



UNIVERSIDAD DE CHILE
FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS Y PECUARIAS
ESCUELA DE CIENCIAS VETERINARIAS

**IMPLEMENTACIÓN DE LA REACCIÓN EN CADENA DE LA
POLIMERASA PARA LA DETECCIÓN DEL VIRUS DE LA
PANLEUCOPENIA FELINA**

**IMPLEMENTATION OF THE POLYMERASE CHAIN REACTION
FOR THE DETECTION OF FELINE PANLEUKOPENIA VIRUS**

Cristóbal Heraldó Carreño Jofré

Memoria para optar al Título Profesional de
Médico Veterinario
Departamento de Medicina Preventiva
Animal

PROFESOR GUÍA: CARLOS OSVALDO NAVARRO VENEGAS
Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias
Universidad de Chile

SANTIAGO, CHILE

2020



UNIVERSIDAD DE CHILE
FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS Y PECUARIAS
ESCUELA DE CIENCIAS VETERINARIAS

**IMPLEMENTACIÓN DE LA REACCIÓN EN CADENA DE LA
POLIMERASA PARA LA DETECCIÓN DEL VIRUS DE LA
PANLEUCOPENIA FELINA**

**IMPLEMENTATION OF THE POLYMERASE CHAIN REACTION
FOR THE DETECTION OF FELINE PANLEUKOPENIA VIRUS**

Cristóbal Heraldo Carreño Jofré

NOTA FINAL:

Memoria para optar al Título Profesional de
Médico Veterinario
Departamento de Medicina Preventiva Animal

		NOTA	FIRMA
PROF. GUÍA	:CARLOS NAVARRO VENEGAS
PROF. CORRECTOR	:ALDO GAGGERO BRILLOUET
PROF. CORRECTOR	:EDUARDO KESSI CAMPOS

SANTIAGO, CHILE

2020

AGRADECIMIENTOS

A todas aquellas que hicieron posible llegar a esta instancia.

- (- A mi familia, por su apoyo incondicional durante todos estos largos años.
 - A mis viejos amigos, por su tiempo y ánimos para seguir.
 - A mis nuevos amigos, por permitir entrar y conocer sus vidas.
 - A mi profesor guía, por su voluntad e infinito buen humor.
 - A los profesores correctores, por su disposición en esta pandemia.
 - A mis amigos del trabajo, por su paciencia y perseverancia en convertir un egresado mediocre, en un Médico Veterinario promedio. Y,
- Al arte, por dar esa motivación que los antidepresivos no pueden entregar.)

ÍNDICE DE CONTENIDOS

ÍNDICE DE ANEXOS	1
RESUMEN	2
ABSTRACT	3
INTRODUCCIÓN	4
REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	5
Virus de la Panleucopenia Felina	5
Patogenia	6
Signos clínicos.....	7
Tratamiento.....	7
Inmunización	7
Diagnóstico.....	8
OBJETIVOS	9
MATERIALES Y MÉTODOS	10
Muestras	10
Extracción de ADN	10
Partidores.....	10
Mezcla de reacción PCR	11
Reacción PCR.....	11
Visualización del producto amplificado.....	11
Determinación de la identidad del producto amplificado.....	12
Bioseguridad.....	12
RESULTADOS	13
Resultados objetivo 1	13
Resultados objetivo 2	14
DISCUSIÓN	15
CONCLUSIÓN	17
BIBLIOGRAFÍA	18
ANEXOS	20

ÍNDICE DE ANEXOS

Figura 1: Electroforesis en gel de Agarosa 2%	13
Cuadro 1: PIN secuencia CHCJ respecto BLAST (parcial).....	14
Anexo 1: Vacunas contra VPF registradas en Chile	20
Anexo 2: Alineamiento de secuencias VP2 del VPF	21
Anexo 3: Secuencia consenso a partir de secuencias de VP2	51
Anexo 4: Diseño de partidores según <i>OligoPerfect™ Designer</i>	51
Anexo 5: Obtención de secuencia consenso CHCJ.....	52
Anexo 6: PIN secuencia CHCJ respecto BLAST	53

RESUMEN

La Panleucopenia Felina es una enfermedad que se caracteriza por una reducción del número de leucocitos circulantes y enteritis con degeneración de las vellosidades intestinales. El agente etiológico de la enfermedad es el Virus de la Panleucopenia Felina (VPF), perteneciente a la familia *Parvoviridae*, es altamente contagioso y presenta una alta mortalidad y morbilidad, siendo el gato doméstico el principal afectado.

Si bien la vacunación de gatos sanos es la forma más efectiva de prevenir la enfermedad, una vez que se presenta el cuadro clínico, el tratamiento es de soporte, presentando una alta mortalidad durante los primeros días de la enfermedad.

Los gatos positivos al VPF deben ser hospitalizados y aislados al menos 2 semanas para evitar la transmisión viral. La detección temprana suele hacerse mediante la prueba basada en el ensayo por inmunoadsorción ligado a enzimas (ELISA), el que detecta antígenos virales en muestras de heces.

Como un método diagnóstico complementario, en esta Memoria de Título se planteó implementar la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) orientado al diagnóstico del VPF, usando inicialmente muestras positivas procedentes de dos vacunas felinas y una vacuna canina; y como una aproximación a muestras reales, se realizó una mezcla de estas vacunas comerciales con heces y sangre de un gato sano.

Los resultados al realizar PCR utilizando un par de partidores *In silico* diseñados en base a secuencias del gen VP2 del VPF disponibles en GenBank®, mostraron una visualización nítida de los controles positivos, y ninguna amplificación inespecífica o visualización de controles negativos. Al analizar uno de los fragmentos obtenidos, este posee un porcentaje de identidad nucleotídica mayor al 97% respecto de la información disponible en GenBank®, corroborando la detección de un fragmento del VP2.

Así, estos resultados sugieren la opción futura de aplicar el mismo protocolo de manera diagnóstica, utilizando muestras obtenidas de pacientes sospechosos a estar infectados con VPF.

Palabras clave: VPF, diagnóstico, diseño de partidores *In silico*, implementación

ABSTRACT

Feline Panleukopenia is a disease characterized by a reduction in the number of circulating leukocytes and enteritis with degeneration of the intestinal villi. The etiologic agent of the disease is Feline Panleukopenia Virus (FPV), belonging to the *Parvoviridae* family, is highly contagious and has high mortality and morbidity, the domestic cat being the main affected. Although vaccination of healthy cats is the most effective way to prevent the disease, once the symptoms appear, the treatment is supportive, presenting high mortality in the first days of the disease.

