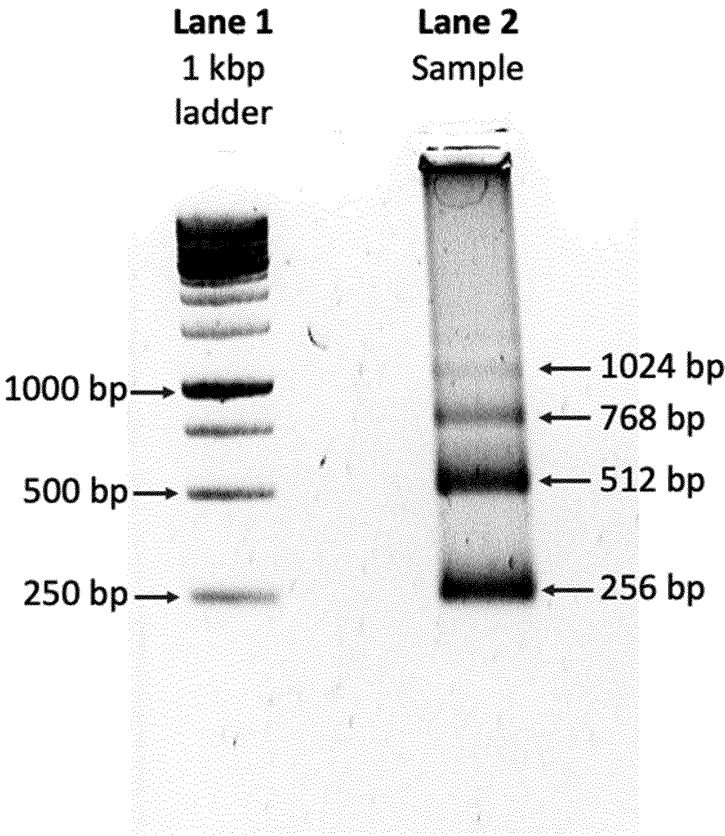


FIGURE 12

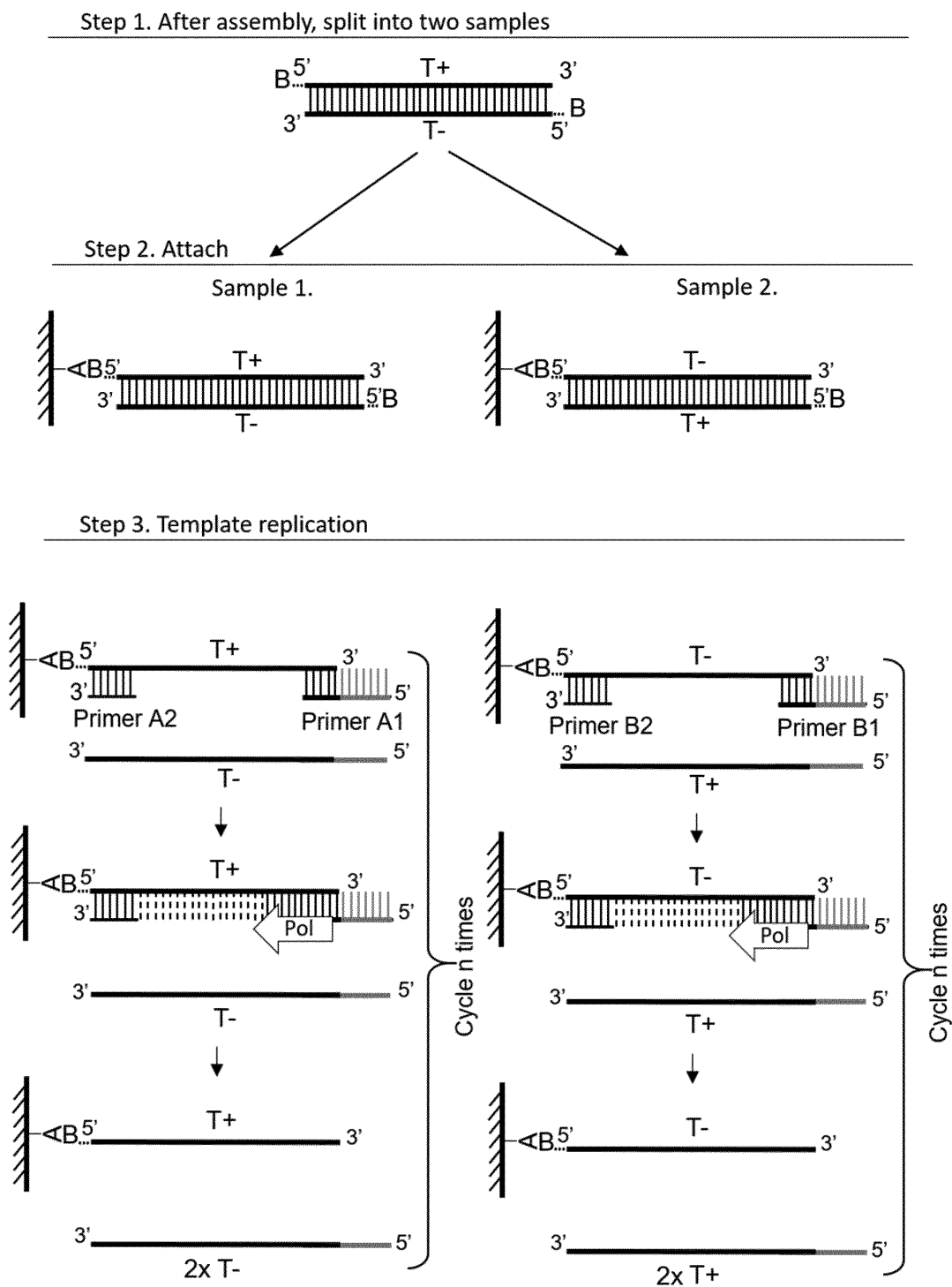


FIGURE 12 continued

