Gene: TLR7 ENSCHIG00000021012
Transcript: TLR7-201 ENSCHIT00000031299.1
Genome assembly: ARS1 (GCA_001704415.1) Ensembl

<u>cDNA sequence with SNP localization:</u>

```
  1 TCTTTGCACTTGGAAAGTTCACGACTGGCAGCCTGCAGTCTCCATGACTTAAGTAGGTTT   60
    ............................................................
    ............................................................
          LWLT01000021.1_50718645_C/T 5'UTR variant

 61 GCCACAGCTCATCTCTTCACCTCAGAAGACTCCAGACCTGGACTCACTCCATGCAGCAAA  120
    ............................................................
    ............................................................

121 GAAAGTTGATGCTACTGGGTCCATCTCAGGCTGATCTTGACACCTTCCATGTTCTGCTCT  180
    ............................................................
    ............................................................

181 CTTCAGCCAGACTTGTCTGTTTCATTTTGGAAGAAGACTAAAAATGGTGTTTCCAATGTG  240
    ........................................ATGGTGTTTCCAATGTG   17
    ........................................-M--V--F--P--M--W    6

241 GACACTGAAGAGACAGTTTCCTATCCTTTTTAACATGATCCTAATTTCTGAACTCCTTGG  300
 18 GACACTGAAGAGACAGTTTCCTATCCTTTTTAACATGATCCTAATTTCTGAACTCCTTGG   77
  6 --T--L--K--R--Q--F--P--I--L--F--N--M--I--L--I--S--E--L--L--G   26

301 GGCTAGATGGTTTCCTAAAACTCTGCCCTGTGATGTCACTCTGGATGCTCCAAATGCCCA  360
 78 GGCTAGATGGTTTCCTAAAACTCTGCCCTGTGATGTCACTCTGGATGCTCCAAATGCCCA  137
 26 --A--R--W--F--P--K--T--L--P--C--D--V--T--L--D--A--P--N--A--H   46

361 TGTGATTGTGGACTGCACAGACAAACATTTGACAGAAATTCCTGGAGGTATTCCTGCCAA  420
138 TGTGATTGTGGACTGCACAGACAAACATTTGACAGAAATTCCTGGAGGTATTCCTGCCAA  197
 46 --V--I--V--D--C--T--D--K--H--L--T--E--I--P--G--G--I--P--A--N   66

421 TGCCACCAACCTCACCCTCACCATTAACCACATAGCAGGCATCTCTCCAGCCTCCTTCCA  480
198 TGCCACCAACCTCACCCTCACCATTAACCACATAGCAGGCATCTCTCCAGCCTCCTTCCA  257
 66 --A--T--N--L--T--L--T--I--N--H--I--A--G--I--S--P--A--S--F--H   86

481 CCGGCTGGACCATCTGGTGGAGATCGATTTCAGGTGCAACTGCATACCTGTTCGACTGGG  540
258 CCGGCTGGACCATCTGGTGGAGATCGATTTCAGGTGCAACTGCATACCTGTTCGACTGGG  317
 86 --R--L--D--H--L--V--E--I--D--F--R--C--N--C--I--P--V--R--L--G  106

541 GCCAAAAGACAACGTGTGCACCAAAAGGCTACAGATTAAACCCAACAGCTTTAGCAAACT  600
318 GCCAAAAGACAACGTGTGCACCAAAAGGCTACAGATTAAACCCAACAGCTTTAGCAAACT  377
106 --P--K--D--N--V--C--T--K--R--L--Q--I--K--P--N--S--F--S--K--L  126

601 CACGTATTTAAAATCTCTTTACCTGGATGGAAACCAGCTTCTAGAAATACCTCAGGATCT  660
378 CACGTATTTAAAATCTCTTTACCTGGATGGAAACCAGCTTCTAGAAATACCTCAGGATCT  437
126 --T--Y--L--K--S--L--Y--L--D--G--N--Q--L--L--E--I--P--Q--D--L  146
```

```
 661 TCCTCCCAGCTTACAGCTGCTGAGCCTGGAGGCCAACAACATCTTCTTGATCATGAAGGA    720
 438 TCCTCCCAGCTTACAGCTGCTGAGCCTGGAGGCCAACAACATCTTCTTGATCATGAAGGA    497
 146 --P--P--S--L--Q--L--L--S--L--E--A--N--N--I--F--L--I--M--K--E    166

 721 GAATCTAACAGAACTGGCCAACCTAGAAATACTCTACCTGGGCCAAAACTGTTACTATCG    780
 498 GAATCTAACAGAACTGGCCAACCTAGAAATACTCTACCTGGGCCAAAACTGTTACTATCG    557
