

Figure S1

a



b

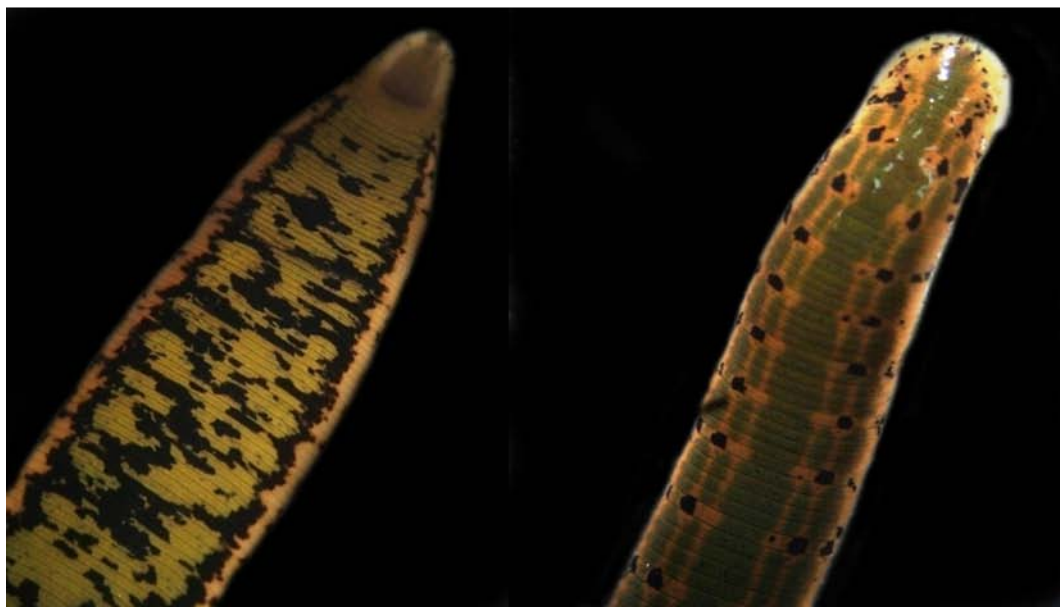


Figure S2

HV2 : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTGCTCTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCT **C** AAGCAAGTGAGTATAAAGTGGACTTTATGAGATTT : 90
 HV-Hyb2-3 : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTGCTCTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCT **C** AAGCAAGTGAGTATAAAGTGGACTTTATGAGATTT : 90
 HV3-PAYD : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTGCTCTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCT **C** AAGCAAGTGAGTATAAAGTGGACTTTATGAGATTT : 90
 HV3-PAFN : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTGCTCTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCT **C** AAGCAAGTGAGTATAAAGTGGACTTTATGAGATTT : 90
consensus : **ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTGCTCTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCT** **AAGCAAGTGAGTATAAAGTGGACTTTATGAGATTT**

HV2 : AAAATGATTAATTAAAATGTTATGTATATTCCCTCTTTTGTGGCCGTAGTTGATTAATTGGTTCTCTTTCAGTTACTTACACTGATTG : 180
 HV-Hyb2-3 : AAAATGATTAATTAAAATGTTATGTATATTCCCTCTTTTGTGGCCGTAGTTGATTAATTGGTTCTCTTTCAGTTACTTACACTGATTG : 180
 HV3-PAYD : AAAATGATTAATTAAAATGTTATGTATATTCCCTCTTTTGTGGCCGTAGTTGATTAATTGGTTCTCTTTCAGTTACTTACACTGATTG : 180
 HV3-PAFN : AAAATGATTAATTAAAATGTTATGTATATTCCCTCTTTTGTGGCCGTAGTTGATTAATTGGTTCTCTTTCAGTTACTTACACTGATTG : 180
consensus : AAAATGATTAATTAAAATGTTATGTATATTCCCTCTTTTGTGGCCGTAGTTGATTAATTGGTTCTCTTTCAGTTACTTACACTGATT**G**