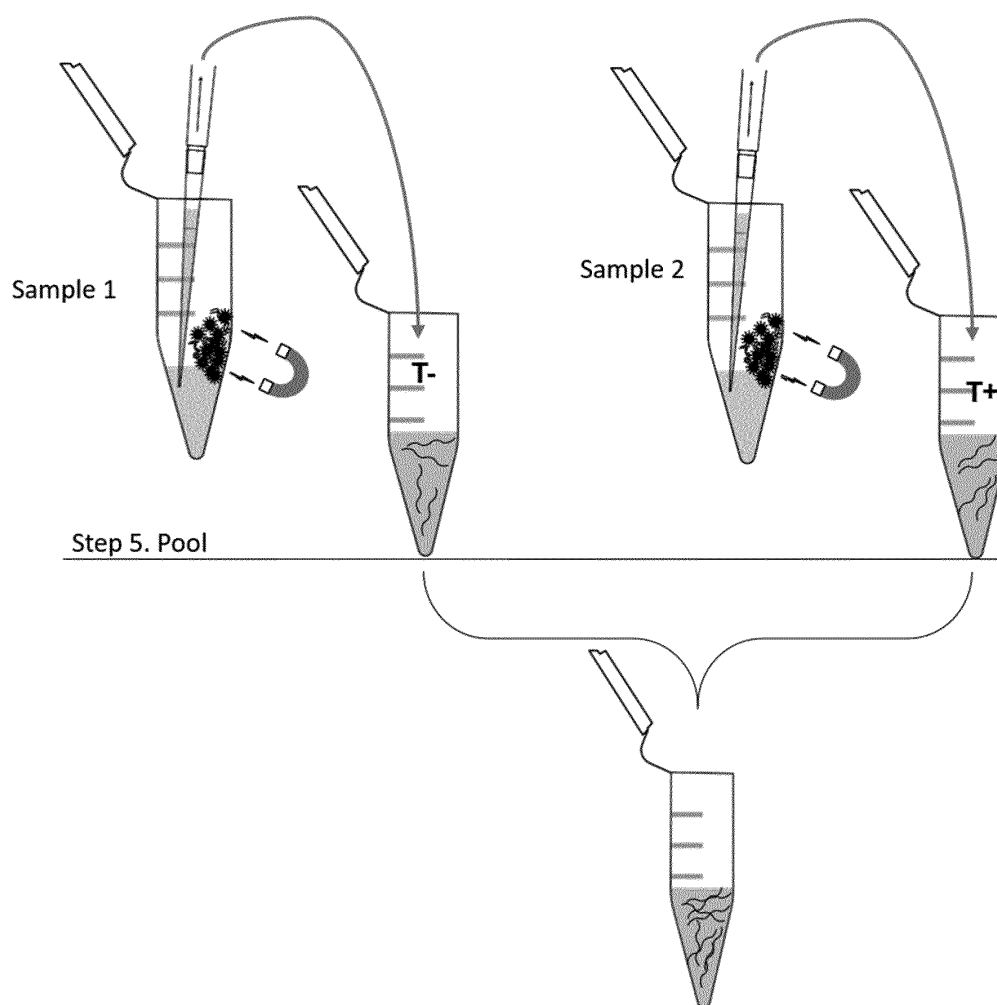
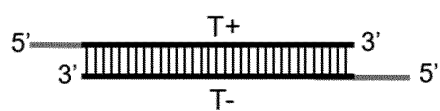
Step 4. SeparationStep 6. Anneal

