Gene: TLR8 ENSCHIG00000016625
Transcript: TLR8-201 ENSCHIT00000024133.1
Genome assembly: ARS1 (GCA_001704415.1) Ensembl

cDNA sequence with SNP localization:

```
  1 ATGACCCTTCGCTTTTTGCTTCTGACCTCCCTTTTCCTGCTCATCTCCGATTCCTGTGAG    60
  1 ATGACCCTTCGCTTTTTGCTTCTGACCTCCCTTTTCCTGCTCATCTCCGATTCCTGTGAG    60
  1 -M--T--L--R--F--L--L--L--T--S--L--F--L--L--I--S--D--S--C--E-    20

 61 TTCTTCACTGAAGCCAGTTATCCCCGAAGCTATCCTTGCGATGTGAAAAACAAAAATGGC   120
 61 TTCTTCACTGAAGCCAGTTATCCCCGAAGCTATCCTTGCGATGTGAAAAACAAAAATGGC   120
 21 -F--F--T--E--A--S--Y--P--R--S--Y--P--C--D--V--K--N--K--N--G-    40

121 TCTTTTATTGCAGAATGTAACAGTCGTCGATTACAGGAAGTACCCCAAACAGTGGACAAA   180
121 TCTTTTATTGCAGAATGTAACAGTCGTCGATTACAGGAAGTACCCCAAACAGTGGACAAA   180
 41 -S--F--I--A--E--C--N--S--R--R--L--Q--E--V--P--Q--T--V--D--K-    60

181 GCTGTGACAGAAGTAGACCTGTCTGATAATTTCATCACACGTATAACGAATGAATCCTTT   240
181 GCTGTGACAGAAGTAGACCTGTCTGATAATTTCATCACACGTATAACGAATGAATCCTTT   240
 61 -A--V--T--E--V--D--L--S--D--N--F--I--T--R--I--T--N--E--S--F-    80

241 CAAGGGCTGCAAAATCTGACTAAAATCAACCTGAACCATAATGCCAAGTCCCAGAGTGGA   300
241 CAAGGGCTGCAAAATCTGACTAAAATCAACCTGAACCATAATGCCAAGTCCCAGAGTGGA   300
 81 -Q--G--L--Q--N--L--T--K--I--N--L--N--H--N--A--K--S--Q--S--G-   100

301 AATCCTGCTGTAAAGAAAGCTATGACTATTACAGACGGGGCATTTCTCAACCTCAAACAC   360
301 AATCCTGCTGTAAAGAAAGCTATGACTATTACAGACGGGGCATTTCTCAACCTCAAACAC   360
101 -N--P--A--V--K--K--A--M--T--I--T--D--G--A--F--L--N--L--K--H-   120

361 CTAAGGGAGTTGCTGCTGGAAGACAACCAGTTACAAGAAATACCGGCTGGTTTGCCAGAA   420
361 CTAAGGGAGTTGCTGCTGGAAGACAACCAGTTACAAGAAATACCGGCTGGTTTGCCAGAA   420
121 -L--R--E--L--L--L--E--D--N--Q--L--Q--E--I--P--A--G--L--P--E-   140

421 TCTTTGAAAGAACTTAGTCTAATTCAAAACAATATAATTACGTTAACGAAAAAGAACACT   480
421 TCTTTGAAAGAACTTAGTCTAATTCAAAACAATATAATTACGTTAACGAAAAAGAACACT   480
141 -S--L--K--E--L--S--L--I--Q--N--N--I--I--T--L--T--K--K--N--T-   160
```