HV2 : TACAGAATCGGGTCAAAATTTATGCCTCTGCGAGGTAAGTTAGTAACCTTGT **G** ATTCTACATAACAAATGCTGCAACAAACATTGTTGAA : 270
 HV-Hyb2-3 : TACAGAATCGGGTCAAAATTTATGCCTCTGCGAGGTAAGTTAGTAACCTTGT **G** ATTCTACATAACAAATGCTGCAACAAACATTGTTGAA : 270
 HV3-PAYD : TACAGAATCGGGTCAAAATTTATGCCTCTGCGAGGTAAGTTAGTAACCTTGT **G** ATTCTACATAACAAATGCTGCAACAAACATTGTTGAA : 270
 HV3-PAFN : TACAGAATCGGGTCAAAATTTATGCCTCTGCGAGGTAAGTTAGTAACCTTGT **G** ATTCTACATAACAAATGCTGCAACAAACATTGTTGAA : 270
consensus : **TACAGAATCGGGTCAAAATTTATGCGCTCTGCGAGGTAAGTTAGTAACCTTGT** ATTCTACATAACAAATGCTGCAACAAACATTGTTGAA

HV2 : TTGAAGGGAAGCAATGTTTTCGGTAAAGGCAATAATTCGCAATTGGGTTCTAATGGAGAG **GACA** ACCAATGTGTCACTGGCGGTAATTGT : 360
 HV-Hyb2-3 : TTGAAGGGAAGCAATGTTTTCGGTAAAGGCAATAATTCGCAATTGGGTTCTAATGGAGAG **GACA** ACCAATGTGTCACTGGCGGTAATTGT : 360
 HV3-PAYD : TTGAAGGGAAGCAATGTTTTCGGTAAAGGCAATAATTCGCAATTGGGTTCTAATGGAGAG **AAAA** ACCAATGTGTCACTGGCGGTAATTGT : 360
 HV3-PAFN : TTGAAGGGAAGCAATGTTTTCGGTAAAGGCAATAATTCGCAATTGGGTTCTAATGGAGAG **AAAA** ACCAATGTGTCACTGGCGGTAATTGT : 360
consensus : TTGAAGGGAAGCAATGTT**TGCGGTAAAGGCAATAATTCGCAATTGGGTTCTAATGGAGAG** **A** **ACCAATGTGTCACTGGCGGTAATTGT**

HV2 : TTTGACAATTTAATGTAACGTTAAGTTATCACACAGTAT-----TATATAACATTATATCACACCCGAATTTATTAGTTTCTATGA : 445
 HV-Hyb2-3 : TTTGACAATTTAATGTAACGTTAAGTTATCACACAGTATATATAACATTATATTAGACCCGAATTTATTATTAGTTTCT--GA : 448
 HV3-PAYD : TTTGACAATTTAATGTAACGTTAAGTTATCACACAGTATATATAACATTATATTAGACCCGAATTTATTATTAGTTTCT--GA : 448
 HV3-PAFN : TTTGACAATTTAATGTAACGTTAAGTTATCACACAGTATATATATATAACATTATTTACACCCGAATTTATTAGTTTCTATGA : 450
consensus : **TTTGACAATTTAATGTAACGTTAAGTTATCACACAGTAT** tat A AT A ATTA a C gA A TTTATTAGTTTCT GA

HV2 : AATCAC-----TGCTTATGA-----CCTAATTAATTATATTGGACAAGTTAAAAAG--TGCAATAGATATTAATTAATTGTTACT : 522
 HV-Hyb2-3 : AATCACCTTTTCCTCATAGGGAAATTGCCTAATTAATTATATTAGACAAGTTAAAAAGAAAGTCATAGATATTAATTAATTGTTACC : 538
 HV3-PAYD : AATCACCTTTTCCTCATAGGGAAATTGCCTAATTAATTATATTAGACAAGTTAAAAAGAAAGTCATAGATATTAATTAATTGTTACC : 538
 HV3-PAFN : AATCACCTTTTCCTCATAG-----CCTAATTAATTATATTGGTCTAGTTAAAAAGAAA-----ATAGATATTAATTAATTGTTACC : 527
consensus : AATCACtctttCcCT At A CCTAATTAATTATATT GaCaAGTTAAAAgAaa tg ATAGATATTAATTAATTGTTACC