 166 --N--L--T--E--L--A--N--L--E--I--L--Y--L--G--Q--N--C--Y--Y--R    186

 781 TAACCCTTGTAATGTTTCATTTACTATCGAAAAAGATGCTTTCCTAAATATGAGAAATTT    840
 558 TAACCCTTGTAATGTTTCATTTACTATCGAAAAAGATGCTTTCCTAAATATGAGAAATTT    617
 186 --N--P--C--N--V--S--F--T--I--E--K--D--A--F--L--N--M--R--N--L    206

 841 AAAATTGCTCTCCCTAAAAGATAACAATATCTCAGCTGTCCCCACTGTTTTGCCATCTAG    900
 618 AAAATTGCTCTCCCTAAAAGATAACAATATCTCAGCTGTCCCCACTGTTTTGCCATCTAG    677
 206 --K--L--L--S--L--K--D--N--N--I--S--A--V--P--T--V--L--P--S--S    226

 901 TTTGACAGAACTCTATCTTTACAATAACATCATTACAAAAATCCAAGAAGATGATTTTAA    960
 678 TTTGACAGAACTCTATCTTTACAATAACATCATTACAAAAATCCAAGAAGATGATTTTAA    737
 226 --L--T--E--L--Y--L--Y--N--N--I--I--T--K--I--Q--E--D--D--F--N    246

 961 TAACCTCAGTCAACTACAAGTTCTTGATCTGAGTGGAAATTGCCCTCGTTGTTATAATGT   1020
 738 TAACCTCAGTCAACTACAAGTTCTTGATCTGAGTGGAAATTGCCCTCGTTGTTATAATGT    797
 246 --N--L--S--Q--L--Q--V--L--D--L--S--G--N--C--P--R--C--Y--N--V    266

1021 TCCATTTCCTTGCACACCCTGTGAAAATAATTCTCCCCTACAGATTGATCTAAATGCTTT   1080
 798 TCCATTTCCTTGCACACCCTGTGAAAATAATTCTCCCCTACAGATTGATCTAAATGCTTT    857
 266 --P--F--P--C--T--P--C--E--N--N--S--P--L--Q--I--D--L--N--A--F    286

1081 TGATGCATTGACAGAATTGCAAGTCTTACGCCTACACAGTAACTCTCTTCAGCATGTGCC   1140
 858 TGATGCATTGACAGAATTGCAAGTCTTACGCCTACACAGTAACTCTCTTCAGCATGTGCC    917
 286 --D--A--L--T--E--L--Q--V--L--R--L--H--S--N--S--L--Q--H--V--P    306

1141 CCAAAGATGGTTTAAAAACATTAACAAACTTAAAGAACTAGATCTTTCCCAAAACTTCTT   1200
 918 CCAAAGATGGTTTAAAAACATTAACAAACTTAAAGAACTAGATCTTTCCCAAAACTTCTT    977
 306 --Q--R--W--F--K--N--I--N--K--L--K--E--L--D--L--S--Q--N--F--L    326

1201 GGCCAAAGAAATTGGGGATGCCAAATTTTTACATCTTCTTCATAACCTTGTCAACTTGGA   1260
 978 GGCCAAAGAAATTGGGGATGCCAAATTTTTACATCTTCTTCATAACCTTGTCAACTTGGA   1037
 326 --A--K--E--I--G--D--A--K--F--L--H--L--L--H--N--L--V--N--L--D    346

1261 TCTGTCTTTCAATTATGATCTTCAGGTCTACCATGCAGTTATAAATCTATCAGATGCATT   1320
1038 TCTGTCTTTCAATTATGATCTTCAGGTCTACCATGCAGTTATAAATCTATCAGATGCATT   1097
 346 --L--S--F--N--Y--D--L--Q--V--Y--H--A--V--I--N--L--S--D--A--F    366

1321 TTCTTCACTGAAAAAATTGAAAGTTTTGCGAATCAAAGGCTACGTCTTTAAAGAGCTGAA   1380
1098 TTCTTCACTGAAAAAATTGAAAGTTTTGCGAATCAAAGGCTACGTCTTTAAAGAGCTGAA   1157
 366 --S--S--L--K--K--L--K--V--L--R--I--K--G--Y--V--F--K--E--L--N    386

1381 TAGTTTAAACCTCTTCCCATTATGTAATCTTCCCAGTCTTGAAGTTCTTGATCTTGGCAC   1440
1158 TAGTTTAAACCTCTTCCCATTATGTAATCTTCCCAGTCTTGAAGTTCTTGATCTTGGCAC   1217
 386 --S--L--N--L--F--P--L--C--N--L--P--S--L--E--V--L--D--L--G--T    406
```

```
1441 TAACTTTATTAAAATTGCTGACCTCAGCATATTTAAACAATTTAAAACATTGAAATTCAT   1500
1218 TAACTTTATTAAAATTGCTGACCTCAGCATATTTAAACAATTTAAAACATTGAAATTCAT   1277
 406 --N--F--I--K--I--A--D--L--S--I--F--K--Q--F--K--T--L--K--F--I    426

1501 TGATCTTTCAGTGAATAAAATATCACCTTCGGGAGATTCAACTGAAGGTGGTTTCTGCTC   1560
1278 TGATCTTTCAGTGAATAAAATATCACCTTCGGGAGATTCAACTGAAGGTGGTTTCTGCTC   1337
 426 --D--L--S--V--N--K--I--S--P--S--G--D--S--T--E--G--G--F--C--S    446