FPV positive cats should be hospitalized and isolated for at least 2 weeks to avoid viral transmission. Early detection is usually done by the enzyme-linked immunoadsorption assay (ELISA), which detects viral antigens in stool samples.

As a complementary diagnostic method, in this Title Memory it was proposed to implement the Polymerase Chain Reaction (PCR) aimed at the diagnosis of FPV, initially in positive samples from two feline vaccines and one canine vaccine. As an approximation to real samples, the commercial vaccines were mixed with feces and blood from a healthy cat.

The results of perform PCR using *In silico* designed primers based on the VP2 gene sequences of FPV available in GenBank®, showed a sharp visualization of positive controls, and no nonspecific amplification or negative controls visualization. When analyzing one of the obtained fragments, it has a nucleotide identity percentage greater than 97% with respect to the information available in GenBank®, corroborating the detection of a VP2 fragment. Thus, the future option of applying the same protocol in a diagnostic way is opened, using samples obtained from patients with FPV suspected infection.

Keywords: FPV, diagnosis, *In silico* designed primers, implementation

INTRODUCCIÓN

El Virus de la Panleucopenia Felina (VPF) es un parvovirus responsable de la Panleucopenia Felina, enfermedad caracterizada por una reducción del número de leucocitos circulantes y enteritis con degeneración de las vellosidades intestinales. El virus presenta una distribución mundial, es resistente a la desinfección y puede sobrevivir varios meses en el medio ambiente. Además, es altamente contagioso y presenta una alta mortalidad y morbilidad, siendo capaz de infectar al gato doméstico, entre otras especies.

La forma más efectiva de prevenir la enfermedad es mediante la vacunación de gatos sanos. Sin embargo, una vez que se presenta el cuadro, el tratamiento es de soporte, presentando una alta mortalidad en los primeros días de la enfermedad.

Los gatos que son diagnosticados con VPF deben ser hospitalizados y aislados al menos 2 semanas para evitar la transmisión del virus. La detección temprana del VPF suele hacerse con pruebas basadas en el ensayo por inmunoadsorción ligado a enzimas (ELISA), el cual detecta antígenos del VPF en muestras de heces.

Estas pruebas pueden confirmarse, en caso de que la prueba sea negativa y el gato aún presente signología sugerente a Panleucopenia Felina, mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) de una muestra de heces o sangre, la cual ha mostrado tener una mayor sensibilidad a las pruebas rutinarias. También es de utilidad realizar PCR de sangre cuando no se presenta diarrea, y por tanto, no pueden utilizarse las pruebas ELISA.

La reacción PCR se presenta entonces como una herramienta útil para el diagnóstico de la enfermedad, complementando a las usadas actualmente en las clínicas de pequeños animales. En esta Memoria de Título se plantea la implementación de un protocolo que utiliza PCR convencional como método para detectar al VPF presente en las vacunas comerciales. De tener éxito, se abre la opción futura de aplicar el mismo protocolo de manera diagnóstica, utilizando muestras obtenidas de pacientes sospechosos a estar infectados con VPF, pudiendo significar finalmente un abordaje más eficiente de la enfermedad.

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Virus de la Panleucopenia Felina

La familia *Parvoviridae* comprende 2 subfamilias: subfamilia *Parvovirinae*, que infecta vertebrados, y *Densovirinae*, que infecta invertebrados. La subfamilia *Parvovirinae* a su vez, se divide en 8 géneros, donde se encuentra el género *Protoparvovirus*, el que incluye al *Virus de la Panleucopenia Felina* (VPF) (Hoelzer y Parrish, 2008; ICTV, 2017; Maclachlan *et al.*, 2017).

El VPF es el parvovirus responsable de la Panleucopenia Felina, enfermedad caracterizada por una reducción severa de la cuenta de leucocitos y enteritis con degeneración de las vellosidades intestinales (Stuetzer y Hartmann, 2014). Corresponde a un virus pequeño (20 nm), no envuelto, de genoma ADN hebra simple de alrededor 5000 bases, que codifica para dos proteínas de cápside (VP1 y VP2) y dos proteínas no estructurales (NS1 y NS2). El virus replica utilizando la polimerasa de las células hospederas, donde la proteína NS1 tiene un rol en la regulación de la replicación. Las proteínas VP1 y VP2 se ensamblan juntas para producir la cápside, la cual corresponde en un 90% a VP2 y 10% a VP1, donde la región única de VP1 contiene funciones para la infección celular, incluyendo actividad de fosfolipasa A2. La cápside controla la unión a receptores y el proceso de infección celular, y también es el principal objetivo de los anticuerpos del hospedero. La proteína NS2 participa en el ensamble del virus y el transporte nuclear, aunque su rol todavía no es claro (Hoelzer y Parrish, 2008; Truyen y Parrish 2013). Históricamente, han existido cambios mínimos en el genoma del VPF. Un estudio indica que la variación genética del VPF está dirigida por deriva genética aleatoria, donde la acumulación de mutaciones no es consistente con una distribución temporal o geográfica, indicando una falta de aparición de nuevas variantes (Decaro *et al.*, 2008; Lamm y Rezabek, 2008).

El virus presenta una distribución mundial, es resistente a la desinfección y puede sobrevivir varios meses en el medio ambiente. Además, es altamente contagioso y presenta una alta mortalidad y morbilidad, siendo capaz de infectar al gato doméstico y a otras especies de la familia *Felidae*, *Mustelidae*, *Procyonidae*, y *Viverridae* (Greene, 2000; Stuetzer y Hartmann, 2014; Sykes, 2014).

Existe una estrecha relación entre el VPF y el Parvovirus Canino tipo 2 (CPV-2), debido al surgimiento de este último a partir de la evolución desde el VPF, mediante la adquisición de cinco o seis cambios de aminoácidos en el gen de la proteína de la cápside. Esto conlleva a que ambos virus presenten características genéticas y estructurales similares (Horiuchi *et al.*, 1998; Truyen *et al.*, 2009; Möstl *et al.*, 2015).