LWLT01000021.1_50666071_A/G synonymous variant

```
481 TCTGGACTTGGGAACCTGGAACGTCTCTATTTGGGCTGGAACTGTTATTTTGCTTGTAGT   540
481 TCTGGACTTGGGAACCTGGAACGTCTCTATTTGGGCTGGAACTGTTATTTTGCTTGTAGT   540
161 -S--G--L--G--N--L--E--R--L--Y--L--G--W--N--C--Y--F--A--C--S-   180

541 AAAAAATTTAGCATAGAAAATGGAGCATTCCAAAACCTTACCAAGTTGAAGGTGCTGTCA   600
541 AAAAAATTTAGCATAGAAAATGGAGCATTCCAAAACCTTACCAAGTTGAAGGTGCTGTCA   600
181 -K--K--F--S--I--E--N--G--A--F--Q--N--L--T--K--L--K--V--L--S-   200

601 TTATCTTTTAATCCCCTTCACAGCGTGCCACCGAGTCTGCCAAGCTCGCTAACAGAACTC   660
```

```
 601 TTATCTTTTAATCCCCTTCACAGCGTGCCACCGAGTCTGCCAAGCTCGCTAACAGAACTC    660
 201 -L--S--F--N--P--L--H--S--V--P--P--S--L--P--S--S--L--T--E--L-    220

 661 TACCTTAGCAATACCCATATTGGAAACGTCAGTGAAGAAGACTTCAAGGAACTGAGCAAT    720
 661 TACCTTAGCAATACCCATATTGGAAACGTCAGTGAAGAAGACTTCAAGGAACTGAGCAAT    720
 221 -Y--L--S--N--T--H--I--G--N--V--S--E--E--D--F--K--E--L--S--N-    240

 721 TTAAGAGTACTAGATTTAAGTGGAAACTGCCCGAGATGTTTTAACGCTCCGTTTCCCTGT    780
 721 TTAAGAGTACTAGATTTAAGTGGAAACTGCCCGAGATGTTTTAACGCTCCGTTTCCCTGT    780
 241 -L--R--V--L--D--L--S--G--N--C--P--R--C--F--N--A--P--F--P--C-    260

 781 GTACCTTGCCAAGGAGGTGCTTCAATTCAGATACACCCTCTTGCTTTTCAAACTCTGACC    840
 781 GTACCTTGCCAAGGAGGTGCTTCAATTCAGATACACCCTCTTGCTTTTCAAACTCTGACC    840
 261 -V--P--C--Q--G--G--A--S--I--Q--I--H--P--L--A--F--Q--T--L--T-    280

 841 CAACTTCGCTACCTAAACCTCTCTAGCACTTCGCTCCGGAAGGTTCCTGCCAGCTGGTTT    900
 841 CAACTTCGCTACCTAAACCTCTCTAGCACTTCGCTCCGGAAGGTTCCTGCCAGCTGGTTT    900
 281 -Q--L--R--Y--L--N--L--S--S--T--S--L--R--K--V--P--A--S--W--F-    300

 901 GACAACATGCACAATCTGAAGGTGTTGGATCTTGAATTCAACTATTTAATGGACGAAATA    960
 901 GACAACATGCACAATCTGAAGGTGTTGGATCTTGAATTCAACTATTTAATGGACGAAATA    960
 301 -D--N--M--H--N--L--K--V--L--D--L--E--F--N--Y--L--M--D--E--I-    320

 961 GCCTCGGGGGAATTTTTGACAAAATTGCCCTCCTTAGAAATACTTGATTTATCTTACAAC   1020
 961 GCCTCGGGGGAATTTTTGACAAAATTGCCCTCCTTAGAAATACTTGATTTATCTTACAAC   1020
 321 -A--S--G--E--F--L--T--K--L--P--S--L--E--I--L--D--L--S--Y--N-    340

1021 TACGAACTGAAAAAATATCCTCAGCACATTAACATTTCCAAAAATTTCTCAAAGCTTATA   1080
1021 TACGAACTGAAAAAATATCCTCAGCACATTAACATTTCCAAAAATTTCTCAAAGCTTATA   1080
 341 -Y--E--L--K--K--Y--P--Q--H--I--N--I--S--K--N--F--S--K--L--I-    360

1081 TCTCTCCAGATGTTGCATTTAAGAGGTTATGTGTTCCAGGAACTTAGAAGGAAAGATTTC   1140
1081 TCTCTCCAGATGTTGCATTTAAGAGGTTATGTGTTCCAGGAACTTAGAAGGAAAGATTTC   1140
 361 -S--L--Q--M--L--H--L--R--G--Y--V--F--Q--E--L--R--R--K--D--F-    380

1141 AAGCCCCTGCAGCACCTCTCAAATTTAACGACTATCAACTTGGGTGTTAACTTTATTAAG   1200
1141 AAGCCCCTGCAGCACCTCTCAAATTTAACGACTATCAACTTGGGTGTTAACTTTATTAAG   1200
 381 -K--P--L--Q--H--L--S--N--L--T--T--I--N--L--G--V--N--F--I--K-    400

1201 CAGATTGATTTTAGCATTTTCCACTGGTTCCCCAACCTGAAAATCGTTTACTTGTCAGAA   1260
1201 CAGATTGATTTTAGCATTTTCCACTGGTTCCCCAACCTGAAAATCGTTTACTTGTCAGAA   1260
 401 -Q--I--D--F--S--I--F--H--W--F--P--N--L--K--I--V--Y--L--S--E-    420

1261 AACAGAATATCGCCCTTGGTCAGTGATACTGAGCAACATGATGCAAATAGGACCTTTTTC   1320
1261 AACAGAATATCGCCCTTGGTCAGTGATACTGAGCAACATGATGCAAATAGGACCTTTTTC   1320
 421 -N--R--I--S--P--L--V--S--D--T--E--Q--H--D--A--N--R--T--F--F-    440

1321 CAGAGTCACATCCTGAAGCGACGCTCAGCTGATATTCAATTTGACCCACATTCGAATTTT   1380
1321 CAGAGTCACATCCTGAAGCGACGCTCAGCTGATATTCAATTTGACCCACATTCGAATTTT   1380
 441 -Q--S--H--I--L--K--R--R--S--A--D--I--Q--F--D--P--H--S--N--F-    460
```

```
1381 TATCATAACACCCATCCTTTAATAAAGACAGAATGTTCACGTCTTGGCAATGCCTTAGAT   1440
1381 TATCATAACACCCATCCTTTAATAAAGACAGAATGTTCACGTCTTGGCAATGCCTTAGAT   1440
 461 -Y--H--N--T--H--P--L--I--K--T--E--C--S--R--L--G--N--A--L--D-    480

1441 TTAAGCTTGAACAGTATTTTCTTTATTGGGGTAAACCAGTTTAAAGATTTTGGAAACATT   1500
1441 TTAAGCTTGAACAGTATTTTCTTTATTGGGGTAAACCAGTTTAAAGATTTTGGAAACATT   1500
 481 -L--S--L--N--S--I--F--F--I--G--V--N--Q--F--K--D--F--G--N--I-    500

1501 TCCTGTTTAAATCTGTCTTCAAATGGCAATGGCCAGGTGTTAAATGGAACGGAATTTTCA   1560
1501 TCCTGTTTAAATCTGTCTTCAAATGGCAATGGCCAGGTGTTAAATGGAACGGAATTTTCA   1560
 501 -S--C--L--N--L--S--S--N--G--N--G--Q--V--L--N--G--T--E--F--S-    520

1561 CGCTTGTCTGGTATCAAGTATTTGGATTTGACAAACAATAGACTAGACTTTGATGATGAT   1620
1561 CGCTTGTCTGGTATCAAGTATTTGGATTTGACAAACAATAGACTAGACTTTGATGATGAT   1620
 521 -R--L--S--G--I--K--Y--L--D--L--T--N--N--R--L--D--F--D--D--D-    540

1621 GCTGCTTTCAGTGAGTTGCCATTGTTGGAAGTTCTCGATCTCAGCTACAATGCGCACTAT   1680
1621 GCTGCTTTCAGTGAGTTGCCATTGTTGGAAGTTCTCGATCTCAGCTACAATGCGCACTAT   1680
 541 -A--A--F--S--E--L--P--L--L--E--V--L--D--L--S--Y--N--A--H--Y-    560

1681 TTCCGAATAGCAGGGGTAACGCACCGTCTAGGATTTATTGAGCATTTAACTAACCTGAGA   1740
1681 TTCCGAATAGCAGGGGTAACGCACCGTCTAGGATTTATTGAGCATTTAACTAACCTGAGA   1740
 561 -F--R--I--A--G--V--T--H--R--L--G--F--I--E--H--L--T--N--L--R-    580

1741 GTTTTAAACTTGAGCAACAATGACATTTTTACTTTAACAGAAACACAACTGAAAAGCGCG   1800
1741 GTTTTAAACTTGAGCAACAATGACATTTTTACTTTAACAGAAACACAACTGAAAAGCGCG   1800
 581 -V--L--N--L--S--N--N--D--I--F--T--L--T--E--T--Q--L--K--S--A-    600

1801 TCCCTAGGAGAATTAGTTTTCAGTGGGAACCGCCTTGACCTTCTGTGGAATGCTCAAGAT   1860
1801 TCCCTAGGAGAATTAGTTTTCAGTGGGAACCGCCTTGACCTTCTGTGGAATGCTCAAGAT   1860
 601 -S--L--G--E--L--V--F--S--G--N--R--L--D--L--L--W--N--A--Q--D-    620
```