1561 TAACATGAGAACTTCTGTAGAAGGCCATGGGCCCCAGGTCCTTGAAGCATTGCATTATTT   1620
1338 TAACATGAGAACTTCTGTAGAAGGCCATGGGCCCCAGGTCCTTGAAGCATTGCATTATTT   1397
 446 --N--M--R--T--S--V--E--G--H--G--P--Q--V--L--E--A--L--H--Y--F    466

1621 CAGATATGATGAGTATGCAAGGAGTTGCCGGTCCAAGAGCAAAGAGCCTCCTTCTTTCTT   1680
1398 CAGATATGATGAGTATGCAAGGAGTTGCCGGTCCAAGAGCAAAGAGCCTCCTTCTTTCTT   1457
 466 --R--Y--D--E--Y--A--R--S--C--R--S--K--S--K--E--P--P--S--F--L    486

1681 ACCTCTTAATGAAGATTGTTATATGTATGGGCAGACCTTGGACCTTAGTAGAAATAATAT   1740
1458 ACCTCTTAATGAAGATTGTTATATGTATGGGCAGACCTTGGACCTTAGTAGAAATAATAT   1517
 486 --P--L--N--E--D--C--Y--M--Y--G--Q--T--L--D--L--S--R--N--N--I    506

1741 ATTTTTTATCAAGTCTTCTGATTTCCAGCATCTTTCTTTCCTCAAATGCCTAAACTTATC   1800
1518 ATTTTTTATCAAGTCTTCTGATTTCCAGCATCTTTCTTTCCTCAAATGCCTAAACTTATC   1577
 506 --F--F--I--K--S--S--D--F--Q--H--L--S--F--L--K--C--L--N--L--S    526

1801 AGGAAATAGCATTAGCCAGACGCTTAATGGAAGTGAATTTCAGCCTTTAGTGGAGTTGAA   1860
1578 AGGAAATAGCATTAGCCAGACGCTTAATGGAAGTGAATTTCAGCCTTTAGTGGAGTTGAA   1637
 526 --G--N--S--I--S--Q--T--L--N--G--S--E--F--Q--P--L--V--E--L--K    546

1861 ATATTTGGACTTCTCTAACAATCGGCTTGATTTACTCTACTCAACGGCATTTGAGGAGCT   1920
1638 ATATTTGGACTTCTCTAACAATCGGCTTGATTTACTCTACTCAACGGCATTTGAGGAGCT   1697
 546 --Y--L--D--F--S--N--N--R--L--D--L--L--Y--S--T--A--F--E--E--L    566

1921 GCACAACCTGGAAGTCCTAGATATAAGTAGTAACAGCCATTATTTTCAATCAGAAGGAAT   1980
1698 GCACAACCTGGAAGTCCTAGATATAAGTAGTAACAGCCATTATTTTCAATCAGAAGGAAT   1757
 566 --H--N--L--E--V--L--D--I--S--S--N--S--H--Y--F--Q--S--E--G--I    586

1981 TACTCACATGCTAAATTTTACCAAGAACCTCAAGGTTCTGAAGAAACTGATGATGAACTA   2040
1758 TACTCACATGCTAAATTTTACCAAGAACCTCAAGGTTCTGAAGAAACTGATGATGAACTA   1817
 586 --T--H--M--L--N--F--T--K--N--L--K--V--L--K--K--L--M--M--N--Y    606

2041 TAATGACATCGCTACCTCCACCAGCAGGACCATGGAGAGTGAATCTCTTCAAATCCTGGA   2100
1818 TAATGACATCGCTACCTCCACCAGCAGGACCATGGAGAGTGAATCTCTTCAAATCCTGGA   1877
 606 --N--D--I--A--T--S--T--S--R--T--M--E--S--E--S--L--Q--I--L--E    626

2101 GTTCAGAGGCAACCATTTGGATATTTTATGGAGAGATGGTGATAACAGATACTTAAAATT   2160
1878 GTTCAGAGGCAACCATTTGGATATTTTATGGAGAGATGGTGATAACAGATACTTAAAATT   1937
 626 --F--R--G--N--H--L--D--I--L--W--R--D--G--D--N--R--Y--L--K--F    646

2161 CTTCAAGAATCTGCTAAACTTAGAAGAGCTAGACATCTCTGAAAATTCTCTGAGTTTCTT   2220
1938 CTTCAAGAATCTGCTAAACTTAGAAGAGCTAGACATCTCTGAAAATTCTCTGAGTTTCTT   1997
 646 --F--K--N--L--L--N--L--E--E--L--D--I--S--E--N--S--L--S--F--L    666
```

```
2221 ACCTTTGGGAGTTTTTGACAGTATGCCTCCAAATCTAAAGACTCTCTCCTTGGCCAAAAA   2280
1998 ACCTTTGGGAGTTTTTGACAGTATGCCTCCAAATCTAAAGACTCTCTCCTTGGCCAAAAA   2057
 666 --P--L--G--V--F--D--S--M--P--P--N--L--K--T--L--S--L--A--K--N    686

2281 TGGGCTCAAGTCTTTCAGTTGGAAAGGACTACAGAGTCTGAAGAATCTAGAAACTTTGGA   2340
2058 TGGGCTCAAGTCTTTCAGTTGGAAAGGACTACAGAGTCTGAAGAATCTAGAAACTTTGGA   2117
 686 --G--L--K--S--F--S--W--K--G--L--Q--S--L--K--N--L--E--T--L--D    706
```