Patogenia del VPF

El VPF causa una infección sistémica, principalmente en gatos menores a 1 año no vacunados o mal vacunados. La transmisión ocurre por ruta fecal-oral, e indirectamente a través de fómites, que representan la principal vía de transmisión. El VPF entra en la célula usando receptores de transferrina y replica en células que están en la fase S del ciclo mitótico. Inicialmente, a las 18-24 horas de infección, el virus replica en tejido linfoide de la orofaringe y después de 2-7 días se disemina vía sanguínea a todos los tejidos (Truyen *et al.*, 2009; Stuetzer y Hartmann, 2014; Sykes, 2014). La infección del tejido linfoide lleva a la necrosis de este tejido, causando inmunosupresión. La linfopenia puede ocurrir directamente por linfocitosis, pero también indirectamente, como resultado de la migración de linfocitos a los tejidos. En la médula ósea, la replicación viral ocurre en células progenitoras tempranas, explicando el efecto dramático en las poblaciones de células mieloides, que se refleja en la panleucopenia. La replicación del virus en las criptas de las células epiteliales intestinales causa acortamiento de las vellosidades, aumento de la permeabilidad intestinal, y malabsorción (Truyen *et al.*, 2009; Stuetzer y Hartmann, 2014; Sykes, 2014).

La infección *in utero* en preñez temprana puede resultar en muerte fetal, reabsorción, aborto, y momificación. En la preñez tardía, el VPF puede causar daño al tejido neuronal, interfiriendo con el desarrollo cortical del cerebelo y produciendo anomalías en el nervio óptico y la retina. Dentro de la camada afectada, algunas crías pueden estar clínicamente sanas, probablemente debido a resistencia innata o adquisición de anticuerpos maternos. Aun así, estas crías pueden portar el virus hasta 2 meses después de nacidos (Stuetzer y Hartmann, 2014; Sykes, 2014).

La eliminación fecal del virus usualmente dura varios días, y en algunos gatos puede persistir hasta 6 semanas (Sykes, 2014).

Signos Clínicos del VPF

No todos los gatos infectados con VPF desarrollan signos clínicos, y la severidad de estos depende de la edad, estatus inmune, e infecciones concomitantes. Los signos clínicos más comunes son inespecíficos, como fiebre, depresión y anorexia. A veces se presenta vómito no relacionado a la alimentación, y menos comúnmente, se desarrolla diarrea, que pasa de acuosa a hemorrágica durante el curso de la enfermedad. Los gatos generalmente mueren de complicaciones asociadas a la septicemia, deshidratación y coagulación intravascular diseminada (CID) (Greene, 2000; Truyen *et al.*, 2009; Stuetzer y Hartmann, 2014).

En recién nacidos, los principales signos de infección por VPF son neurológicos, con ataxia, hipermetría y ceguera. También puede haber signos de disfunción cerebelar, como incoordinación y tremor (Stuetzer y Hartmann, 2014; Sykes, 2014).

Tratamiento del VPF

Los gatos diagnosticados con VPF deben ser hospitalizados y aislados al menos 2 semanas para evitar la transmisión del virus. El tratamiento es de soporte, aplicando fluidoterapia para mantener la hidratación, y antibioticoterapia para prevenir la septicemia que genera la entrada de bacterias por una barrera gastrointestinal destruida. También pueden administrarse antieméticos si existen vómitos, y es importante recomenzar la ingesta de comida y agua oralmente tan pronto sea posible. (Lamm y Rezabek, 2008; Truyen *et al.*, 2009; Sykes, 2014).

Inmunización

La forma más efectiva de prevenir la enfermedad es mediante la vacunación de gatos sanos. Existen vacunas de virus atenuado y de virus vivo modificado, generando una protección de 3 años hasta toda la vida. Se debe tener precaución con animales inmunosuprimidos, ya que se han presentado casos en que, al inmunizar con la vacuna de virus vivo modificado, se manifiesta el cuadro clínico de Panleucopenia Felina (Lamm y Rezabek, 2008, Stuetzer y Hartmann, 2014; Sykes, 2014).

En Chile, existen 2 vacunas autorizadas por el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) para su comercialización; Feligen CRP y Felocell 3 (Anexo 1). Ambas contienen cepas de Virus Herpesvirus, Calicivirus y VPF. La vacuna Feligen CRP contiene cepas de virus atenuados, mientras que la vacuna Felocell 3 contiene virus vivos modificados (SAG, 2018).

Diagnóstico

En general, los signos clínicos, cambios hematológicos, y hallazgos postmortem son característicos y suficientes para un diagnóstico presuntivo de Panleucopenia Felina (Maclachlan, 2017).

Para confirmar este diagnóstico, el VPF puede ser diagnosticado mediante aislamiento viral mediante el cultivo en células, sin embargo, este no es un procedimiento de rutina. La detección temprana del VPF suele hacerse con pruebas basadas en el ensayo por inmunoadsorción ligado a enzimas (ELISA), el cual detecta antígenos del VPF en muestras de heces. Se ha observado además que las pruebas de Parvovirus Canino tienen una sensibilidad y especificidad aceptable para detectar al VPF (Neuerer *et al.*, 2008; Truyen *et al.*, 2009; Sykes, 2014).

Estas pruebas pueden confirmarse, en caso de que la prueba sea negativa y el gato aún presente signología sugerente a Panleucopenia Felina, mediante PCR de una muestra de heces o sangre. También es útil realizar PCR de sangre cuando no se presenta diarrea, y por tanto, no pueden utilizarse las pruebas de ELISA por ausencia de muestras (Truyen *et al.*, 2009; Stuetzer y Hartmann, 2014, Sykes, 2014).

En perros, la sensibilidad de las pruebas para Parvovirus Canino es pobre si se compara con la de un PCR fecal, pero no existen estudios en gato que comparen estos parámetros (Stuetzer y Hartmann, 2014). Un estudio aplicando PCR en tiempo real demostró una sensibilidad mayor a la inmunofluorescencia, indicando que esta herramienta puede ser útil en la detección y cuantificación del VPF, especialmente en fases iniciales de infección e identificación de animales portadores (Streck *et al.*, 2013).

En base los resultados obtenidos por estos investigadores, la presente Memoria de Título busca plantear un protocolo PCR que pueda ser utilizado como base para el diagnóstico de rutina del VPF, considerando que podría presentar ventajas sobre otros métodos diagnósticos utilizados actualmente en la clínica del gato doméstico, y que podrían significar un abordaje más eficiente de la enfermedad.

OBJETIVO GENERAL

Implementar la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) para el diagnóstico molecular del Virus de la Panleucopenia Felina.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Implementar un ensayo de PCR convencional para el diagnóstico molecular del Virus de la Panleucopenia Felina.
2. Identificar el producto de la PCR mediante porcentaje de identidad nucleotídica respecto datos oficiales del Genbank®.