LWLT01000021.1_50664682_A/G synonymous variant

```
1861 GTCAGGTACTGGCAAATTTTTCAAAATCTCACCAATCTGACCCGGCTTGACTTAGCCCGT   1920
1861 GTCAGGTACTGGCAAATTTTTCAAAATCTCACCAATCTGACCCGGCTTGACTTAGCCCGT   1920
 621 -V--R--Y--W--Q--I--F--Q--N--L--T--N--L--T--R--L--D--L--A--R-    640

1921 AATAACCTTCAGCATATCTCCAGTCAGACCTTCCTTAACTTGCCCAGGACTCTCACTGAC   1980
1921 AATAACCTTCAGCATATCTCCAGTCAGACCTTCCTTAACTTGCCCAGGACTCTCACTGAC   1980
 641 -N--N--L--Q--H--I--S--S--Q--T--F--L--N--L--P--R--T--L--T--D-    660

1981 CTATATATAAATGATAACATGTTAAATTTCTTTAACTGGTCATTACTGGAATACTTCCCT   2040
1981 CTATATATAAATGATAACATGTTAAATTTCTTTAACTGGTCATTACTGGAATACTTCCCT   2040
 661 -L--Y--I--N--D--N--M--L--N--F--F--N--W--S--L--L--E--Y--F--P-    680

2041 CACCTCAGGTTGCTTGACTTAAGTGGAAACCAGCTGTTCTTTTTAACCAATAGCCTATCT   2100
2041 CACCTCAGGTTGCTTGACTTAAGTGGAAACCAGCTGTTCTTTTTAACCAATAGCCTATCT   2100
 681 -H--L--R--L--L--D--L--S--G--N--Q--L--F--F--L--T--N--S--L--S-    700
```

```
2101 ACATTTGCATCTTCTCTTGAGACGCTACTACTGAGTCGAAACAGAATTTCCCACCTGCCA   2160
2101 ACATTTGCATCTTCTCTTGAGACGCTACTACTGAGTCGAAACAGAATTTCCCACCTGCCA   2160
 701 -T--F--A--S--S--L--E--T--L--L--L--S--R--N--R--I--S--H--L--P-    720

2161 TCTGACTTTCTTTCTGGAGCCAGCAGCCTGATACACCTCGATTTGAGCTCCAACCAGCTC   2220
2161 TCTGACTTTCTTTCTGGAGCCAGCAGCCTGATACACCTCGATTTGAGCTCCAACCAGCTC   2220
 721 -S--D--F--L--S--G--A--S--S--L--I--H--L--D--L--S--S--N--Q--L-    740

2221 AAGATGCTCAACAGATCCACGTTTGAAACGAAGACCGCCACCAAGTTAACCATTTTGGAA   2280
2221 AAGATGCTCAACAGATCCACGTTTGAAACGAAGACCGCCACCAAGTTAACCATTTTGGAA   2280
 741 -K--M--L--N--R--S--T--F--E--T--K--T--A--T--K--L--T--I--L--E-    760
```