LWLT01000021.1_50703293_T/C synonymous variant

```
2341 CCTCAGCTTCAACCAGCTGAAGACTGTCCCTGAGAGATTATCCAACTGTTCCCGCAGCCT   2400
2118 CCTCAGCTTCAACCAGCTGAAGACTGTCCCTGAGAGATTATCCAACTGTTCCCGCAGCCT   2177
 706 --L--S--F--N--Q--L--K--T--V--P--E--R--L--S--N--C--S--R--S--L    726

2401 CAAGAAACTCATACTTAAGAATAATCAAATCAGGTGCCTGACAAAGTATTTTCTCCAAGG   2460
2178 CAAGAAACTCATACTTAAGAATAATCAAATCAGGTGCCTGACAAAGTATTTTCTCCAAGG   2237
 726 --K--K--L--I--L--K--N--N--Q--I--R--C--L--T--K--Y--F--L--Q--G    746

2461 TGCTTTCCAGTTGCGACATCTGGACCTCAGCTCAAATAAAATTCAGGTTATCCAAAAGAC   2520
2238 TGCTTTCCAGTTGCGACATCTGGACCTCAGCTCAAATAAAATTCAGGTTATCCAAAAGAC   2297
 746 --A--F--Q--L--R--H--L--D--L--S--S--N--K--I--Q--V--I--Q--K--T    766

2521 GAGTTTTCCAGAAAACGTCCTCAACAATCTAAACATTTTGTTTTTGCATCACAATCGATT   2580
2298 GAGTTTTCCAGAAAACGTCCTCAACAATCTAAACATTTTGTTTTTGCATCACAATCGATT   2357
 766 --S--F--P--E--N--V--L--N--N--L--N--I--L--F--L--H--H--N--R--F    786

2581 TCTGTGCAACTGTGATGCTGTGTGGTTTGTCTGGTGGGTTAACCATACCGAGGTGACTAT   2640
2358 TCTGTGCAACTGTGATGCTGTGTGGTTTGTCTGGTGGGTTAACCATACCGAGGTGACTAT   2417
 786 --L--C--N--C--D--A--V--W--F--V--W--W--V--N--H--T--E--V--T--I    806

2641 TCCTTACTTGGCCACAGATGTGACTTGCATGGGACCAGGAGCACACAAGGGCCAGAGTGT   2700
2418 TCCTTACTTGGCCACAGATGTGACTTGCATGGGACCAGGAGCACACAAGGGCCAGAGTGT   2477
 806 --P--Y--L--A--T--D--V--T--C--M--G--P--G--A--H--K--G--Q--S--V    826

2701 GGTCTCTCTGGATCTATATACCTGTGAGTTAGATTTGACTAACTTCATCCTGTTCTCACT   2760
2478 GGTCTCTCTGGATCTATATACCTGTGAGTTAGATTTGACTAACTTCATCCTGTTCTCACT   2537
 826 --V--S--L--D--L--Y--T--C--E--L--D--L--T--N--F--I--L--F--S--L    846

2761 TTCCATATCAGCAATTCTCTCTCTGATGATGATCACAACAGCAAACCATCTCTATTTCTG   2820
2538 TTCCATATCAGCAATTCTCTCTCTGATGATGATCACAACAGCAAACCATCTCTATTTCTG   2597
 846 --S--I--S--A--I--L--S--L--M--M--I--T--T--A--N--H--L--Y--F--W    866

2821 GGATGTGTGGTATAGTTATCATTTCTGTAAAGCCAAAATAAAAGGGTATCGACGTCTGAT   2880
2598 GGATGTGTGGTATAGTTATCATTTCTGTAAAGCCAAAATAAAAGGGTATCGACGTCTGAT   2657
 866 --D--V--W--Y--S--Y--H--F--C--K--A--K--I--K--G--Y--R--R--L--I    886

2881 ATCACCCAATTCTTGCTATGATGCTTTCATTGTATATGACACTAAAGACCCAGCAGTGAC   2940
2658 ATCACCCAATTCTTGCTATGATGCTTTCATTGTATATGACACTAAAGACCCAGCAGTGAC   2717
 886 --S--P--N--S--C--Y--D--A--F--I--V--Y--D--T--K--D--P--A--V--T    906

2941 AGAGTGGGTTTTGGACGAGCTGGTGGCCAAATTGGAAGACCCGAGAGAGAAGTGTTTTAA   3000
2718 AGAGTGGGTTTTGGACGAGCTGGTGGCCAAATTGGAAGACCCGAGAGAGAAGTGTTTTAA   2777
```

```
 906 --E--W--V--L--D--E--L--V--A--K--L--E--D--P--R--E--K--C--F--N    926

3001 TTTATGTCTTGAGGAAAGAGACTGGTTACCAGGGCAGCCTGTTCTGGAAAATCTTTCCCA   3060