MATERIALES Y MÉTODOS

La presente memoria se llevó a cabo en el laboratorio de Virología y Microbiología del Departamento de Medicina Preventiva Animal de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile.

Muestras

Para la reacción de PCR se utilizaron muestras de heces y sangre obtenidas de un gato sano, a las cuales se les adicionó el Virus de la Panleucopenia Felina obtenido de las vacunas comerciales Feligen CRP y Felocell 3 (Anexo 1). Como control positivo se utilizaron las 2 vacunas mencionadas, y como control negativo se utilizó ADN de virus y bacterias disponibles en el laboratorio, entre los cuales se encuentran, virus herpes canino, *Brucella canis* y *Pseudomona aeruginosa*. Para el control de reactivos se utilizó agua libre de nucleasas.

Adicionalmente, se realizó la reacción de PCR a una muestra de parvovirus canino, obtenido desde la vacuna Nobivac® DHPPI u otra similar.

Extracción de ADN

La extracción del ADN viral se realizó a través del protocolo utilizado por Desario *et al.* (2005). Este protocolo consiste en hervir la muestra del virus durante 10 minutos, y luego enfriar en hielo. El resultado de este proceso se diluyó en agua destilada a una proporción de 1:10 para evitar la acción de inhibidores de PCR.

Partidores

Inicialmente se recurrió a la base de datos Genbank® para la obtención de al menos 10 secuencias oficiales del gen VP2 del VPF. Posteriormente, mediante el software de acceso gratuito Clustal Ω , se procedió al alineamiento de las secuencias, de manera de determinar zonas de identidad nucleotídicas candidatas a utilizar para el diseño de los partidores. Este diseño contempló la utilización del software de acceso libre *OligoPerfect™ Designer*.

Estos partidores fueron sometidos al programa BLAST, con el fin de generar una mayor especificidad contra la zona objetivo de la secuencia. También se consideraron otros parámetros de selección, como evitar la complementariedad entre partidores, y prefiriendo

aquellos que presenten un porcentaje de GC más cercano a 50% y una diferencia de T_m no mayor a 3°C.

Una vez obtenida la secuencia de los partidores, se encargó su síntesis a Fermelo® u otra empresa similar.

Mezcla de reacción de PCR

Para la realización de la reacción de PCR se utilizaron 15 µL del kit comercial 2X PCR Master Mix (*Taq* ADN polimerasa, $MgCl_2$ y los desoxirribonucleótidos trifosfatos). Se utilizaron también 5 µL del ADN molde y 5 µL de cada partidor específico, completando así un volumen total de 30 µl.

Reacción de PCR

La reacción de PCR se llevó a cabo en un termociclador Apollo de 92 pocillos de 0,2 mL, y se utilizó el siguiente protocolo: activación de la *Taq* polimerasa en una etapa a 94°C durante 2 minutos. Luego se realizaron 40 ciclos de desnaturalización a 94°C por 30 segundos; alineamiento de partidores a X°C por 1 minuto y polimerización a 72°C por 1 minuto. Finalmente se realizó la etapa de extensión a 72°C por 10 minutos. La temperatura de alineamiento (X°C) fue determinada previamente mediante un termociclador de gradiente de temperaturas.

Visualización del producto amplificado

Para visualizar el producto de la reacción de PCR se realizó una electroforesis en gel de agarosa al 2% en *buffer* Tris-borato (90 mm. Tris-borato, 10 mm. EDTA). El producto de la reacción de PCR se mezcló en proporción 6:1 con un producto comercial de carga (6X *Mass Ruler Loading Dye Solution* (Fermentas®)). La electroforesis se realizó a 90V durante 40 minutos, y se utilizó como marcador de peso molecular un estándar con fragmentos de entre 100 a 1000 pb (Fermentas®). Después de transcurridos los 40 minutos, el gel de agarosa se incubó en bromuro de etidio (0,5 µg/ml) (Fermelo®) durante 30 minutos a temperatura ambiente. Posterior a la incubación, el gel se colocó en un transiluminador de luz ultravioleta (Transiluminador UVP®), donde fue fotografiado para registrar los resultados.

Determinación de la identidad del producto amplificado

El producto de PCR fue enviado sin realización de una purificación previa a la empresa Genytec Ltda. u otra similar, para determinar la secuencia nucleotídica. Posterior a esto, las secuencias nucleotídicas obtenidas se alinearon, utilizando el software Clustal Ω , para obtener una secuencia consenso. La secuencia consenso se ingresó al programa BLAST, para determinar dentro de la base de datos, contra qué secuencias se presenta la mayor identidad nucleotídica. Se consideraron positivas aquellas muestras que, luego del PCR, originaron un fragmento de ADN con valores sobre 90% de identidad nucleotídica respecto las secuencias del gen VP2 del VPF disponibles en la base de datos BLAST.

Bioseguridad

En el laboratorio se debió considerar la existencia de acceso limitado a las instalaciones, uso de delantal limpio y cerrado, utilización de material limpio, y la adecuada eliminación de desechos. Para el procedimiento de PCR y electroforesis posterior, se debieron utilizar guantes de látex, tanto para evitar contaminación de la muestra, como para manipular sustancias como el bromuro de etidio, el cual tiene propiedades mutagénicas. Al utilizar el transiluminador se debió contar con gafas con filtro UV, y una placa de acrílico ubicada entre el equipo y la persona que visualiza el gel. Finalmente, el gel y los guantes utilizados debieron ser desechados para su posterior incineración.

RESULTADOS

Objetivo específico 1:

Implementar un ensayo de PCR convencional para el diagnóstico molecular del Virus de la Panleucopenia Felina.

- a) Secuencias utilizadas: Se obtuvo un total de 56 secuencias oficiales del gen VP2 del VPF (Anexo 2) que se alinearon mediante el software Clustal Ω , determinando zonas de identidad nucleotídica (Anexo 3).
- b) Partidores: Se seleccionaron y sintetizaron los partidores F1: TGGTTGATGCAAATGCTTGGG y F2: AACCAACCTCAGCTGGTCTC, que generan un amplicón de 681 nucleótidos (Anexo 4).
- c) Reacción de PCR: En la figura 1 es posible observar las bandas originadas como resultado de la reacción de PCR. Hay presencia de bandas nítidas en controles positivos, en muestras de heces y sangre mezcladas con la vacuna, y en la vacuna V3. No hay presencia de bandas nítidas en control negativo ni en control de reactivos. Como referencia, se utilizó un marcador de tamaño molecular de entre 100 y 3000 pb.

