

PGT121 UCA	Q			V		Q			L			Q			E			S			G			P			G			L			V			K			P			S		
	1			2		3			4			5			6			7			8			9			10			11			12			13			14			15		
	C N/A	A N/A	G 0.68	G 1.07	T 0.61	G 0.42	C 0.18	A 0.26	G 2.21	C 3.09	T 0.53	G 1.27	C 0.18	A 0.47	G 0.64	G 0.11	A 0.89	G 0.46	T 0.52	C 0.38	G 0.03	G 0.18	G 0.19	C 0.15	C 0.14	C 0.18	A 0.55	G 0.64	G 0.24	A 0.58	C 0.13	T 0.35	G 0.30	G 0.99	T 0.90	G 0.27	A 0.56	A 1.37	G 0.16	C 0.93	C 0.18	T 0.62	T 0.40	C 1.76
PGT121	Q			M		Q			L			Q			E			S			G			P			G			L			V			K			P			S		
	1			2		3			4			5			6			7			8			9			10			11			12			13			14			15		
	C N/A	A N/A	G 0.43	A 0.65	T 1.24	G 3.11	C 0.18	A 1.38	G 1.61	T 0.27	T 1.50	A 2.03	C 1.33	A 0.37	G 0.64	G 0.11	A 0.89	G 0.46	T 0.52	C 0.38	G 0.03	G 0.18	G 0.19	C 0.15	C 0.10	C 0.19	C 0.09	G 0.82	G 0.21	A 0.58	C 0.13	T 0.35	G 0.30	G 0.99	T 0.90	G 0.27	A 0.56	A 1.37	G 0.16	C 0.93	C 0.18	T 0.62	T 0.40	C 1.76
	0.66646			0.06264		0.70554			0.65808			0.80881			0.77746			0.84474			0.91997			0.93559			0.85804			0.90153			0.67287			0.66598			0.77866			0.69113		

PGT121 UCA	S			Y			Y			W			S			W			I			R			Q			P			P			G			K			G			L		
	31			32			33			34			35			36			37			38			39			40			41			42			43			44			45		
	A 1.13	G 1.88	T 0.27	T 1.50	A 1.74	C 2.56	T 0.96	A 1.86	C 2.83	T 0.35	G 0.38	G 0.41	A 0.54	G 4.09	C 3.09	T 0.31	G 0.38	G 1.33	A 0.60	T 0.63	C 0.60	C 0.17	G 0.12	G 1.08	C 0.26	A 0.26	G 0.21	C 4.30	C 0.10	C 0.08	C 0.18	C 0.18	A 0.55	G 0.08	G 0.65	G 0.61	A 0.90	A 0.33	G 0.11	G 0.65	G 0.22	A 0.58	C 0.13	T 0.35	G 0.38
PGT121	D			S			Y			W			S			W			I			R			R			S			P			G			K			G			L		
	31			32			33			34			35			36			37			38			39			40			41			42			43			44			45		
	G 0.33	A 0.59	C 0.15	A 0.83	G 1.61	T 0.27	T 1.50	A 1.74	C 2.83	T 0.35	G 0.38	G 0.41	A 0.54	G 4.09	C 3.09	T 0.31	G 0.38	G 1.33	A 0.60	T 0.63	C 0.60	C 0.17	G 0.12	G 0.75	C 0.23	G 0.60	G 0.22	T 0.40	C 0.37	C 0.32	C 0.18	C 0.18	A 0.55	G 0.08	G 0.65	G 0.61	A 0.90	A 0.33	G 0.11	G 0.65	G 0.22	A 0.58	C 0.32	T 1.21	T 0.27
0.01656			0.06395			0.54046			0.86403			0.33228			0.80078			0.72553			0.93359			0.04454			0.27935			0.92869			0.85774			0.76200			0.85136			0.90299			