FIGURE 13

> Ribbon_M13_1024 (SEQ ID NO:362)

AACGCTACTACTATTAGTAGAATTGATGCCACCTTTTCAGCTCGCGCCCCAAATGAAAATATAG
CTAAACAGGTTATTGACCATTTGCGAAATGTATCTAATGGTCAAACCTAAATCTACTCGTTCGCAGAATT
GGGAATCAACTGTTACATGGAATGAACTTCCAGACACCGTACTTTAGTTGCATATTTAAAAACATGTTG
AGCTACAGCACCAGATTGAGCAATTAAGCTCTAAGCCATCCGCAAAAATGACCTCTTATCAAAAAGGAGC
AATTAAAGGTACTCTCTAATCCTGACCTGTTGGAGTTTGCTTCCGGTCTGGTTCGCTTTGAAGCTCGAA
TTAAAACGCGATATTTGAAGTCTTTCGGGCTTCTCTTAATCTTTTTGATGCAATCCGCTTTGCTTCTG
ACTATAATAGTCAGGGTAAAGACCTGATTTTTGATTTATGGTCATTCTCGTTTTCTGAACTGTTTAAAG
CATTTGAGGGGGATTCAATGAATATTTATGACGATTCCGCAGTATTGGACGCTATCCAGTCTAAACATT
TTACTATTACCCCTCTGGCAAACTTCTTTTGCAAAAGCCTCTCGCTATTTTGGTTTTATCGTCGTC
TGGTAAACGAGGGTTATGATAGTGTTGCTCTTACTATGCCTCGTAATTCCTTTTGCGGTTATGTATCTG
CATTAGTTGAATGTGGTATTCCTAAATCTCAACTGATGAATCTTCTACCTGTAATAATGTTGTTCCGT
TAGTTCGTTTTATTAACGTAGATTTTTCTTCCCAACGTCCTGACTGGTATAATGAGCCAGTTCTTAAAA
TCGCATAAGGTAATTCACAATGATTAAAGTTGAAATTAAACCATCTCAAGCCCAATTTACTACTCGTTC
TGGTGTTCCTCGTCAGGGCAAGCCTTATTCACTGAATGAGCAGCTTTGTTACGTTGATTTGGGTAATGA
ATATCCGGTTCTTGTCAAGATTACTCTTGATGAAGGTCAGCCAGCCTATGCGCCTGGTCTGTA

>Oligo 1(lead) (SEQ ID NO:219)

AACGCTACTACTATTA

>Oligo 1(lag) (SEQ ID NO:220)

CTACTAATAGTAGTAG

>Oligo 2(lead) (SEQ ID NO:221)

GTAGAATTGATGCCAC

>Oligo 2(lag) (SEQ ID NO:222)

AAAGGTGGCATCAATT

>Oligo 3(lead) (SEQ ID NO:223)

CTTTTCAGCTCGCGCC

>Oligo 3(lag) (SEQ ID NO:224)

TTGGGGCGCGAGCTGA

>Oligo 4(lead) (SEQ ID NO:225)