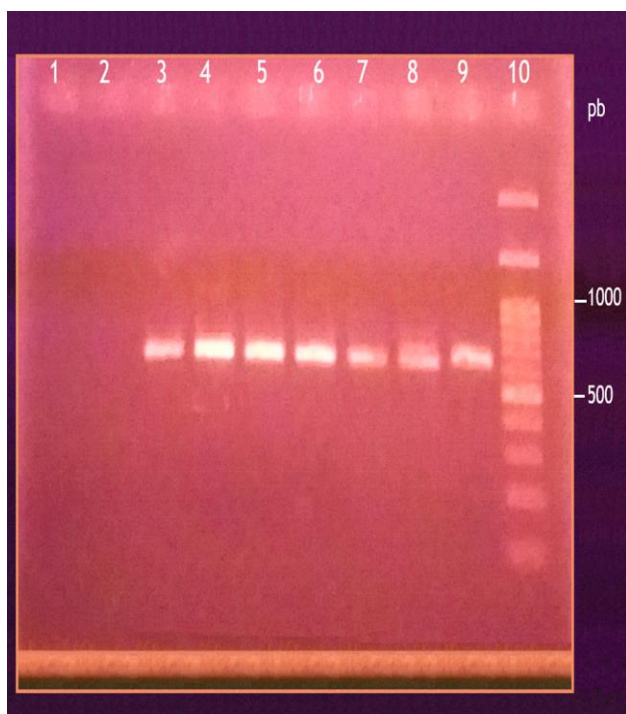


Figura 1. Electroforesis en gel 2%

Carril	Contenido
1	Control (-): ADN CaHV-1
2	Control de reactivos
3	Control (+): V1
4	Control (+): V2
5	Control (+): V3
6	Muestra (+): V1+ sangre
7	Muestra (+): V2+sangre
8	Muestra (+): V1+ heces
9	Muestra (+): V2 +heces
10	MTM

CaHV-1: Virus herpes canino; V1: Vacuna Feligen CRP; V2: Vacuna Felocell 3; V3: Vacuna Novibac® DHPPI; MTM: Marcador de tamaño molecular Maestrogen® (100-3000 pb)

Objetivo específico 2: Identificar el producto de la PCR mediante porcentaje de identidad nucleotídica respecto datos oficiales del Genbank®.

Para determinar la secuencia del fragmento amplificado, se envió el producto de PCR de la muestra 8 a la empresa Genytec Ltda. El alineamiento de las secuencias obtenidas (Anexo 5) permitió definir una secuencia consenso (CHCJ) y su porcentaje de identidad nucleotídica respecto las secuencias almacenadas en el Genbank® (Cuadro 1).

Cuadro 1. Visualización parcial del porcentaje de identidad nucleotídica de la secuencia CHCJ respecto las primeras 100 secuencias obtenidas de BLAST. $\text{PIN} \geq 96\%$ (Visualización total en Anexo 6).

Descripción	Porcentaje de Identidad	Acceso
Feline panleukopenia virus strain KS23 VP2 gene, complete cds	97,47%	HQ184199.1
Feline panleukopenia virus strain KS58 VP2 gene, complete cds	97,17%	HQ184203.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_31_AUS_Ferm_Tree_Gully_Vic_11/2015 capsid protein gene, partial cds	96,87%	MK570646.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_C7_AUS_Mildura_09/2015 capsid protein gene, partial cds	97,32%	MK570637.1
Feline panleukopenia virus isolate FPLV/16JZ0601 capsid protein VP2 gene, complete cds	97,32%	MK671154.1
Feline panleukopenia virus isolate JL-04/16 capsid protein VP2 gene, complete cds	97,32%	MF541125.1
Feline panleukopenia virus isolate BJ-03/16 capsid protein VP2 gene, complete cds	97,32%	MF541120.1

Feline panleukopenia virus isolate HH-1/86, complete genome	97,32%	KX900570.1
Feline panleukopenia virus isolate FPV/Bobcat/ND/979/2013 VP2 (VP2) gene, complete cds	97,32%	KJ813893.1
Feline panleukopenia virus strain K23 VP2 gene, complete cds	97,32%	HQ184194.1
Feline panleukopenia virus strain JF-1 VP2 protein (vp2) gene, complete cds	97,32%	DQ474236.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: TU2	97,32%	AB000066.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: TU12	97,32%	AB000064.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: 94-1	97,32%	AB000050.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: AO1	97,32%	AB000052.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein VP2, complete cds, isolate: FPV-483	97,32%	D88286.1
Carnivore protoparvovirus 1 strain FPLV_149/15, partial genome	97,17%	MK413726.1
Carnivore parvovirus strain Booragoon/WesternAustralia/Canisfamiliaris/2019 isolate CPV_340_AUS_West_AUS_01/2019 capsid protein gene, complete cds	97,17%	MN259042.1
Feline panleukopenia virus isolate FPV/American mink/MIVI-34/BC_2018, complete genome	97,17%	MN862743.1
Feline panleukopenia virus strain Tasman island/Tasmania/Felis catus/2010 capsid protein gene, partial cds	97,17%	MN603976.1

DISCUSIÓN

Si bien los signos clínicos, cambios hematológicos, y hallazgos *postmortem* son característicos y suficientes para un diagnóstico presuntivo de Panleucopenia Felina (Maclachlan, 2017), para confirmar este diagnóstico, el VPF puede ser diagnosticado por aislamiento viral mediante el cultivo en células. Sin embargo, éste no es un procedimiento de rutina, fundamentalmente debido a que lo extenso del procedimiento lo vuelve poco práctico en la clínica diaria.

Para la detección temprana de VPF se utilizan pruebas basadas en la inmunoadsorción ligada a enzimas (ELISA), la que detecta antígenos del VPF en heces (Neuerer *et al.*, 2008; Truyen *et al.*, 2009; Sykes, 2014). No obstante, se ha observado que otras pruebas diagnósticas complementarias como la Reacción en Cadena de la Polimerasa presenta mejor sensibilidad a los test ELISA, y permite identificar estados de infección temprana, animales portadores, y aplicarse en suero en casos clínicos en que la signología no incluye diarrea para obtener muestras (Streck *et al.*, 2013; Stuetzer y Hartmann, 2014).