2778 TTTATGTCTTGAGGAAAGAGACTGGTTACCAGGGCAGCCTGTTCTGGAAAATCTTTCCCA   2837
 926 --L--C--L--E--E--R--D--W--L--P--G--Q--P--V--L--E--N--L--S--Q    946

3061 GAGCATACAGCTTAGCAAAAAGACAGTGTTTGTGATGACAGACAAGTACGCAAAGACTGA   3120
2838 GAGCATACAGCTTAGCAAAAAGACAGTGTTTGTGATGACAGACAAGTACGCAAAGACTGA   2897
 946 --S--I--Q--L--S--K--K--T--V--F--V--M--T--D--K--Y--A--K--T--E    966

3121 GAATTTTAAGATAGCATTTTACTTATCCCATCAGAGGCTCATGGATGAAAAAGTGGATGT   3180
2898 GAATTTTAAGATAGCATTTTACTTATCCCATCAGAGGCTCATGGATGAAAAAGTGGATGT   2957
 966 --N--F--K--I--A--F--Y--L--S--H--Q--R--L--M--D--E--K--V--D--V    986

3181 AATCATCTTGATATTCCTTGAGAAGCCCCTTCAGAAGTCCAAGTTTCTCCAACTCCGGAA   3240
2958 AATCATCTTGATATTCCTTGAGAAGCCCCTTCAGAAGTCCAAGTTTCTCCAACTCCGGAA   3017
 986 --I--I--L--I--F--L--E--K--P--L--Q--K--S--K--F--L--Q--L--R--K   1006

3241 GAGGCTCTGTGGCAGTTCTGTCCTTGAGTGGCCAACAAACCCACAGGCTCACCCGTACTT   3300
3018 GAGGCTCTGTGGCAGTTCTGTCCTTGAGTGGCCAACAAACCCACAGGCTCACCCGTACTT   3077
1006 --R--L--C--G--S--S--V--L--E--W--P--T--N--P--Q--A--H--P--Y--F   1026

3301 CTGGCAGTGTCTGAAAAATGCCCTGGCCACAGACAATCACGTGACCTACAGTCAGGTGTT   3360
3078 CTGGCAGTGTCTGAAAAATGCCCTGGCCACAGACAATCACGTGACCTACAGTCAGGTGTT   3137
1026 --W--Q--C--L--K--N--A--L--A--T--D--N--H--V--T--Y--S--Q--V--F   1046

3361 CAAAGAGACAGCCTAGCCCTTCTTTGCCGAATGTGACTGCTACCAAGGAGAAGCTCAGCT   3420
3138 CAAAGAGACAGCCTAG.............................................   3153
1046 --K--E--T--A--*-.............................................   1050

3421 GCCTTGATCGGCTCACCCATGCCTTGCCAGAAGAGTGTTCTAAGATTCTCCAAGCCCTGG   3480
     ............................................................
     ............................................................

3481 GATTGCCCATATTGGAGAGGAGTCACCAATACATAACAAAGGAAGCAGAAAAATGGGATT   3540
     ............................................................
     ............................................................

                    LWLT01000021.1_50702074_T/C 3'UTR variant

3541 TATATAAGCATCAAGTCATCTTTCTCAGCTCTCTCTGTCTCCATTTGCACTTGAGTCTTT   3600
     ............................................................
     ............................................................

3601 GTCTTCTGCCCTTGCATAAAATACTGTTGGGAGAAGGGTGGCAAGTAGAGGATGTGGGAC   3660
     ............................................................
     ............................................................

3661 TTTGATTCTCCTGTAATTGTGATTATTACATATACACACAGTCACCAAGAACTGCACTTC   3720
     ............................................................
     ............................................................
```