LWLT01000021.1_50664208_C/T synonymous variant

```
2281 CTAGGGAGTAACCCTTTTGACTGTACCTGTGACTTCGGAGATTTTCGAGAATGGATGGAC   2340
2281 CTAGGGAGTAACCCTTTTGACTGTACCTGTGACTTCGGAGATTTTCGAGAATGGATGGAC   2340
 761 -L--G--S--N--P--F--D--C--T--C--D--F--G--D--F--R--E--W--M--D-    780

2341 GGAAATCTGAACGTCAGGGTTCCCAGACTGACCGATGTCATTTGTGCTAGTCCTGGGGAT   2400
2341 GGAAATCTGAACGTCAGGGTTCCCAGACTGACCGATGTCATTTGTGCTAGTCCTGGGGAT   2400
 781 -G--N--L--N--V--R--V--P--R--L--T--D--V--I--C--A--S--P--G--D-    800

2401 CAAGAAGGCAAGAGCATTGTGAGTCTAGACCTCACCACTTGTGTTTCAGATACCATTGCG   2460
2401 CAAGAAGGCAAGAGCATTGTGAGTCTAGACCTCACCACTTGTGTTTCAGATACCATTGCG   2460
 801 -Q--E--G--K--S--I--V--S--L--D--L--T--T--C--V--S--D--T--I--A-    820
```