En este contexto, esta Memoria de Título ha planteado el diagnóstico molecular del VPF basado en un protocolo de PCR convencional, mediante el uso de partidores o *primers* diseñados *In silico* el software de acceso gratuito *OligoPerfect™ Designer*, para luego validar el porcentaje de identidad nucleotídica del fragmento ADN obtenido respecto secuencias del gen VP2 del VPF alojadas en la base de datos Genbank®.

Una secuencia consenso, de alrededor 1800 nucleótidos, obtenida a partir de 56 secuencias nucleotídicas oficiales de VP2, fue candidata como molde para el diseño de partidores. Excluyendo aquellas zonas que no presentaban espacios comunes o que no permitían partidores de 20 nucleótidos, el software *OligoPerfect™ Designer* seleccionó un par de partidores que generaban un fragmento de ADN de alrededor 680pb.

La visualización de los resultados de la técnica PCR implementada generó fragmentos de ADN superiores a 600 pb (concordante con lo señalado por el software), sin presencia de bandas inespecíficas en los controles positivos y nula presencia de fragmentos de ADN en el control negativo y control de reactivos. Esto valida el protocolo, implicando una efectiva obtención de la secuencia consenso, y un correcto diseño y elección de partidores.

Consecuentemente, la muestra enviada a secuenciar en triplicado indicó un alto porcentaje de identidad nucleotídica ($PIN \geq 96$) respecto secuencias oficiales del Genbank® del gen

VP2 del VPF, sugiriendo que el fragmento de ADN obtenido corresponde a este gen del virus. Además del gen VP2 del VPF, dentro de los 100 resultados entregados por el programa BLAST, se encontró un alto porcentaje de identidad ($\text{PIN} \geq 96$) en 5 genes VP2 de protoparvovirus carnívoro 1 (grupo que incluye al VPF, al Parvovirus Canino tipo 1, y al Parvovirus Canino tipo 2 (Quino *et al.*, 2018)); en 4 genes VP2 de parvovirus canino; y en 1 gen VP2 de parvovirus de mapaches (Anexo 6).

Los resultados obtenidos permitirían sugerir que la estrategia de elegir una zona común (presente en 56 secuencias nucleotídicas del gen VP2 de VPF) como posible candidato para el diseño de partidores *In silico* resultó exitosa, corroborado tanto por una detección nítida y específica, como por la secuenciación del fragmento ADN esperado. El hecho de que presente identidad nucleotídica con variantes de Parvovirus Canino, debido a la cercanía evolutiva, representa una ventaja en la clínica diaria, ya que el gato al ser susceptible a contagiarse tanto por VPF y Parvovirus Canino, el ensayo de PCR convencional permitiría detectar ambos virus realizando sólo una prueba (Streck *et al.*, 2013).

Debido al carácter preliminar de este trabajo, se propone a futuros investigadores realizar el protocolo sugerido en esta Memoria de Título en muestras de pacientes felinos sospechosos a infección por VPF, para así validar la utilidad en la clínica diaria, pudiendo incluso comparar su especificidad y sensibilidad respecto otras pruebas diagnósticas utilizadas actualmente.

El haber utilizado muestras de heces y sangre de un gato sano con el virus adicionado y obtener resultados positivos, significa un avance al confirmar que estos elementos muestrales no presentan inhibidores de la reacción a PCR que pudiesen interferir con los resultados. Aún así, es recomendable evaluar esta técnica mediante la cuantificación inicial del ADN presente y/o la realización de reacciones PCR en distintas diluciones del virus, con finalidad de estandarizar la sensibilidad y especificidad del método propuesto, y estandarizar los límites de detección asociados a la técnica.

Como última consideración, es recomendable la utilización de reactivos alternativos al bromuro de etidio en la visualización de los amplicones obtenidos, debido fundamentalmente a su capacidad mutagénica de este, y a la creciente existencia de alternativas más inocuas en el mercado actual.

CONCLUSIÓN

El presente estudio permitió implementar un ensayo PCR para detectar el VPF contenido en una vacuna comercial de uso rutinario en la clínica del gato doméstico.

El ensayo PCR permite la amplificación de un fragmento de ADN de 681pb del gen VP2, el que codifica para la principal proteína de la cápside viral del VPF.

Este ensayo PCR no mostró ser interferido por inhibidores de una matriz biológica como sangre o heces de un gato doméstico, sin embargo, se requieren más pruebas para estandarizar los límites de detección asociados a la técnica y la sensibilidad y especificidad del método propuesto.

Los resultados expuestos en esta Memoria de Título constituyen un adecuado punto de partida para el desarrollo de un protocolo PCR base para el diagnóstico de rutina del VPF.

BIBLIOGRAFÍA

DECARO, N.; DESARIO, C.; MICCOLUPO, A.; CAMPOLO, M.; PARISI, A.; MARTELLA, V.; AMORISCO, F.; LUCENTE, M.; LAVAZZA, A.; BUONAVOGLIA, C. 2008. Genetic analysis of feline panleukopenia viruses from cats with gastroenteritis. *J Gen Virol.* 89(9):2290-2298.

DESARIO, E.; DECARO, N.; CAMPOLO, M.; CAVALLI, A.; CIRONE, F.; ELIA, G.; MARTELLA, V.; LORUSSO, E.; CAMERO, M.; BUNAVOGLIA, C. 2005. Canine parvovirus infection: which diagnostic test for virus?. *J Virol Methods.* 126(1-2):179-185.

GREENE, C. 2000. Panleucopenia felina. **In:** Enfermedades infecciosas en perros y gatos. Segunda edición. McGraw-hill. Nueva York, Estados Unidos. pp. 56-63.

HOELZER, K.; PARRISH, C. 2008. Evolution and Variation of the Parvoviruses. **In:** Domingo, E.; Parrishm C.; Holland, J. Origin and Evolution of Viruses. Second Edition. Academic Press. London, United Kingdom. pp. 394-416.

HORIUCHI, M.; YAMAGUCHI, Y.; GOJOBORI, T.; MOCHIZUKI, M.; NAGASAWA, H.; TOYODA, Y.; ISHIGURO, N.; SHINAGAWA, M. 1998. Differences in the evolutionary patter of feline panleukopenia virus and canine parvovirus. *Virology.* 249(2):440-452.

ICTV. INTERNATIONAL COMMITTEE ON TAXONOMY OF VIRUSES. 2017. Virus Taxonomy: 2017 Release. [en línea] <<https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>> [consulta: 25-03-2018]

LAMM, C.; REZABEK, G. 2008. Parvovirus infection in domestic companion animals. *Vet Clin North Am Small Anim Pract.* 38(4):837-850.