PGT121 UCA	P		S		L		K		S		R		V		T		I		S		V		D		T		S		K															
	61		62		63		64		65		66		67		68		69		70		71		72		73		74		75															
	C 0.54	C 0.20	C 0.47	T 0.49	C 0.36	C 0.32	C 0.47	T 0.41	C 0.41	A 0.66	A 0.71	G 0.29	A 0.42	G 0.46	T 0.52	C 0.11	G 0.17	A 0.85	G 0.46	T 0.63	C 0.16	A 0.86	C 0.47	C 0.27	A 1.00	T 1.52	A 2.75	T 0.46	C 0.73	A 0.83	G 4.19	T 1.49	A 2.46	G 0.20	A 0.74	C 0.59	A 0.90	C 0.25	G 0.49	T 0.57	C 0.20	C 0.54	A 0.79	A 0.71
PGT121	P		S		L		K		S		R		V		N		L		S		L		D		T		S		K															
	61		62		63		64		65		66		67		68		69		70		71		72		73		74		75															
	C 0.10	C 0.20	C 0.47	T 0.49	C 0.36	C 0.32	C 0.47	T 0.41	C 0.41	A 0.66	A 0.71	G 0.29	A 0.42	G 0.46	T 0.52	C 0.11	G 0.17	A 0.85	G 0.46	T 0.63	C 0.14	A 0.72	A 1.20	C 1.65	T 1.21	T 0.16	G 0.34	T 0.53	C 0.23	G 1.70	T 0.98	T 1.73	A 0.54	G 0.20	A 0.74	C 0.59	A 0.90	C 0.25	G 0.49	T 0.57	C 0.20	C 0.54	A 0.84	A 1.65
	0.82588		0.83235		0.84157		0.72795		0.78436		0.94018		0.80485		0.01245		0.08563		0.85801		0.21753		0.75588		0.76489		0.84827		0.71186															

PGT121 UCA	N	Q	F	S	L	K	L	S	S	V	T	A	A	D	T																													
	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90																													
	A 0.33	A 1.33	C 2.44	C 0.56	A 0.60	G 1.61	T 1.01	T 0.45	C 1.04	T 0.66	C 0.36	C 0.32	C 0.22	T 0.38	G 0.57	A 0.56	A 1.37	G 2.01	C 3.09	T 0.19	G 0.53	A 0.74	G 4.09	C 1.55	T 0.27	C 0.36	T 0.45	G 1.11	T 0.64	G 0.33	A 0.65	C 0.42	C 0.33	G 2.33	C 1.55	T 0.53	G 1.12	C 1.98	G 0.31	G 0.21	A 0.45	C 0.59	A 0.90	C 0.15
PGT121	N	Q	V	S	L	S	L	V	A	A	T	A	A	D	S																													
	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90																													
	A 3.20	A 1.91	T 0.68	C 0.73	A 0.67	G 0.68	G 1.07	T 0.51	G 0.34	T 0.56	C 0.37	C 0.32	C 0.22	T 0.38	G 0.53	A 0.74	G 0.75	C 0.93	C 0.18	T 0.64	T 0.16	G 1.03	T 0.58	G 0.19	G 0.19	C 0.24	C 0.06	G 0.85	C 0.92	G 0.16	A 0.59	C 0.42	C 0.33	G 2.33	C 1.55	T 0.53	G 1.12	C 1.98	G 0.31	G 0.21	A 0.58	C 0.44	T 0.35	C 0.27
	0.55282	0.67049	0.04135	0.80608	0.89022	0.01713	0.72118	0.00423	0.01509	0.04385	0.79101	0.46750	0.54705	0.78758	0.04915																													

PGT121 UCA	A			V			Y			Y			C			A			R			T			L			H			G			R			S			I			F		
	91			92			93			94			95			96			97			98			99			100			101			102			103			104			105		
	G 0.75	C 0.24	C 0.11	G 1.03	T 0.67	G 4.51	T 1.60	A 2.62	T 1.00	T 1.43	A 1.74	C 2.83	T 0.30	G 1.11	T 0.60	G 0.29	C 0.15	G 0.26	A 1.15	G 0.98	A 0.33	A 1.00	C 1.31	A 0.48	C 0.84	T 0.85	G 1.27	C 0.94	A 1.25	C 0.15	G 0.18	G 0.54	G 0.94	A 0.31	G 1.59	G 0.11	A 0.54	G 0.70	C 4.54	A 1.09	T 1.01	T 0.47	T 0.75	T 0.68	T 0.61
PGT121	G			K			Y			Y			C			A			R			T			L			H			G			R			R			I			Y		
	91			92			93			94			95			96			97			98			99			100			101			102			103			104			105		
	G 0.18	G 9.28	C 0.13	A 0.49	A 1.62	A 2.15	T 1.48	A 2.56	T 1.00	T 1.77	A 2.86	T 1.01	T 0.54	G 1.12	C 0.21	G 1.22	C 0.92	G 0.26	A 1.15	G 0.98	A 0.33	A 1.00	C 1.31	A 0.48	C 0.84	T 0.85	G 1.27	C 0.94	A 1.25	C 0.15	G 0.18	G 0.54	G 0.94	A 0.31	G 1.59	G 0.11	A 0.62	G 0.98	A 0.30	A 1.40	T 1.35	T 0.58	T 1.71	A 2.59	T 1.84
	0.01278			0.00300			0.42343			0.49936			0.71428			0.86539			0.72562			0.61845			0.75599			0.62176			0.85522			0.71215			0.39527			0.60234			0.00776		