LWLT01000021.1_50664064_C/T synonymous variant

```
2461 GCCATATTCTGTTTCTTAACCTTTTCTGTCACCATCTCAGTGATGCTGGCTGCCCTGGCC   2520
2461 GCCATATTCTGTTTCTTAACCTTTTCTGTCACCATCTCAGTGATGCTGGCTGCCCTGGCC   2520
 821 -A--I--F--C--F--L--T--F--S--V--T--I--S--V--M--L--A--A--L--A-    840

2521 CACCACTGGTTTTACTGGGATGCTTGGTTTATCTACCATGTGTGCTTAGCTAAGGTCAAA   2580
2521 CACCACTGGTTTTACTGGGATGCTTGGTTTATCTACCATGTGTGCTTAGCTAAGGTCAAA   2580
 841 -H--H--W--F--Y--W--D--A--W--F--I--Y--H--V--C--L--A--K--V--K-    860

2581 GGCTACAGGTCTCTGTCCACATCCCAGACTTTCTACGATGCTTATGTTTCTTATGACACC   2640
2581 GGCTACAGGTCTCTGTCCACATCCCAGACTTTCTACGATGCTTATGTTTCTTATGACACC   2640
 861 -G--Y--R--S--L--S--T--S--Q--T--F--Y--D--A--Y--V--S--Y--D--T-    880

2641 AAAGACGCTTCTGTCACGGACTGGGTGATCAATGAATTGCGCTTCCACCTGGAAGAGAGT   2700
2641 AAAGACGCTTCTGTCACGGACTGGGTGATCAATGAATTGCGCTTCCACCTGGAAGAGAGT   2700
 881 -K--D--A--S--V--T--D--W--V--I--N--E--L--R--F--H--L--E--E--S-    900

2701 GAGGACAAGAACGTGCTCCTGTGTTTAGAGGAAAGGGATTGGGACCCGGGTCTAGCCATC   2760
2701 GAGGACAAGAACGTGCTCCTGTGTTTAGAGGAAAGGGATTGGGACCCGGGTCTAGCCATC   2760
 901 -E--D--K--N--V--L--L--C--L--E--E--R--D--W--D--P--G--L--A--I-    920

2761 ATCGACAACCTCATGCAGAGCATCAACCAAAGCAAGAAAACAATATTTGTTTTAACCAAA   2820
```

```
2761 ATCGACAACCTCATGCAGAGCATCAACCAAAGCAAGAAAACAATATTTGTTTTAACCAAA   2820
 921 -I--D--N--L--M--Q--S--I--N--Q--S--K--K--T--I--F--V--L--T--K-    940

2821 AAATATGCCAAAAACTGGAATTTTAAAACGGCATTCTACTTGGCCTTGCAGAGGCTAATG   2880
2821 AAATATGCCAAAAACTGGAATTTTAAAACGGCATTCTACTTGGCCTTGCAGAGGCTAATG   2880
 941 -K--Y--A--K--N--W--N--F--K--T--A--F--Y--L--A--L--Q--R--L--M-    960

2881 GAGGAGAATATGGATGTGATTGTCTTTATTCTGCTGGAGCCAGTGTTGCAGCATTCGCAG   2940
2881 GAGGAGAATATGGATGTGATTGTCTTTATTCTGCTGGAGCCAGTGTTGCAGCATTCGCAG   2940
 961 -E--E--N--M--D--V--I--V--F--I--L--L--E--P--V--L--Q--H--S--Q-    980

2941 TATTTGAGGCTGCGGCAGAGGATCTGCAAGAGTTCCATCCTCCAGTGGCCTGATAACCCC   3000
2941 TATTTGAGGCTGCGGCAGAGGATCTGCAAGAGTTCCATCCTCCAGTGGCCTGATAACCCC   3000
 981 -Y--L--R--L--R--Q--R--I--C--K--S--S--I--L--Q--W--P--D--N--P-   1000

3001 AAGGCGGAAGGCTTGTTTTGGCAGAGTCTGAAAAATGTCGTCCTAACAGCCAACGATTCA   3060
3001 AAGGCGGAAGGCTTGTTTTGGCAGAGTCTGAAAAATGTCGTCCTAACAGCCAACGATTCA   3060
1001 -K--A--E--G--L--F--W--Q--S--L--K--N--V--V--L--T--A--N--D--S-   1020

3061 CGGATCTTCTGTCCGTTGCAGTATGAATCTTGAAGACGAACCTTATGAAATTGACCTGAA   3120
3061 CGGATCTTCTGTCCGTTGCAGTATGAATCTTGA...........................   3093
1021 -R--I--F--C--P--L--Q--Y--E--S--*-...........................   1030

3121 AATAACTGGAAATCATTAGAGCATAAGAAAATAAAATCCCTTTATCTCATCTATCTTCTT   3180
     ............................................................
     ............................................................

3181 CAATTCACAATTTCTACTTAATGGACAGATGCTTTTTGAACAACCAATATGTATTGAGTC   3240
     ............................................................
     ............................................................

3241 CTAAGGTGGGTTCTGAAATGCCCAATATCTATCAGCTGTTGAGTGGATAAATAAAATGGG   3300
     ............................................................
     ............................................................

3301 CTATCACCATACACTGGAGTATTATTCAGCCTTAGAAAGGGATGGAGTATGACACACAGG   3360
     ............................................................
     ............................................................

3361 ACAACATGGATGTGCCTTGGAAACCAGATGCTCAGTGAAAGACGCCAGTCACAAGAAACC   3420
     ............................................................
     ............................................................

3421 ACATGTTGTCTGATGCCATATATAGGAAATGTCCAGAATAGGCAAATCCATAGAAACAGA   3480
     ............................................................
     ............................................................

3481 AACTGGGGAAGTGGTTCCCCCGGGGCTGGGGGAGCCAAGAGAAGATGGGAAGTGACTGCA   3540
     ............................................................
     ............................................................
```

```
3541 TATGGTCACAGGATGTCTTGTTGGAGTGAGGCCACATTCTCAAATTCATGATAGTGATGG   3600
     ............................................................
     ............................................................

3601 CTGCATAACTTTGTGAATCTCCTGACAGCCTTATTTCTCTTCTTGGCCATTTTTTCAGTG   3660
     ............................................................
     ............................................................

3661 GCTTTTCCAGCATGGCCTCACCATGTCTGAAGCTCCAGCATTTCTGTTCTACTCCTGAAG   3720
     ............................................................
     ............................................................

3721 TTGTCTCTATCAGCTCAGTTTTGTCTTCCTCTTTTGCGGGGGAAGCTGGTCAAGATTCGC   3780
     ............................................................
     ............................................................

3781 CAAATCCCTGTTTGGCACTGATCTCTGGTGGTTGGCCTCTGTAAAGAACCCTGAACCACA   3840
     ............................................................
     ............................................................

3841 GGAATTAGAATGCCCAGGTCTGATCATAGCAAATCACTCTGCGTTTCTTTTTTTTCCTTT   3900
     ............................................................
     ............................................................

3901 TTCAAAAAATTTATTTGATTGTACTGGTCTTAGTTGTGACATGTGGGATCTAGTTCCCTG   3960
     ............................................................
     ............................................................

3961 ACTCCCTGGTCAAACCCGGGCCCCCTGCATTGGGAGCACCGAGTCTTAACCACTGGACCC   4020
     ............................................................
     ............................................................

4021 CCAGGGAAGTTCCCACTCCACCTTTCTGAGCATGATTCCTCATGTCTAGAATGAACTATG   4080
     ............................................................
     ............................................................

4081 TGATCTCTATGTGATTTTCCAACATTACAACTGCATTCGTTTCCTAGCATCACCAAAACA   4140
     ............................................................
     ............................................................

4141 AAGTGCCCCAAACTGGGTGGCTTAAAACAATCAAAGTTCATTGTCTCACAGTTCTGAGGG   4200
     ............................................................
     ............................................................

4201 CTACAAGTCTGAAATCTGAGTGTCTACGGGGCCATGGTTCCTCTGAAACTTGTAGCCGAG   4260
     ............................................................
     ............................................................
```