MACLACHLAN, J.; DUBOVI, E.; BARTHOLD, S.; SWAYNE, D.; WINTON, J. 2017. Parvoviridae. **In:** Fenner's Veterinary Virology. Fifth Edition. Academic Press. London, United Kingdom. pp. 245-257.

MÖSTL, K.; ADDIE, D.; BOUCRAUT-BARALON, C.; EGBERINK, H.; FRYMUS, T.; GRUFFYD-JONES, T.; HARTMANN, K.; HOSIE, M.; LLORET, A.; LUTZ, H.; MARSILIO, F.; PENNISI, M.; RADFORD, A.; THIRY, E.; TRUYEN, U.; HORZINEK, M. 2015. Something old, something new: Update of the 2009 and 2013 ABCD guidelines on prevention and management of feline infectious diseases. *J Feline Med Surg.* 17(7):570-582.

NEUERER, F.; HORLACHER, K.; TRUYEN, U.; HARTMANN, K. 2008. Comparison of different in-house test systems to detect parvovirus in faeces of cats. *J Feline Med Surg.* 10(3):247-251.

QUINO, R.; RÍMAC, R.; LUNA, L.; MATURRANO, L.; ROSADIO, R. 2018. Detección de parvovirus canino tipo 2 (CPV-2) mediante PCR en perros de Lima Metropolitana. Rev Investig Vet Perú. [en línea] <http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1609-91172018000300029> [consulta: 20-04-2019]

SAG. SERVICIO AGRÍCOLA Y GANADERO. 2018. Medicamentos de uso veterinario. [en línea] <www2.sag.gob.cl/pecuaria/medicamentos/medicamentos_list.asp> [consulta: 22-03-2018]

STRECK, A.; RÜSTER, D.; TRUYEN, U.; HOMEIER, T. 2013. An updated TaqMan real-time PCR for canine and feline parvoviruses. J Virol Methods. 193(1):6-8.

STUETZER, B.; HARTMANN, K. 2014. Feline parvovirus infection and associated diseases. Vet J. 201(2):150-155.

SYKES, J. 2014. Feline Panleukopenia Virus Infection and Other Virals Enteritides. **In:** Canine and Feline Infectious Diseases. Saunders. Missouri, United States. pp. 187-194.

TRUYEN, U.; ADDIE, D.; BELÁK, S.; BOUCRAUT-BARALON, C.; EGBERINK, H.; FRYMUS, T.; GRUFFYD-JONES, T.; HARTMANN, K.; HOSIE, M.; LLORET, A.; LUTZ, H.; MARSILIO, F.; PENNISI, M.; RADFORD, A.; THIRY, E.; HORZINEK, M. 2009. Feline panleukopenia. ABCD guidelines on prevention and management. J Feline Med Surg. 11(7):538-546.

TRUYEN, U.; PARRISH, C. 2013. Feline panleukopenia virus: its interesting evolution and current problems in immunoprophylaxis against a serious pathogen. Vet Microbiol. 165(1-2):29-32.

ANEXO 1

Vacunas contra VPF registradas en Chile (SAG, 2018).

Nombre Genérico	Nombre Comercial	Forma Farmacéutica	Clasificación	País Fabricante	Empresa Fabricante	Importador Registrante	Condición de Venta
Vacuna Rinotraqueitis Infecciosa Felina, Calicivirus, Panleucopenia	Virbac Feligen CRP	Polvo Liofilizado	Inmunologico	Francia	Virbac S.A.	Veterquímica S.A.	Bajo receta medico Veterinaria
Vacuna viva Rinotraqueitis Infecciosa Felina, Calicivirus, Panleucopenia	Felocell 3	Suspensión Inyectable	Inmunologico	EEUU	Pfizer Inc.	Pfizer Chile S.A.	Bajo receta medico Veterinaria

ANEXO 2

Alineamiento de secuencias VP2 del VPF disponibles en Genbank®.

MH559110.1	AAGTAAAAAAAAACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGACCATTTCAACCAAACGGGGGTC	2814
FJ231389.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
D78584.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184197.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184193.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
EU252145.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184192.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
M10824.1	AAGTAAAAAGAGACAATCAAGCACAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	1722
AF015223.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
M24002.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCGATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	333
D88287.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
EU018144.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	69
EU018143.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	69
EU018145.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	69
EU018142.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	69
KP769859.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	2820
KT240131.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KT240133.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248464.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248463.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KT240135.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248462.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KT240129.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184204.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184198.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KP280068.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	2661
M24004.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	535
M38246.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	2820
KT240136.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KT240134.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184201.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184202.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184195.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
EU252147.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
EU252146.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184203.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184199.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184194.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184196.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KX685354.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	2661
HQ184200.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248461.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248460.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248459.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248458.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248457.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KU248456.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KT240132.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KT240128.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
MG924893.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	2728
DQ474237.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184189.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184190.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
HQ184191.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34
KX900570.1	AAGTAAAAAGAGACAATCTTGCACCAATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	2820
KT240130.1	-----ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTC	34

***** ** ** ** **

MH559110.1	AACCTGCTGTCAAAAATGAAAAAGCTACAGGATCTGGAAACGGGTCTGGGAGGCGGGGGG	2874
FJ231389.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
D78584.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTGCAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGTGGGGGTG	94
HQ184197.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTGCAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184193.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTGCAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
EU252145.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTGCAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184192.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTGCAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
M10824.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	1782
AF015223.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
M24002.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	393
D88287.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
EU018144.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	129
EU018143.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	129
EU018145.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	129
EU018142.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	129
KP769859.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	2880
KT240131.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KT240133.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248464.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248463.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KT240135.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248462.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KT240129.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184204.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184198.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KP280068.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	2721
M24004.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	595
M38246.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	2880
KT240136.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KT240134.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184201.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184202.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184195.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
EU252147.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
EU252146.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184203.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184199.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184194.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184196.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KX685354.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTGCAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	2721
HQ184200.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248461.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248460.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248459.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248458.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248457.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KU248456.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KT240132.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KT240128.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
MG924893.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	2788
DQ474237.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184189.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184190.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
HQ184191.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94
KX900570.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	2880
KT240130.1	AACCTGCTGTCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACGGGTCTGGAGGCGGGGGTG	94