CCAAATGAAAATATAG

>Oligo 4(lag) (SEQ ID NO:226)

TTAGCTATATTTTCAT

>Oligo 5(lead) (SEQ ID NO:227)

CTAAACAGGTTATTGA

>Oligo 5(lag) (SEQ ID NO:228)

ATGGTCAATAACCTGT

>Oligo 6 (lead) (SEQ ID NO:229)

CCATTTGCGAAATGTA

>Oligo 6 (lag) (SEQ ID NO:230)

TAGATACATTTGCAA

>Oligo 7 (lead) (SEQ ID NO:231)

TCTAATGGTCAAACCTA

>Oligo 7 (lag) (SEQ ID NO:232)

GATTTAGTTTGACCAT

>Oligo 8 (lead) (SEQ ID NO:233)

AATCTACTCGTTCGCA

>Oligo 8 (lag) (SEQ ID NO:234)

ATTCTGCGAACGAGTA

>Oligo 9 (lead) (SEQ ID NO:235)

GAATTGGGAATCAACT

>Oligo 9 (lag) (SEQ ID NO:236)

TAACAGTTGATTCCCA

>Oligo 10 (lead) (SEQ ID NO:237)

GTTACATGGAATGAAA

>Oligo 10 (lag) (SEQ ID NO:238)

GAAGTTTCATTCCATG

FIGURE 13 continued

>Oligo 11 (lead) (SEQ ID NO:239)	>Oligo 19 (lead) (SEQ ID NO:255)
CTTCCAGACACCGTAC	AATCCTGACCTGTTGG
>Oligo 11 (lag) (SEQ ID NO:240)	>Oligo 19 (lag) (SEQ ID NO:256)
TAAAGTACGGTGTCTG	AACTCCAACAGGTCAG
>Oligo 12 (lead) (SEQ ID NO:241)	>Oligo 20 (lead) (SEQ ID NO:257)
TTTAGTTGCATATTTA	AGTTTGCTTCCGGTCT
>Oligo 12 (lag) (SEQ ID NO:242)	>Oligo 20 (lag) (SEQ ID NO:258)
GTTTTAAATATGCAAC	AACCAGACCGGAAGCA
>Oligo 13 (lead) (SEQ ID NO:243)	>Oligo 21 (lead) (SEQ ID NO:259)
AAACATGTTGAGCTAC	GGTTCGCTTTGAAGCT
>Oligo 13 (lag) (SEQ ID NO:244)	>Oligo 21 (lag) (SEQ ID NO:260)
TGCTGTAGCTCAACAT	TTCGAGCTTCAAAGCG
>Oligo 14 (lead) (SEQ ID NO:245)	>Oligo 22 (lead) (SEQ ID NO:261)
AGCACCAGATTCAGCA	CGAATTAAAACGCGAT
>Oligo 14 (lag) (SEQ ID NO:246)	>Oligo 22 (lag) (SEQ ID NO:262)
TAATTGCTGAATCTGG	AAATATCGCGTTTAA
>Oligo 15 (lead) (SEQ ID NO:247)	>Oligo 23 (lead) (SEQ ID NO:263)
ATTAAGCTCTAAGCCA	ATTTGAAGTCTTTCGG
>Oligo 15 (lag) (SEQ ID NO:248)	>Oligo 23 (lag) (SEQ ID NO:264)
CGGATGGCTTAGAGCT	AAGCCCGAAAGACTTC
>Oligo 16 (lead) (SEQ ID NO:249)	>Oligo 24 (lead) (SEQ ID NO:265)
TCCGCAAAAATGACCT	GCTTCCTCTTAATCTT
>Oligo 16 (lag) (SEQ ID NO:250)	>Oligo 24 (lag) (SEQ ID NO:266)
TAAGAGGTCATTTTTTG	CAAAAAGATTAAGAGG
>Oligo 17 (lead) (SEQ ID NO:251)	>Oligo 25 (lead) (SEQ ID NO:267)
CTTATCAAAAGGAGCA	TTTGATGCAATCCGCT
>Oligo 17 (lag) (SEQ ID NO:252)	>Oligo 25 (lag) (SEQ ID NO:268)
TAATTGCTCCTTTTGA	GCAAAGCGGATTGCAT
>Oligo 18 (lead) (SEQ ID NO:253)	>Oligo 26 (lead) (SEQ ID NO:269)
ATTAAAGGTACTCTCT	TTGCTTCTGACTATAA
>Oligo 18 (lag) (SEQ ID NO:254)	>Oligo 26 (lag) (SEQ ID NO:270)
GATTAGAGAGTACCTT	ACTATTATAGTCAGAA