4261 GGTCCTTCCTTGCCTTTCCCAGCTCCTGATGTTGCTGGGAGTCCTCGGAGTCCCTTGGCC 4320
.....
.....

4321 TGTCGCTGCGTCACTCTGGTCTCTGCCTCC**G**CTGTTGCATGGCCACCTTCCCTCCCTGTC 4380
.....
.....
LWLT01000021.1_50659559_C/T 3'UTR variant

4381 TCTCTGCTCTTATAAGGATGTTAGTCCTGTTGGAGTCAGGGTCCACCCTCCTCCAACATG 4440
.....
.....

4441 GCTGTGTTTTAACCAATAACATCTGCAGCAGCTCTGTTTCCAAATGAGGTCATAGTCTTC 4500
.....
.....

4501 TTTTTTTGAAGGAAGTAGTGTTTTATTTCTTTTAATATTTATTTTTCTTATTTATTTGAC 4560
.....
.....

4561 TGC**G**CTCTTAGTTGCGGCATGTGGGATCTAGTTCTCTGACCAAGGATCAAACCCCAGCCC 4620
.....
.....
LWLT01000021.1_50659346_C/A 3'UTR variant

4621 CCTGCCTTGGGAACGTGGGGTCTTAACCCCTGGACCACCAGGGAAGTCCCTCCAAATGAG 4680
.....
.....

4681 GTCATACTCTGAGGTACTGGAAGTTAC**A**ACTTCAACATAAAATTTGGGAAGGACACAGTT 4740
.....
.....
LWLT01000021.1_50659202_T/C 3'UTR variant

4741 CAACTCCTAACAACAACTGTGGCTTTGCTTCTT**T**AGAAATTACTCAGAACTCCGTGAAAG 4800
.....
.....
LWLT01000021.1_50659136_A/C 3'UTR variant