HV2 : AATA-TTTACTAGTTATTAATGTACACATTTTAACTTCAGAAGGTACACCGAAGCCTCAAAGCCATAATTAACGGCGATTTCGAAGGAAATTC : 611
 HV-Hyb2-3 : AATAATTTACTAGTTATTAATATACACATTTTAACTTCAGAAGGTACACCGAAGCCTCAAAGCCATAATGAAACGATTTCGAACCAATTC : 628
 HV3-PAYD : AATAATTTACTAGTTATTAATATACATATTTAACTTCAGAAGGTACACCGAAGCCTCAAAGCCATAATGAAACGATTTCGAACCAATTC : 628
 HV3-PAFN : AATAATTTACTAGTTATTAATATACACATTTTAACTTCAGAAGGTACACCGAAGCCTCAAAGCCATAATGAAACGATTTCGAACCAATTC : 617
consensus : AATAA**TTTACTAGTTATTAATATACATTTTAACTTCAGAAGGTACACCGAAGCCTCAAAGCCATAATgAaaCGATTTCGAACCAATTC**

HV2 : CAGAAGAATATTACAA**TGA** : 631
 HV-Hyb2-3 : CAGAAGACGCTTATGATTAA : 648
 HV3-PAYD : CAGAAGACGCTTATGATTAA : 648
 HV3-PAFN : CAGAAGACGCTTTTAATTAA : 637
consensus : CAGAAGAc**dcTT t AtTAa**

