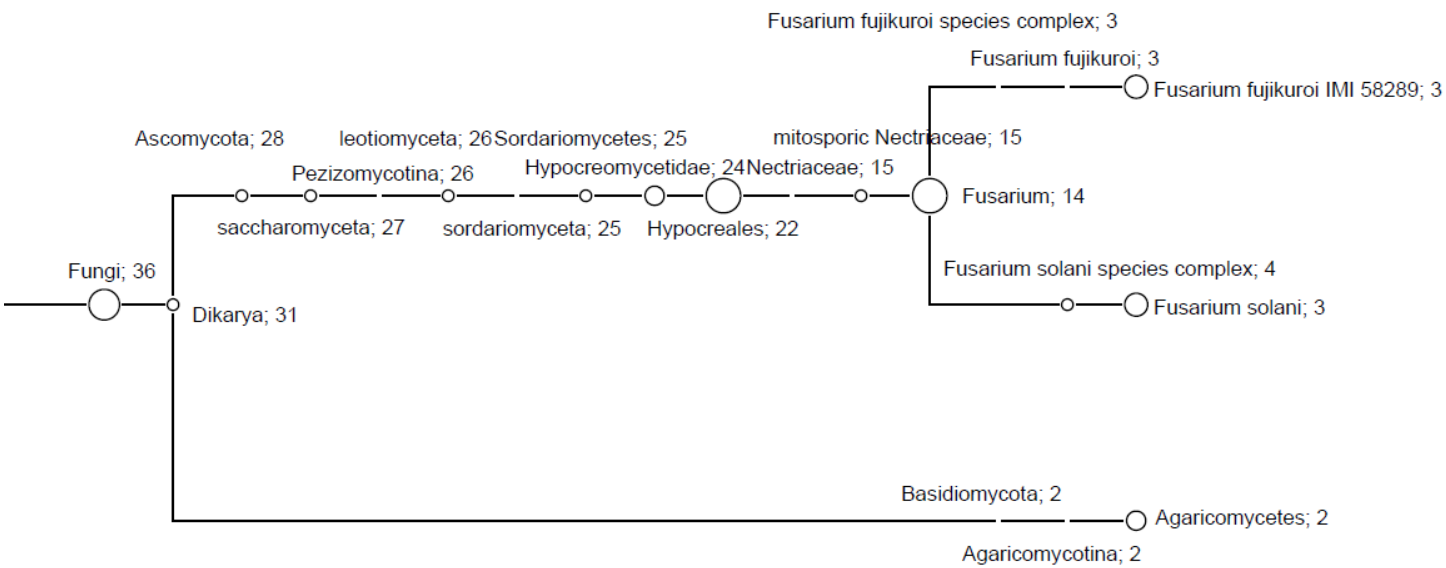
Suppl Fig 3

A



B

```
Score            Expect           Identities       Gaps             Strand
1334 bits(722)   0.0              722/722(100%)    0/722(0%)        Plus/Plus

ERR248695 213  GGGGCGAAAGACTAATCGAACCTTCTAGTAGCTGGTTTCCGCCGAAGTTTCCCTCAGGATAGCAGTGTTGAACTCAGTTTTATGAGGTAAAGCGAATGATTAGGGACTCGGGGGCGCTAT  332
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Contig_44    1 GGGGCGAAAGACTAATCGAACCTTCTAGTAGCTGGTTTCCGCCGAAGTTTCCCTCAGGATAGCAGTGTTGAACTCAGTTTTATGAGGTAAAGCGAATGATTAGGGACTCGGGGGCGCTAT  120

ERR248695 333  TTAGCCTTCATCCATTCTCAAACTTTAAATATGTAAGAAGCCCTTGTTACTTAATTGAACGTGGGCATTCGAATGTATCAACACTAGTGGGCCATTTTTGGTAAGCAGAACTGGCGATGC  452
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Contig_44  121 TTAGCCTTCATCCATTCTCAAACTTTAAATATGTAAGAAGCCCTTGTTACTTAATTGAACGTGGGCATTCGAATGTATCAACACTAGTGGGCCATTTTTGGTAAGCAGAACTGGCGATGC  240

ERR248695 453  GGGATGAACCGAACGCGAGGTTAAGGTGCCAGAGTAGACGCTCATCAGACACCACAAAAGGTGTTAGTACATCTTGACAGCAGGACGGTGGCCATGGAAGTCGGAATCCGCTAAGGACTG  572
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Contig_44  241 GGGATGAACCGAACGCGAGGTTAAGGTGCCAGAGTAGACGCTCATCAGACACCACAAAAGGTGTTAGTACATCTTGACAGCAGGACGGTGGCCATGGAAGTCGGAATCCGCTAAGGACTG  360

ERR248695 573  TGTAACAACTCACCTGCCGAATGTACTAGCCCTGAAAATGGATGGCGCTCAAGCGTCTCACCCATACCTCGCCCTCAGGGTAGAAACGATGCCCTGAGGAGTAGGCGGACGTGGAGGTCG  692
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Contig_44  361 TGTAACAACTCACCTGCCGAATGTACTAGCCCTGAAAATGGATGGCGCTCAAGCGTCTCACCCATACCTCGCCCTCAGGGTAGAAACGATGCCCTGAGGAGTAGGCGGACGTGGAGGTCG  480

ERR248695 693  TGACGAAGCCTAGGGCGTGAGCCCGGGTCGAACGGCCTCTAGTGCAGATCTTGGTGGTAGTAGCAAATACTTCAATGAGAACTTGAAGGACCGAAGTGGGGAAAGGTTCCATGTGAACAG  812
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Contig_44  481 TGACGAAGCCTAGGGCGTGAGCCCGGGTCGAACGGCCTCTAGTGCAGATCTTGGTGGTAGTAGCAAATACTTCAATGAGAACTTGAAGGACCGAAGTGGGGAAAGGTTCCATGTGAACAG  600

ERR248695 813  CGGTTGGACATGGGTTAGTCGATCCTAAGCTATAGGGAAGTTCCGTTTCAAAGGCGCACTTGTGCGCCGTCTAGCGAAAGGGGAGCCGGTCAATATTCCGGCACCTGGATGTGGGTTTTG  932
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Contig_44  601 CGGTTGGACATGGGTTAGTCGATCCTAAGCTATAGGGAAGTTCCGTTTCAAAGGCGCACTTGTGCGCCGTCTAGCGAAAGGGGAGCCGGTCAATATTCCGGCACCTGGATGTGGGTTTTG  720
```