4801 TTGAAAATGCCCTTGTGAAAGGGAAAGTCATTTGAGTATTGGAAGAATAAAGGCAATTCC 4860
.....
.....

4861 CCTCTCAGCTATTAATAAAGCTATAATAGTGATATGGCCAGGTTTCACCCTCATTATCCT 4920
.....
.....

4921 TGAACTTAAAGCCATAATGGTATCTATTATTTCCCATGAGCACAAAAGAAGGTCGTGCAG 4980
.....
.....

```
4981 TCGTGTTCTCTTTCTGCCCTTGAATGGGAGAATTGGTCAATCCATGTCTCACTCAGCAAT 5040
     ..................................................................
     ..................................................................

5041 CACGGTGCAGTCTTGGAGGAACAAGGTGAGGGAAAACTGGGTTTTGAACCAGAAGGGGCC 5100
     ..................................................................
     ..................................................................

5101 ATCACGGGACATCCTCTGCCAATGACCCCAAAGAGAAAATAGTCTTTATAAATGTCCCTT 5160
     ..................................................................
     ..................................................................

5161 CAGTGTGTGAAGAGATGAGAGGTACAAAGAGAAAAACAAAAACCCCACTTATGATAGCAG 5220
     ..................................................................
     ..................................................................

5221 AATATTGCCATGGGGAAGCTCTTTGGTTTTTTTTGAGCCTTTTCATTTCTAGTGAGTTGC 5280
     ..................................................................
     ..................................................................

5281 ATTTCTAGGAGAGAAAAGAAGACCCCTTTGTTTTCCCAGTCTTCCTCTCCTTTGACATTT 5340
     ..................................................................
     ..................................................................

5341 TACCTGGCCTATTTTAAGTATAACTCTCTATCTCAGTAATGATGATACCAGAAACTCAGA 5400
     ..................................................................
     ..................................................................

5401 GCTGATCAAGAGTGATCGATGTCTGGATTTGTAGAAGCTCAGAGGCAGTTCCCCAAGCCA 5460
     ..................................................................
     ..................................................................

5461 GACACCTGAGGCTCACTGTTGACTACTGCATCTTACTCCCATACCCAACCATTCATCTAG 5520
     ..................................................................
     ..................................................................

5521 CAGATTTCCGCCCCCCTCCTTGGCTGTGCCATGTCTTAGGTATGGCACGTGGGATCTAGC 5580
     ..................................................................
     ..................................................................

5581 CCTCTGAGCATGGATCGAACCCAGGGCCCCTGCATTGGGAGCAAAGTCTTAACCACTGGA 5640
     ..................................................................
     ..................................................................

5641 CCACCAGGGAAGTCCCCATCTAGCAGTCTTGACCTCTTAAATTTCTCTCCCATCCATCCT 5700
     ..................................................................
     ..................................................................
```

```
5701 CCGTCTCTGTCTCTATCATCACCATGCCTTATCCAAGCTACGAGCATCTCTTATTGGCTT 5760
     ............................................................
     ............................................................

5761 GCTGGTATCTACTCTGATCCCTTCCCCAGTTCAGTTCCAGCAGCCAGTGATTCGTGTAAA 5820
     ............................................................
     ............................................................

5821 AGATGCAACTACTGAATTAAATTTAAAATCTTAATCCTAAACAAGGCACACAGGACTCTC 5880
     ............................................................
     ............................................................

5881 TGTAACCTCCCATTGGCCTGCCCCTCAGGCCTCCTCTCTGTGCATCCCTGTCACTAGCTT 5940
     ............................................................
     ............................................................

5941 TTGGTTCATGCTGAGAACACACCGAACCCTCTTGCCTCAGTACCTCCACACAGGCTACTA 6000
     ............................................................
     ............................................................

6001 CCCTGAGGCCCCTCCTCCTCCAGGCTTCAATTTCCTAACTCCTGCTCATCCTACAGAGAG 6060
     ............................................................
     ............................................................

6061 AGGTTCACTTAGAGAGGCTGTTCCCTAACCTCCAAATCTCACCTAGACTATCATCTTAGC 6120
     ............................................................
     ............................................................

6121 ATTGATCACAAGTTTTATTGTGAAGACCACAGAGAAATGGATAAAGTGCTTTTAACGCAT 6180
     ............................................................
     ............................................................

6181 GGGTCTTCCATTAGACTGTGGCCTCTAGAGATGAGAGAAGGTTCCTTTCGGTCCATCATT 6240
     ............................................................
     ............................................................

6241 GTGTCCCC
```

Genomic DNA (reverse strand) sequence with SNP and primers localization:

LWLT01000021.1_50666071_A/G synonymous variant

CCTGAACCATAATGCCAAGTCCCAGAGTGGAAATCCTGCTGTAAAGAAAGCTATGACTAT
TACAGACGGGGCATTTCTCAACCTCAAACACCTAAGGGAGTTGCTGCTGGAAGACAACCA
GTTACAAGAAATACCGGCTGGTTTGCCAGAATCTTTGAAAGAACTTAGTCTAATTCAAAA
CAATATAATTACGTTAACGAAAAAGAACACTTCTGGACTTGGGAACCTGGAACGTCTCTA
TTTGGGCTGGAACTGTTATTTTGCTTGTAGTAAAAAATTTAGCATAGAAAATGGAGCATT
CCAAAACCTTACCAAGTTGAAGGTGCTGTCATTATCTTTTAATCCCCTTCACAGCGTGCC
ACCGAGTCTGCCAAGCTCGCTAACAGAACTCTACCTTAGCAATACCCATATTGGAAACGT
CAGTGAAGAAGACTTCAAGGAACTGAGCAATTTAAGAGTACTAGATTTAAGTGGAAACTG