3721 TACCCTCAAGAGGCACTGGTATGTATAGAAATAGGGTTAAAAAAAAGGCTCAGAGTCTGC 3780
.....
.....

3781 TTATATGACATTAAAATGTACCAGTTAATTAGTGGTAAAAATAAAGACACAGTTAACTCC 3840
.....
.....

3841 TCAGCCAATTGACTCAACCATCTAGTGCCCCGTTCTGTGCAGACCAAGTGCTGGCCCCCA 3900
.....
.....

3901 GCAGGTGGTACAGCTCAAGTGCTCCTTGCTCTTTCTCTCCTGGGCCTGTTACTGGGTTTT 3960
.....
.....

3961 TTGGGGAAATAGAAACATCTTTGTCATCGATGGACATAGTCTACTTACAAGTGGGAGAAG 4020
.....
.....

4021 AATAAAGTCATGCTCTTTACTTTTGATGATAATTTACCTGCTTAAATATGGCTCTGGACT 4080
.....
.....

4081 AAATGTTGAAATCCTAATCCCCCAGTGTGATGGTGTTGGGAGGTGGGAGGTGGGGTTTTT 4140
.....
.....

4141 AAGAAGTGGTTAGGTCATGAGACTGGAGCCCTCGTGATGGGATTACTGCCTTAGAAGAAG 4200
.....
.....

4201 CAGTCAGGGGACTAACTTGCTGTGTTCCCATCGTGTGAGGGTATGGAGAGAGGCTGGCAG 4260
.....
.....

4261 TCTATAACACACAGGAGGACCCTCAGCAGAACCAGATCATATT**G**ACACTCTGATCTCCTT 4320
.....
.....

LWLT01000021.1_50701297_C/T

4321 CAGACTGGCTTCCATGCTTCAGACTTGTGAGAAATAAATGTTTGTTCTTTAAGTCATGCA 4380
.....
.....

4381 GTTTGTGATGTTTTGTTACAGCAGCTGAGCTAAGACAGATTTTTTTAATCTGCATGGCAA 4440
.....
.....

4441 AGTACTGTTTCCAAAGAAAAGTTGCCTCATCCAATGATCTTTCAAACTGCTTTATTAACT 4500
.....

```
     ............................................................

4501 AATACTGTATACTTGTAATTATCTGAAAACTTGATCCATCAATGTCAGACAGCTTTGATG   4560
     ............................................................
     ............................................................

4561 ATAAACTCTAAAGGAGAACCCAAGAGCATATATTTATTTAGAGTTAGCAAGCAGGGATGA   4620
     ............................................................
     ............................................................

4621 CAGTCACATGGATTCCTTTAAATTTGGAGGCTGGGGGAGGAACAGAGGTTTACCACCATT   4680
     ............................................................
     ............................................................

4681 AACACTGAGAAAGCTTCAGTCTTGAGCTTTGGCTTCAGTACTAAAAAAAAAAAAAAAAAA   4740
     ............................................................
     ............................................................

4741 AAAACACCAGAAAGGACCAAGATGTTCTGAAGACACACATACTTTCTAAGTGTCTATAAA   4800
     ............................................................
     ............................................................

4801 TTTGCATGAGTCCAAAGTCTGAAATGTGACCTGTTTGTTTTTATTTCATGAAAGAAGTTA   4860
     ............................................................
     ............................................................

4861 TCTACAGAGGTGTCTGCGCCCTTTGAAAGATAGCTTCAAATCCCAGACTTCAAATTATCT   4920
     ............................................................
     ............................................................

4921 GGGAGATAACTGTGTTTTCTTCATCTATGGAAAAGCCAAAGGTTTTACTCTGAGGATGGC   4980
     ............................................................
     ............................................................

4981 TATATGTATTATTTCCAAAGGACATGTAATCAATAAGGGTCACAAACTCCCAAATTAATC   5040
     ............................................................
     ............................................................

5041 TCTGGAATCAACAGAGCCAGCTGTCTGATAGCCTCGGTAAGCTCGATTGTACTTCATAGG   5100
     ............................................................
     ............................................................

5101 CGCCTACGTGAAAACACAGATAACGCCATAAAAACTGGCTGTTGGCATCATCAATTTCTT   5160
     ............................................................
     ............................................................

5161 CTATTACAACACATAACTATACAAGGTTTAAGTTATTTTGGTGATTTATAAACCATGAAG   5220
     ............................................................
     ............................................................

5221 CACTTGAAGACAAACATCTTCTGAAATGAACCAAGAGGAAGGGAAACTGACAACACAACT   5280
     ............................................................
```

```
     ............................................................

5281 CAGAAACCGCAGTGTATTTCAACATGAGGCTGTGCAGCAGTGGTTTGTTGTAGGAAATGA  5340
     ............................................................
     ............................................................

5341 CCCAAAGCACAGTAACAGGTGGTTTTCATTTTAATTCCTTTGTATCTTGACAAGTCACTC  5400
     ............................................................
     ............................................................

5401 TGTTAATCTCCTGAGGGTCCTCTGTGGAGTCCTATACCATTAGAGCCATTCATAGATGGC  5460
     ............................................................
     ............................................................

5461 TCGGCTCGAAAGCCACCAACTCAGGCCACCAGGAGAACATGACTGCTAGGTCCCCTGCCA  5520
     ............................................................
     ............................................................

5521 AGCTCTGAGTATGGAAGAGACTCCAGATTGTCCATGGATCCCATGCTACCATGAAGGGGT  5580
     ............................................................
     ............................................................

5581 TCCCAACCACTTCCAGCCCTGAACCTGTCCTTCCTCCTCGGATAGAGACTGTACCTTAGC  5640
     ............................................................
     ............................................................

5641 ACGACTTGGGCATTTGTAGGATCCAAGCCAAGAGAGGCATTGGGCAG              5687
     ...............................................
     ...............................................
```