Figure S3

HLF1Vlong :	ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTCTTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCTCAAGCGAGTGAGTATGACCTAACCTTTTTGTGAACG :	90
HLF-Hyb1-2 :	ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTCTTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCTCAAGCGAGTGAGTATGACCTAACCTTTTTGTGAACG :	90
HLF2 :	ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTCTTCTTGGCGGTTTGCATATGCGTGTCTCAAGCAAGTGAGTATACCTGACCTTTTTGTGA-CG :	89
consensus :	ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTCTGTTCTTCTTGGCGGTTTGCATcTGCgTGTCTCAAGCGAGTGAGTATgACCTaACCTTTTTGTGAaCG	
HLF1Vlong :	AGTATTACGTATTAAAAAGTGCTACATCCTCATAAATACCAAGGTAATTCACCTTCTGCTTTATATTTAAAAATGATTGTTGGTTGTAGTT :	180
HLF-Hyb1-2 :	AGTATTACGTATTAAAAAGTGCTACATCCTCATAAATACCAAGGTAATTCACCTTCTGCTTTATATTTAAAAATGATTGTTGGTTGTAGTT :	180
HLF2 :	AGTATTACGTATTAAAAAGGCTA-----ATAAAAG---GGGTAATTCAACTTCTGCTTTATATTTAAAAATGGTTGTTGGTTGTAGTT :	169
consensus :	AGTATTACGTAtTAAAAAGTGCTAcatcctcATAAAtaccaGGGTAATTCacTTCTGCTTTATATTTAAAAATGaTTGTTGGTTGTAGTT	
HLF1Vlong :	GTTTATGGACCTGCTCAGAAAATAATACGACTCCATGCCTGTGTGAGGTAAATTAGAAGATTATATAACATTT-----AATTTTCAAAT :	265
HLF-Hyb1-2 :	GTTTATGGACCTGCTCAGAAAATAATACGACTCCATGCCTGTGTGAGGTAAATTAGAAGATTATATAACATTT-----AATTTTCAAAT :	265
HLF2 :	GTTTATTAAACCTGCTCGGAACTAAAGACTCCATGCCTGTGTGAGGTAAATTAGAAGATTATATAACATTTTATTATAATTTTCAAAT :	259
consensus :	GTTTATgGACCC TGC TcAGAAAaTAATAcGACTCCA TGCCTGT GaGGTAAATTAGAAGATTATATAACaTTT AATTTTCAAAT	
HLF1Vlong :	GTTATCATACATAATATCATCATTAAACAATCAGAATAACGGAATGATCTATGTTCTTATGGAGGCACGTGCCAGCTGAATCTAACGG :	355
HLF-Hyb1-2 :	GTTATCATACATAATATCATCATTAAACAATCAGAATAACGGAATGATCTATGTTCTTATGGAGGCACGTGCCAGCTGAATCTAACGG :	355
HLF2 :	GTTATCATAAATAATATCATCATTAAACAATCAGAATCA---AAGAGTTATATGCCCTCATGGATTCAAGGTG-----TCTTACGG :	337
consensus :	GTTATCATAcATAATATCATCATTAAACAATCAGAATaAcggAAATGaTcTA Tgt tCTTATGGAggCAcG TGc cagctgaaTCTaACGG	
HLF1Vlong :	CAACACATGCATTGGCGGAAGTAATTTTTTTTACATTGTGTTATTGTACTCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGCAAGCAGTGG :	445
HLF-Hyb1-2 :	CAACACATGCATTGGCGGAAGTAATTTTTTTTACATTGTGTTATTGTACTCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGCAAGCAGTGG :	445
HLF2 :	CAGCACATGCATTGGCGGAAGTAATTTTTTTTAT-ATATTGTGTTATTGTATCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGG----- :	416
consensus :	CaaCACA TGc ATTGGCGGAAGTAATTTTTTTtTAcATTGTGTTATTGTActCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGcaagcagtgg	
HLF1Vlong :	CGCACCCAAACATTTTTTCGGGGGAGGGGGGTTGATTTTTGAATACCATTTTTCTAGGTTTTTTAGGTTTGGGGCGTTAGAACCCCCCAA :	535
HLF-Hyb1-2 :	CGCACCCAAACATTTTTTCGGGGGAGGGGGGTTGATTTTTGAATACCATTTTTCTAGGTTTTTTAGGTTTGGGGCGTTAGAACCCCCCAA :	535
HLF2 :	----- :	416
consensus :	cgcacccaaacatTTTTtcgggggaggggggTTgattTTTTgaataccatTTTTctaggTTTTtaggtTTTggggcgTtagaaccCCCCaa	
HLF1Vlong :	ATTCCCCCTTGGGTGTGCCACTGGGGGAAAGTGCCCCGAGGCCCGGCCGCAATTTTTTGGGCCCGCTCGGGTTTTAAACCTTTATTTTC :	625
HLF-Hyb1-2 :	ATTCCCCCTTGGGTGTGCCACTGGGGGAAAGTGCCCCGAGGCCCGGCCGCAATTTTTTGGGCCCGCTCGGGTTTTAAACCTTTATTTTC :	625
HLF2 :	-----AGGGCAAGTGCCCCG-----GGACCGGCAATTTTTTGGGCCCGCTCGGGTTTTAAACCTTTATTTTC :	477
consensus :	attcccccttgggtgtgccactggGGGaAGTGCCCCGaggcccGGcCCGCAATTTTTT GGGCCCGCTCGGGTTTTAAACCTT tTTTTC	
HLF1Vlong :	ATCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATATTACCAAGGGGCCGAAATTTGTTTCGGCGGATGCTGATTGTACTTATGTAATTGTGATTGT :	715
HLF-Hyb1-2 :	TTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATAT-----AGGGGCCGAAAGTTGTTTCGGCGGACCTGATTGTGCTGTATT-----ATTGA :	704
HLF2 :	TTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATAT-----AGGGGCCGAAAGTTGTTTCGGCGGACCTGATTGTGCTGTATT-----ATTGA :	556
consensus :	tTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATATAGGGGCCGAAAgTTGTTTCGGCGGAccTGATTGTgtcTgTaTtATTGa	
HLF1Vlong :	TACTATTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTGTTAGAGGCACATCGTATCTAAAGCTGAAGTTTATGAATTGCCATTTGCTGCTGAGAGT :	805
HLF-Hyb1-2 :	TACCGTTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTATTAGAGGCACATGTGTCTAAACTGAAATTTATTGGAATTGCTATTATTGCTCAGATT :	794
HLF2 :	TACCGTTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTATTAGAGGCACATGTGTCTAAACTGAAATTTATTGGAATTGCTATTATTGCTCAGATT :	646
consensus :	TACcgTTATGCTCTTAACtTGTTATTAATTaTTAGAgGCACATtGTgTCTAAaCTGAaATTTatTgGATTGctATTtATGCTcAGATt	
HLF1Vlong :	TAACAACTCTCAACACAAG--TGCTGACAAATCCTTTGATTTTGTAATGAAATATCAATTTTTAAATATTAAATCCTTAAATTTCGTTTTG :	893
HLF-Hyb1-2 :	TATTAATCTGCAGCACACGGTTGCTAAAAATCTTTTAGTTTTGTAATGAAATAATATTTTTAAATTTAAATTCGAAATGTCGTTTTG :	884
HLF2 :	TATTAATCTGCAGCACACGGTTGCTAAAAATCTTTTAGTTTTGTAATGAAATAATATTTTTAAATTTAAATTCGAAATGTCGTTTTG :	736
consensus :	TAttAATCTgCAgCACACGgtTGCTaAaAtctTTTTagTTTTGTAATGAAATaAtATTTTTAAATtTaAATtCTgAAATgTCGTTTTG	
HLF1Vlong :	ACAGGCAATGACGGTGAGTCAGTCGACAGTGTGACAGTGACGACGACGACGATGATGATAAATAA :	971
HLF-Hyb1-2 :	ACAGa-----AGTTAACTGGCA-----AATTAAAGCAa--ATGACGACGACGACGACGATAATAAATAA :	941
HLF2 :	ACAGa-----AGTTAACTGGCA-----AATTAAAGCAa--ATGACGACGACGACGACGATAATAAATAA :	793
consensus :	ACAGaAGTtAactGgCAaAaTtAaagCAaAtGACGACGACGACGAcGATaATAAATAA	