FIGURE 13 continued

>Oligo 27 (lead) (SEQ ID NO:271)	>Oligo 35 (lead) (SEQ ID NO:287)
TAGTCAGGGTAAAGAC	ATTTTACTATTACCCC
>Oligo 27 (lag) (SEQ ID NO:272)	>Oligo 35 (lag) (SEQ ID NO:288)
TCAGGTCTTTACCCCTG	AGAGGGGGTAATAGTA
>Oligo 28 (lead) (SEQ ID NO:273)	>Oligo 36 (lead) (SEQ ID NO:289)
CTGATTTTTGATTTAT	CTCTGGCAAACTTCT
>Oligo 28 (lag) (SEQ ID NO:274)	>Oligo 36 (lag) (SEQ ID NO:290)
GACCATAAATCAAAAA	CAAAAGAAGTTTTGCC
>Oligo 29 (lead) (SEQ ID NO:275)	>Oligo 37 (lead) (SEQ ID NO:291)
GGTCATTCTCGTTTTCT	TTTGCAAAAGCCTCTC
>Oligo 29 (lag) (SEQ ID NO:276)	>Oligo 37 (lag) (SEQ ID NO:292)
GTTTCAGAAAACGAGAAT	TAGCGAGAGGCTTTTG
>Oligo 30 (lead) (SEQ ID NO:277)	>Oligo 38 (lead) (SEQ ID NO:293)
GAACGTGTTTAAAGC	GCTATTTTGTTTTTA
>Oligo 30 (lag) (SEQ ID NO:278)	>Oligo 38 (lag) (SEQ ID NO:294)
AAATGCTTTTAAACA	ACGATAAAAAACCAAAA
>Oligo 31 (lead) (SEQ ID NO:279)	>Oligo 39 (lead) (SEQ ID NO:295)
ATTTGAGGGGGATTCAA	TCGTCGTCTGGTAAAC
>Oligo 31 (lag) (SEQ ID NO:280)	>Oligo 39 (lag) (SEQ ID NO:296)
TTCATTGAATCCCCCTC	CCTCGTTTACCAGACG
>Oligo 32 (lead) (SEQ ID NO:281)	>Oligo 40 (lead) (SEQ ID NO:297)
TGAATATTTATGACGA	GAGGGTTATGATAGTG
>Oligo 32 (lag) (SEQ ID NO:282)	>Oligo 40 (lag) (SEQ ID NO:298)
GGAATCGTCATAAATA	GCAACACTATCATAAC
>Oligo 33 (lead) (SEQ ID NO:283)	>Oligo 41 (lead) (SEQ ID NO:299)
TTCCGCAGTATTGGA	TTGCTCTTACTATGCC
>Oligo 33 (lag) (SEQ ID NO:284)	>Oligo 41 (lag) (SEQ ID NO:300)
AGCGTCCAATACTGC	ACGAGGCATAGTAAGA
>Oligo 34 (lead) (SEQ ID NO:285)	>Oligo 42 (lead) (SEQ ID NO:301)
CGCTATCCAGTCTAAAC	TCGTAATTCCTTTTGG
>Oligo 34 (lag) (SEQ ID NO:286)	>Oligo 42 (lag) (SEQ ID NO:302)
AAATGTTTAGACTGGAT	AACGCCAAAAGGAATT