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

[1]LWLT01000021.1_50718760_G/A promoter variant

[2]LWLT01000021.1_50718645_C/T 5'UTR variant

[3]LWLT01000021.1_ 1: 50718466_C/T intron variant

```
CTGCCCCTGCTTAGAAACCAGAGTCCCTTTCAGCTGAGCCTAAGAGAGAACAAGGGAAAT
GTAGACATGTCTCAAAGATACCTGTAGAATGACGGTTCTCAGTCAGGGGCCGGGGATGTG
TTACAATGTCTAGAGACATCTGTGATTGTTGAGGGGCAGTGTGGCTGGCATCTCATGGGC
TCAGGTCAGGGTTGCTGCTCAGTGTCTTACAATGCCACAAAGATGTATCTCACCAGAAAT
GGCAGGAGTGCACCAGTTGAGAAACTTCTAGAAAAAAACATCAGCCAGCCAAGTTGCTTG
AATTTAGACATGAGGTTGCCCTGATTGC[1]GGTGGTAGAAATAGAAGGAACCTGCTGCTTCT
GCAAACCTCATGTCTGAGATGGCATAAATAGTCACACTCCTCCCCCCACCCCGTAACCAG
TCTTTGCACTTGGAAAGTTCACG[2]ACTGGCAGCCTGCAGTCTCCATGACTTAAGTAGGTTT
GCCACAGCTCATCTCTTCACCTCAGAAGACTCCAGACCTGGACTCACTCCATGCAGCAAA
GAAAGGTATGTTAAACATTGGGAAAAACTCAGATCATTTAAGTACCTAGATCTGTGAGCC
ATTCTCAAAGAGAAGGGGAGAG[3]AGGGGAAGGGACCCAAATCATACGCAAAACAATTTTTT
TTTTTTTTTTTAGAATCTAAAGAAGCGTTTTGGTAGTCTCAAATGTCACTTCTTTGAAGA
TAAAGTCAGACTTTTACAATAATGCTGGAAATGGTTTTCTGGAGTGTATCTCTTGTCTGT
ATAATTTTGAGGAAGTAAATACTATTAATAGGTGTTTTCAACAGCATATATTAAAGCAGC
CTTTCCAGCACGTTTTGAAGCGTCAATCCTTTGCTGTCTTTGCAAGGTAAAGTTTGGTGT
TTTCTCTTTATCTTAGTTGATGCTACTGGGTCCATCTCAGGCTGATCTTGACACCTTCCA
TGTTCTGCTCTCTTCAGCCAGACTTGTCTGTTTCATTTTGGAAGAAGACTAAAAATGGTA
AGGACAGCTAAGAGATCCCTAAAAAGTGTTATTTGTCCTTTTTTGTGGGAAGAACTAAAA
CTGACTAGCAAGAGAGATGTTTAAGTTATCTGTACTTCAGTTATTTACTGAAGAAAACTT
```

TCATGATCTTTCATAAACAAGATTAATCATGGGGGTATTGTGTAATTTCAATTAATTAAG
ATTAATCAATACTTGCTGTGTTCTCCTTCCTATGGACTTCCCTAGTGGCTCAGATAGTAG
TAATTTCAATTAAGA

LWLT01000021.1_50703293_T/C synonymous variant

**GTCCTAGATATAAGTAGTAACAGCCATTATTTTCAATCAGAAGGAATTACTCACATGCTA
AATTTTACCAAGAACCTCAAGGTTCTGAAGAAACTGATGATGAACTATAATGACATCGCT
ACCTCCACCAGCAGGACCATGGAGAGTGAATCTCTTCAAATCCTGGAGTTCAGAGGCAAC
CATTTGGATATTTTATGGAGAGATGGTGATAACAGATACTTAAAATTCTTCAAGAATCTG
CTAAACTTAGAAGAGCTAGACATCTCTGAAAATTCTCTGAGTTTCTTACCTTTGGGAGTT
TTTGACAGTATGCCTCCAAATCTAAAGACTCTCTCCTTGGCCAAAAATGGGCTCAAGTCT
TTCAGTTGGAAAGGACTACAGAGTCTGAAGAATCTAGAAACTTTGGACCTCAGCTTCAAC
CAGCTGAAGACTGTCCCTGAGAGATTATCCAACTGTTCCCGCAGCCTCAAGAAACTCATA
CTTAAGAATAATCAAATCAGGTGCCTGACAAAGTATTTTCTCCAAGGTGCTTTCCAGTTG
CGACATCTGGACCTCAGCTCAAATAAAATTCAGGTTATCCAAAAGACGAGTTTTCCAGAA
AACGTCCTCAACAATCTAAACATTTTGTTTTTGCATCACAATCGATTTCTGTGCAACTGT
GATGCTGTGTGGTTTGTCTGGTGGGTTAACCATACCGAGGTGACTATTCCTTACTTGGCC
ACAGATGTGACTTGCATGGGACCAGGAGCACACAAGGGCCAGAGTGTGGTCTCTCTGGAT
CTATATACCTGTGAGTTAGATTTGACTAACTTCATCCTGTTCTCACTTTCCATATCAGCA
ATTCTCTCTCTGATGATGATCACAACAGCAAACCATCTCTATTTCTGGGATGTGTGGTAT
AGTTATCATTTCTGTAAAGCCAAAATAAAAGGGTATCGACGTCTGATATCACCCAATTCT
TGCTATGATGCTTTCATTGTATATGACACTAAAGACCCAGCAGTGACAGAGTGGGTTTTG
GACGAGCTGGTGGCCAAATTGGAAGACCCGAGAGAGAAGTGTTTTAATTTATGTCTTGAG
GAAAGAGACTGGTTACCAGGGCAGCCTGTTCTGGAAAATCTTTCCCAGAGCATACAGCTT
AGCAAAAAGACAGTGTTTGTGATGACAGACAAGTACGCAAAGACTGAGAATTTTAAGATA
GCATTTTACTTATCCCATCAGAGGCTCATGGAT**