Figure S4

HLF2 : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTGCTTCTTGGCGGTTTGCATATGCGTGTCTCAAGCAAGTGAGTATAACCTGACCTTTTTGTGA-CG : 89
HLF-Hyb2-3: ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTGCTTCTTGGCGGTTTGCATATGCGTGTCTCAAGCAAGTGAGTATAACCTGACCTTTTTGTGA-CG : 89
HLF3 : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTGCTTCTTGGCGGTTTGCATCTGCGTGTCTCAAGCGAGTGAGTATGACCTAACCCTTTTTGTGAACG : 90
consensus : ATGTTCTCTCTGAAGCTGTTGCTTCTTGGCGGTTTGCATATGCGTGTCTCAAGCAAGTGAGTATAACCTGACCTTTTTGTGA CG

HLF2 : AGTATTACGTAAATAAAAGGCTA-----ATAAA---AGGGGTAAATTCAA TTCTGCTTTATATTAATAATGTTGTTGGTTGTAGTT : 169
HLF-Hyb2-3: AGTATTACGTAAATAAAAGGCTA-----ATAAA---AGGGGTAAATTCAA TTCTGCTTTATATTAATAATGTTGTTGGTTGTAGTT : 169
HLF3 : AGTATTACGTAAATAAAAGTGTACATCCTCAATAATACCAAGGTAAATTCACTTCTGCTTTATATTAATAATGTTGTTGGTTGTAGTT : 180
consensus : AGTATTACGTAAATAAAAGGCTAATAAA agGGGTAAATTCAaTTCTGCTTTATATTAATAATGTTGTTGGTTGTAGTT