FIGURE 13 continued

>Oligo 43 (lead) (SEQ ID NO:303)	>Oligo 51 (lead) (SEQ ID NO:319)
CGTTATGTATCTGCAT	TGGTATAATGAGCCAGT
>Oligo 43 (lag) (SEQ ID NO:304)	>Oligo 51 (lag) (SEQ ID NO:320)
ACTAATGCAGATACAT	AAGAACTGGCTCATTAT
>Oligo 44 (lead) (SEQ ID NO:305)	>Oligo 52 (lead) (SEQ ID NO:321)
TAGTTGAATGTGGTAT	TCTTAAAATCGCATAA
>Oligo 44 (lag) (SEQ ID NO:306)	>Oligo 52 (lag) (SEQ ID NO:322)
AGGAATACCACATTCA	TACCTTATGCGATTTT
>Oligo 45 (lead) (SEQ ID NO:307)	>Oligo 53 (lead) (SEQ ID NO:323)
TCCTAAATCTCAACTG	GGTAATTCACAATGAT
>Oligo 45 (lag) (SEQ ID NO:308)	>Oligo 53 (lag) (SEQ ID NO:324)
TCATCAGTTGAGATTT	TTTAATCATTGTGAAT
>Oligo 46 (lead) (SEQ ID NO:309)	>Oligo 54 (lead) (SEQ ID NO:325)
ATGAATCTTTCTACCT	TAAAGTTGAAATTAAA
>Oligo 46 (lag) (SEQ ID NO:310)	>Oligo 54 (lag) (SEQ ID NO:326)
TTACAGGTAGAAAGAT	ATGGTTTAATTTCAAC
>Oligo 47 (lead) (SEQ ID NO:311)	>Oligo 55 (lead) (SEQ ID NO:327)
GTAATAATGTTGTTCCG	CCATCTCAAGCCCAAT
>Oligo 47 (lag) (SEQ ID NO:312)	>Oligo 55 (lag) (SEQ ID NO:328)
CTAACGGAACAACATTA	GTAAATTGGGCTTGAG
>Oligo 48 (lead) (SEQ ID NO:313)	>Oligo 56 (lead) (SEQ ID NO:329)
TTAGTTCGTTTTAT	TTACTACTCGTTCTGGT
>Oligo 48 (lag) (SEQ ID NO:314)	>Oligo 56 (lag) (SEQ ID NO:330)
GTTAATAAAACGAA	AAACACCAGAACGAGTA
>Oligo 49 (lead) (SEQ ID NO:315)	>Oligo 57 (lead) (SEQ ID NO:331)
TAACGTAGATTTTTCT	GTTTCTCGTCAGGGCA
>Oligo 49 (lag) (SEQ ID NO:316)	>Oligo 57 (lag) (SEQ ID NO:332)
GGGAAGAAAAATCTAC	GGCTTGCCCTGACGAG
>Oligo 50 (lead) (SEQ ID NO:317)	>Oligo 58 (lead) (SEQ ID NO:333)
TCCCAACGTCCTGAC	AGCCTTATTCACTGAA
>Oligo 50 (lag) (SEQ ID NO:318)	>Oligo 58 (lag) (SEQ ID NO:334)
ACCAGTCAGGACGTT	CTCATTCAGTGAATAA

FIGURE 13 continued

>Oligo 59 (lead) (SEQ ID NO:335)

TGAGCAGCTTTGTTAC

>Oligo 59 (lag) (SEQ ID NO:336)

CAACGTAACAAAGCTG

>Oligo 60 (lead) (SEQ ID NO:337)

GTTGATTTGGGTAATG

>Oligo 60 (lag) (SEQ ID NO:338)

TATTCATTACCCAAAT

>Oligo 61 (lead) (SEQ ID NO:339)

AATATCCGGTTCTTGT

>Oligo 61 (lag) (SEQ ID NO:340)

CTTGACAAGAACCGGA

>Oligo 62 (lead) (SEQ ID NO:341)

CAAGATTACTCTTGAT

>Oligo 62 (lag) (SEQ ID NO:342)

CTTCATCAAGAGTAAT

>Oligo 63 (lead) (SEQ ID NO:343)

GAAGGTCAGCCAGCCT

>Oligo 63 (lag) (SEQ ID NO:344)

GCATAGGCTGGCTGAC

>Oligo 64 (lead) (SEQ ID NO:345)

ATGCGCCTGGTCTGTA

>Oligo 64 (lag) (SEQ ID NO:346)

TACAGACCAGGC

FIGURE 14