PGT121 UCA	G		V		V		A		F		N		E		W		F		T		Y		Y		M		D																	
	106		107		108		109		110		111		112		113		114		115		116		117		118		119		120															
	G 0.21	G 0.41	A 0.89	G 1.47	T 0.69	G 0.64	G 1.30	T 0.27	T 0.43	G 0.38	C 1.03	C 0.18	T 0.62	T 0.43	C 4.57	A 0.68	A 2.15	T 0.48	G 0.46	G 0.65	G 1.47	T 0.69	G 0.64	G 1.30	T 1.06	T 0.32	C 0.54	A 0.86	C 0.58	C 1.01	T 1.31	A 1.86	C 2.56	T 0.96	A 1.86	C 2.56	T 0.96	A 1.48	C 1.23	A 1.16	T 1.05	G 0.85	G 0.17	A 1.03
PGT121	G		I		V		A		F		N		E		W		F		T		Y		F		Y		M		D															
	106		107		108		109		110		111		112		113		114		115		116		117		118		119		120															
	G 0.85	G 0.49	A 1.05	A 1.95	T 0.45	C 0.47	G 1.70	T 0.96	T 0.43	G 0.38	C 1.03	C 0.18	T 0.62	T 0.43	C 4.57	A 0.68	A 2.15	T 0.48	G 0.46	G 0.65	G 1.47	T 0.69	G 0.64	G 1.30	T 1.06	T 0.32	C 0.54	A 0.86	C 0.58	C 1.01	T 1.31	A 1.86	C 1.95	T 0.98	T 0.40	C 2.29	T 1.91	A 1.48	C 1.23	A 1.16	T 1.05	G 0.85	G 0.17	A 1.03

PGT121 UCA	V			W			G			K			G			T			T			V			T			V			S					
	121			122			123			124			125			126			127			128			129			130			131					
	G 0.49	T 0.46	C 0.22	T 0.48	G 0.18	G 0.14	G 0.06	G 9.28	C 0.13	A 0.49	A 1.83	A 0.73	G 0.11	G 0.65	G 0.22	A 0.62	C 0.68	C 0.40	A 0.84	C 0.15	G 0.32	G 0.22	T 0.44	C 0.16	A 0.86	C 0.42	C 0.17	G 0.27	T 0.46	C 0.24	T 0.66	C 0.31	C 0.62	T 0.41	C N/A	A N/A
PGT121	V			W			G			N			G			T			Q			V			T			V			S					
	121			122			123			124			125			126			127			128			129			130			131			132		
	G 0.49	T 0.46	C 0.22	T 0.48	G 0.18	G 0.14	G 0.06	G 9.28	C 0.13	A 0.63	A 2.15	T 1.47	G 0.08	G 0.65	G 0.22	A 0.58	C 0.44	T 0.45	C 0.35	A 0.67	G 0.06	G 0.06	T 0.44	C 0.16	A 0.86	C 0.42	C 0.17	G 0.27	T 0.46	C 0.24	T 0.66	C 0.31	C 0.62	T 0.41	C N/A	A N/A
	0.21212	0.26262	0.17262	0.22222	0.25252	0.27272	0.23232	0.28282	0.24242	0.20202	0.25252	0.22222	0.21212	0.26262	0.27272	0.23232	0.28282	0.24242	0.20202	0.25252	0.22222	0.21212	0.26262	0.27272	0.23232	0.28282	0.24242	0.20202	0.25252	0.22222	0.21212	0.26262	0.27272			