LWLT01000021.1_50664682_A/G synonymous variant

AGTTCTCGATCTCAGCTACAATGCGCACTATTTCCGAATAGCAGGGGTAACGCACCGTCT
AGGATTTATTGAGCATTTAACTAACCTGAGAGTTTTAAACTTGAGCAACAATGACATTTT
TACTTTAACAGAAACACAACTGAAAAGCGCGTCCCTAGGAGAATTAGTTTTCAGTGGGAA
CCGCCTTGACCTTCTGTGGAATGCTCAAGATGTCAGGTACTGGCAAATTTTTCAAAATCT
CACCAATCTGACCCGGCTTGACTTAGCCCGTAATAACCTTCAGCATATCTCCAGTCAGAC
CTTCCTTAACTTGCCCAGGACTCTCACTGACCTATATATAAATGATAACATGTTAAATTT
CTTTAACTGGTCATTACTGGAATACTTCCCTCACCTCAGGTTGCTTGACTTAAGTGGAAA
CCAGCTGTTCTTTTTAACCAATAGCCTATCTACATTTGCATCTTCTCTTGAGACGCTACT

[1]LWLT01000021.1_50664283_C/T synonymous variant

[2]LWLT01000021.1_50664064_C/T synonymous variant

CTTTAACTGGTCATTACTGGAATACTTCCCTCACCTCAGGTTGCTTGACTTAAGTGGAAA
CCAGCTGTTCTTTTTAACCAATAGCCTATCTACATTTGCATCTTCTCTTGAGACGCTACT
ACTGAGTCGAAACAGAATTTCCCACCTGCCATCTGACTTTCTTTCTGGAGCCAGCAGCCT
GATACACCTCGATTTGAGCTCCAACCAGCTCAAGATGCTCAACAGATCCACGT[1]TTGAAAC
GAAGACCGCCACCAAGTTAACCATTTTGGAACTAGGGAGTAACCCTTTTGACTGTACCTG
TGACTTCGGAGATTTTCGAGAATGGATGGACGGAAATCTGAACGTCAGGGTTCCCAGACT
GACCGATGTCATTTGTGCTAGTCCTGGGGATCAAGAAGGCAAGAGCATTGTGAGTCTAGA
CCTCACCACTTGTGTTTCAGATACCATTGCG[2]GCCATATTCTGTTTCTTAACCTTTTCTGT
CACCATCTCAGTGATGCTGGCTGCCCTGGCCCACCACTGGTTTTACTGGGATGCTTGGTT
TATCTACCATGTGTGCTTAGCTAAGGTCAAAGGCTACAGGTCTCTGTCCACATCCCAGAC
TTTCTACGATGCTTATGTTTCTTATGACACCAAAGACGCTTCTGTCACGGACTGGGTGAT

[1]LWLT01000021.1_50659559_C/T 3'UTR variant

[2]LWLT01000021.1_50659346_C/A 3'UTR variant

[3]LWLT01000021.1_50659202_T/C 3'UTR variant

[4]LWLT01000021.1_50659136_A/C 3'UTR variant

GAGGGCTACAAGTCTGAAATCTGAGTGTCTACGGGGCCATGGTTCCTCTGAAACTTGTAG
CCGAGGGTCCTTCCTTGCCTTTCCCAGCTCCTGATGTTGCTGGGAGTCCTCGGAGTCCCT
TGGCCTGTCGCTGCGTCACTCTGGTCTCTGCCTCCG[1]CTGTTGCATGGCCACCTTCCCTCC
CTGTCTCTCTGCTCTTATAAGGATGTTAGTCCTGTTGGAGTCAGGGTCCACCCTCCTCCA
ACATGGCTGTGTTTTAACCAATAACATCTGCAGCAGCTCTGTTTCCAAATGAGGTCATAG
TCTTCTTTTTTTGAAGGAAGTAGTGTTTTATTTCTTTTAATATTTATTTTTCTTATTTAT
TTGACTGCG[2]CTCTTAGTTGCGGCATGTGGGATCTAGTTCTCTGACCAAGGATCAAACCCC
AGCCCCCTGCCTTGGGAACGTGGGGTCTTAACCCCTGGACCACCAGGGAAGTCCCTCCAA
ATGAGGTCATACTCTGAGGTACTGGAAGTTACA[3]ACTTCAACATAAAATTTGGGAAGGACA
CAGTTCAACTCCTAACAACAACTGTGGCTTTGCTTCTTT[4]AGAAATTACTCAGAACTCCGT
GAAAGTTGAAAATGCCCTTGTGAAAGGGAAAGTCATTTGAGTATTGGAAGAATAAAGGCA
ATTCCCCTCTCAGCTATTAATAAAGCTATAATAGTGATATGGCCAGGTTTCACCCTCATT