LWLT01000021.1_50702074_T/C 3'UTR variant

**CATTTTACTTATCCCATCAGAGGCTCATGGATGAAAAAGTGGATGTAATCATCTTGATA
TTCCTTGAGAAGCCCCTTCAGAAGTCCAAGTTTCTCCAACTCCGGAAGAGGCTCTGTGGC
AGTTCTGTCCTTGAGTGGCCAACAAACCCACAGGCTCACCCGTACTTCTGGCAGTGTCTG
AAAAATGCCCTGGCCACAGACAATCACGTGACCTACAGTCAGGTGTTCAAAGAGACAGCC
TAGCCCTTCTTTGCCGAATGTGACTGCTACCAAGGAGAAGCTCAGCTGCCTTGATCGGCT
CACCCATGCCTTGCCAGAAGAGTGTTCTAAGATTCTCCAAGCCCTGGGATTGCCCATATT
GGAGAGGAGTCACCAATACATAACAAAGGAAGCAGAAAAATGGGATTTATATAAGCATCA
AGTCATCTTTCTCAGCTCTCTCTGTCTCCATTTGCACTTGAGTCTTTGTCTTCTGCCCTT
GCATAAAATACTGTTGGGAGAAGGGTGGCAAGTAGAGGATGTGGGACTTTGATTCTCCTG
TAATTGTGATTATTACATATACACACAGTCACCAAGAACTGCACTTCTACCCTCAAGAGG
CACTGGTATGTATAGAAATAGGGTTAAAAAAAAGGCTCAGAGTCTGCTTATATGACATTA
AAATGTACCAGTTAATTAGTGGTAAAAATAAAGACACAGTTAACTCCTCAGCCAATTGAC
TCAACCATCTAGTGCCCCGTTCTGTGCAGACCAAGTGCTGGCCCCCAGCAGGTGGTACAG
CTCAAGTGCTCCTTGCTCTTTCTCTCCTGGGCCTGTTACTGGGTTTTTTGGGGAAATAGA
AACATCTTTGTCATCGATGGACATAGTCTACTTACAAGTGGGAGAAGAATAAAGTCATGC
TCTTTACTTTTGATGATAATTTACCTGCTTAAATATGGCTCTGGACTAAATGTTGAAATC
CTAATCCCCCAGTGTGATGGTGTTGGGAGGTGGGAGGTGGGGTTTTTAAGAAGTGGTTAG
GTCATGAGACTGGAGCCCTCGTGATGGGATTACTGCCTTAGAAGAAGCAGTCAGGGGACT
AACTTGCTGTGTTCCCATCGTGTGAGGGTATGGAGAGAGGCTGGCAGTCTATAACACACA
GGAGGACCCTCAGCAGAACCAGATCATATTGACACTCTGATCTCCTTCAGACTGGCTTCC
ATGCTTCAGACTTGTGAGAAATAAATGTTTGTTCTTTAAGTCATGCAGTTTGTGATGTTT**

LWLT01000021.1_50701297_C/T 3'UTR variant

**CTCAAGTGCTCCTTGCTCTTTCTCTCCTGGGCCTGTTACTGGGTTTTTTGGGGAAATAGA
AACATCTTTGTCATCGATGGACATAGTCTACTTACAAGTGGGAGAAGAATAAAGTCATGC
TCTTTACTTTTGATGATAATTTACCTGCTTAAATATGGCTCTGGACTAAATGTTGAAATC
CTAATCCCCCAGTGTGATGGTGTTGGGAGGTGGGAGGTGGGGTTTTTAAGAAGTGGTTAG
GTCATGAGACTGGAGCCCTCGTGATGGGATTACTGCCTTAGAAGAAGCAGTCAGGGGACT
AACTTGCTGTGTTCCCATCGTGTGAGGGTATGGAGAGAGGCTGGCAGTCTATAACACACA
GGAGGACCCTCAGCAGAACCAGATCATATTGACACTCTGATCTCCTTCAGACTGGCTTCC
ATGCTTCAGACTTGTGAGAAATAAATGTTTGTTCTTTAAGTCATGCAGTTTGTGATGTTT**

TGTTACAGCAGCTGAGCTAAGACAGATTTTTTTAATCTGCATGGCAAAGTACTGTTTCCA
AAGAAAAGTTGCCTCATCCAATGATCTTTCAAACTGCTTTATTAACTAATACTGTATACT
TGTAATTATCTGAAAACTTGATCCATCAATGTCAGACAGCTTTGATGATAAACTCTAAAG
GAGAACCCAAGAGCATATATTTATTTAGAGTTAGCAAGCAGGGATGACAGTCACATGGAT