HLF2 : GTTTTAAACCTGCTCGGAACTAAAAAGACTCCATGCCTGTGTGGGGTAAATTAGAAGATTATATAACAATTTTATTAATTTCAAAT : 259
HLF-Hyb2-3: GTTTTAAACCTGCTCGGAACTAAAAAGACTCCATGCCTGTGTGGGGTAAATTAGAAGATTATATAACAATTTTATTAATTTCAAAT : 259
HLF3 : GTTTTAAACCTGCTCGGAACTAAAAAGACTCCATGCCTGTGTGGGGTAAATTAGAAGATTATATAACAATTTTATTAATTTCAAAT : 270
consensus : GTTTTAAACCTGCTCGGAACTAAAAAGACTCCATGCCTGTGTGGGGTAAATTAGAAGATTATATAACAATTTTATTAATTTCAAAT

HLF2 : GTTATCATAAATAATATCATCATTAAACAATCAGAATCAAAGAGTTATATGCCCTCATGGATTCAAGGTGTTCTTACGGCAGCACATGCAT : 349
HLF-Hyb2-3: GTTATCATAAATAATATCATCATTAAACAATCAGAATCAAAGAGTTATATGCCCTCATGGATTCAAGGTGTTCTTACGGCAGCACATGCAT : 349
HLF3 : GTTATCATAAATAATATCATCATTAAACAATCAGAATCAAAGAGTTATATGCCCTCATGGATTCAAGGTGTTCTTACGGCAGCACATGCAT : 360
consensus : GTTATCATAAATAATATCATCATTAAACAATCAGAATCAAAGAGTTATATGCCCTCATGGATTCAAGGTGTTCTTACGGCAGCACATGCAT

HLF2 : TGGCGGAAGTAATTTTTATATATTGTGTTATTGTATCCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGAGGG-CAAGTGCCCCGGGACCGG : 438
HLF-Hyb2-3: TGGCGGAAGTAATTTTTATATATTGTGTTATTGTATCCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGAGGGCAAGTGCCCCGGGACCGG : 439
HLF3 : TGGCGGAAGTAATTTTTATATATTGTGTTATTGTATCCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGAGGGCAAGTGCCCCGGGACCGG : 450
consensus : TGGCGGAAGTAATTTTTATATATTGTGTTATTGTATCCAGGACCGCCGAGAAGCAGGGCAGGGGGGAGGGgCAAGTGCCCCGGGACCGG

HLF2 : CAATTTTTGGGGCCCGCTCGGGTTTTAAACCTTTTTCTTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATATA-----GGGGCCCGAAAGTTG : 523
HLF-Hyb2-3: CAATTTTTGGGGC-----TCGGGTTTTAAACCTTTTTCTTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATATAATATAGGGGCCCGAAAGTTG : 525
HLF3 : CAATTTTTGGGGC-----TCGGGTTTTAAACCTTTTTCTTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATATAATATAGGGGCCCGAAAGTTG : 536
consensus : CAATTTTTGGGGC TCGGGTTTTAAACCTTTTTCTTCTCCAATACCAAATTGATAAATTGATATAAatataGGGGCCCGAAAGTTG

HLF2 : TTTTCGCGGACCTGATTGTGTCTGTATTATTGATACCGTTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTATTAGAGGCACATTGTGTCTAAAGCTG : 613
HLF-Hyb2-3: TTTTCGACGGACCTGATTGTGTCTGTATTATTGATACGTTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTATTAGAGGCACATTGTGTCTAAAGCTG : 615
HLF3 : TTTTCGACGGACCTGATTGTGTCTGTATTATTGATACGTTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTATTAGAGGCACATTGTGTCTAAAGCTG : 626
consensus : TTTTCGACGGACCTGATTGTGTCTGTATTATTGATACGTTATGCTCTTAACCTGTTATTAATTATTAGAGGCACATTGTGTCTAAAGCTG

HLF2 : AAATTTATTGGATTGCTATTTATTGCTCAGATTTAATAATCTGCAGCACACGGTTGCTAAAAATCTTTTAGTTTTGTAATGAAATAATA : 703
HLF-Hyb2-3: AAATTTATTGGATTGCTATTTATTGCTCAGATTTAACAATCTGCAGCACACGGTTGCTAAAAATCTTTTAGTTTTGTAATGAAATAATA : 705
HLF3 : AAATTTATTGGATTGCTATTTATTGCTCAGATTTAACAATCTGCAGCACACGGTTGCTAAAAATCTTTTAGTTTTGTAATGAAATAATA : 716
consensus : AAATTTATTGGATTGCTATTTATTGCTCAGATTTAACAATCTGCAGCACACGGTTGCTAAAAATCTTTTAGTTTTGTAATGAAATAATA

HLF2 : TTTTTAAATTTAAATCTGAAATGTCGTTTTCGACAGAAGTTAACTGGCAAATTAAAGCAAATGACGACGACGAC---GACGATAATAA : 789
HLF-Hyb2-3: TTTTTAAATTTAAAGTCTGAAATGTCGTTTTCGACAGAAGTTAACTGGCAAATTAAAGCAAATGACGACGACGACACTAGACGATGATAA : 794
HLF3 : TTTTTAAATTTAAAGTCTGAAATGTCGTTTTCGACAGAAGTTAACTGGCAAATTAAAGCAAATGACGACGACGACACTAGACGATGATAA : 805
consensus : TTTTTAAATTTAAAGTCTGAAATGTCGTTTTCGACAGAAGTTAACTGGCAAATTAAAGCAAATGACGACGACGACactaGACGATGATAA

HLF2 : ATAA : 793
HLF-Hyb2-3: ATAA : 798
HLF3 : ATAA : 809
consensus : ATAA

Table S1

List of Primers

Primers used for genotyping (Folmer et al., 1994):

LCO1490:	5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3'
HC02198:	5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3'

Primers used for gene amplification:

hirudin genes:	forward:	5'-GGC ACG AGG GAT CTG AAG AAATC-3'
	reverse:	5'-TAT TGG TAA ATA GCT TAG CTATGG-3'

HLF genes:	forward:	5'-GGC AGG TAC ATC ATT CTG ATC TG-3'
	reverse:	5'-GCT TTATGA CGT CAT AAC TTTATT GG-3'

Primers used for cloning in pQE30Xa:

HV2:	Htroc_HV2_fw:	5'-ATT ACT TAC ACT GAT TGT ACA G-3'
	Htroc_HV2_rev:	5'-TTA AGC TTC ATT GTA AAT ATT CTT CTG G-3'
HV3-PAYD:	Htroc_HV3_fw1:	5'-ATT ACT TAC ACT GAT TGT ACA G-3'
	Htroc_HV3_rev1:	5'-TTA AGC TTA ATC ATA AGC GTC TTC TGG-3'
HV3-PAFN:	Htroc_HV3_fw2:	5'-ATT ACT TAC ACT GAT TGT ACA G-3'
	Htroc_HV3_rev2:	5'-TTA AGC TTA ATT AAA AGC GTC TTC TGG-3'
HLF1:	Htroc_HLF1V_fw:	5'-ATT GTT TAT GGA CCC TGC TCA GAA AAT-3'
	Htroc_HLF1V_rev:	5'-TTA AGC TTA TTT ATC ATC ATC GTC GTC-3'
HLF2:	Htroc_HLF2_fw:	5'-ATT GTT TTT AAA CCC TGC TCG GAA ACT-3'
	Htroc_HLF2_rev:	5'-TTA AGC TTA TTT ATT ATC GTC GTC GTC-3'
HLF-Hyb:	Htroc_HLF1V_fw:	5'-ATT GTT TAT GGA CCC TGC TCA GAA AAT-3'
	Htroc_HLF2_rev:	5'-TTA AGC TTA TTT ATT ATC GTC GTC GTC-3'