MH559110.1	GGGGGGTCTGGGGGGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAAACCGGAATTTA	2934
FJ231389.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
D78584.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184197.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184193.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
EU252145.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184192.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
M10824.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	1842
AF015223.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
M24002.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	453
D88287.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
EU018144.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	189
EU018143.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	189
EU018145.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	189
EU018142.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	189
KP769859.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	2940
KT240131.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KT240133.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248464.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248463.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KT240135.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248462.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KT240129.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184204.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184198.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KP280068.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	2781
M24004.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	655
M38246.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	2940
KT240136.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KT240134.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184201.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184202.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184195.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
EU252147.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
EU252146.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184203.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184199.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184194.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184196.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KX685354.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	2781
HQ184200.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248461.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248460.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248459.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248458.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248457.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KU248456.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KT240132.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KT240128.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
MG924893.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	2848
DQ474237.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184189.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184190.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
HQ184191.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154
KX900570.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	2940
KT240130.1	GTGGTGGTTCTGGGGGTGTGGGGATTTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACCGGAATTTA	154

* * * ***** * * * ***** * * * *****

MH559110.1	AATTTTTGGAAAACGGAGGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAACCAAACCTTGACTTTTAA	2994
FJ231389.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
D78584.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184197.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184193.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
EU252145.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184192.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
M10824.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	1902
AF015223.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
M24002.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	513
D88287.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
EU018144.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	249
EU018143.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	249
EU018145.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	249
EU018142.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	249
KP769859.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	3000
KT240131.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KT240133.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248464.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248463.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KT240135.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248462.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KT240129.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184204.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184198.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KP280068.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	2841
M24004.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	715
M38246.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	3000
KT240136.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KT240134.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184201.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184202.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184195.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
EU252147.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
EU252146.1	AATTTTTGGAAAACGGGTGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184203.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184199.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184194.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184196.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KX685354.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	2841
HQ184200.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248461.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248460.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248459.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248458.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248457.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KU248456.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KT240132.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KT240128.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
MG924893.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	2908
DQ474237.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184189.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184190.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
HQ184191.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
KX900570.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	3000
KT240130.1	AATTTTTGGAAAACGGATGGGTGGAAATCACAGCAAACCTCAAGCAGACTTGACATTTAA	214
	* *****	

MH559110.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	3054
FJ231389.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
D78584.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184197.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184193.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
EU252145.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184192.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
M10824.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	1962
AF015223.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
M24002.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	573
D88287.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
EU018144.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	309
EU018143.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	309
EU018145.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	309
EU018142.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	309
KP769859.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	3060
KT240131.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KT240133.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248464.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248463.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KT240135.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248462.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KT240129.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184204.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184198.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KP280068.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	2901
M24004.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	775
M38246.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	3060
KT240136.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KT240134.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184201.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184202.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184195.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
EU252147.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
EU252146.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184203.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184199.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184194.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184196.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KX685354.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	2901
HQ184200.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248461.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248460.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248459.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248458.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248457.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KU248456.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KT240132.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KT240128.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
MG924893.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	2968
DQ474237.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184189.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184190.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
HQ184191.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274
KX900570.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	3060
KT240130.1	ATATGCCAGAAAGTAAAAATTATAAAAAGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAAA	274

MH559110.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	3114
FJ231389.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATATTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
D78584.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184197.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATAGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184193.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
EU252145.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184192.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
M10824.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGACACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	2022
AF015223.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATATTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
M24002.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	633
D88287.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGACACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
EU018144.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	369
EU018143.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	369
EU018145.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	369
EU018142.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	369
KP769859.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	3120
KT240131.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KT240133.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248464.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248463.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KT240135.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248462.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KT240129.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184204.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAACTTGTAAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184198.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KP280068.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	2961
M24004.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	835
M38246.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATATTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	3120
KT240136.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KT240134.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184201.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAATACCTTGGTCATTGG	334
HQ184202.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184195.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
EU252147.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
EU252146.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184203.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184199.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184194.1	TTAAAGGAAACATGACTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184196.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KX685354.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	2961
HQ184200.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248461.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248460.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248459.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248458.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248457.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KU248456.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KT240132.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KT240128.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
MG924893.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	3028
DQ474237.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184189.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184190.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
HQ184191.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334
KX900570.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	3120
KT240130.1	TTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACTCATGTACAAATTGTAACACCTTGGTCATTGG	334

MH559110.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3174
FJ231389.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
D78584.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184197.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184193.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
EU252145.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184192.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
M10824.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	2082
AF015223.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
M24002.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	693
D88287.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
EU018144.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	429
EU018143.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	429
EU018145.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	429
EU018142.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	429
KP769859.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3180
KT240131.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KT240133.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248464.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248463.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KT240135.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248462.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KT240129.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184204.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184198.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KP280068.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3021
M24004.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	895
M38246.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3180
KT240136.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KT240134.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184201.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184202.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184195.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
EU252147.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
EU252146.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184203.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184199.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184194.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184196.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KX685354.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3021
HQ184200.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248461.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248460.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248459.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248458.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248457.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KU248456.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KT240132.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KT240128.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
MG924893.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3088
DQ474237.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184189.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184190.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
HQ184191.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394
KX900570.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	3180
KT240130.1	TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATA	394

MH559110.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3234
FJ231389.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
D78584.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184197.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184193.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
EU252145.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184192.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
M10824.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	2142
AF015223.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
M24002.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	753
D88287.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
EU018144.1	CTATGAGTGAATTGCACCTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	489
EU018143.1	CTATGAGTGAATTGCACCTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	489
EU018145.1	CTATGAGTGAATTGCACCTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	489
EU018142.1	CTATGAGTGAATTGCACCTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	489
KP769859.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3240
KT240131.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KT240133.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248464.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248463.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KT240135.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248462.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KT240129.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184204.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184198.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KP280068.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3081
M24004.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	955
M38246.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3240
KT240136.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KT240134.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184201.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184202.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184195.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
EU252147.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
EU252146.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184203.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184199.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184194.1	CTATGAGTGAGTTACATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184196.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KX685354.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3081
HQ184200.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248461.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248460.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248459.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248458.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248457.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KU248456.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KT240132.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KT240128.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
MG924893.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3148
DQ474237.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184189.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184190.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
HQ184191.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
KX900570.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	3240
KT240130.1	CTATGAGTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTTGAACAAGAAATTTTTAATGTTGTTTTAAAGA	454
	***** ** ** *****	

MH559110.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3294
FJ231389.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
D78584.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184197.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184193.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
EU252145.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184192.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
M10824.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	2202
AF015223.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
M24002.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	813
D88287.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
EU018144.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	549
EU018143.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	549
EU018145.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	549
EU018142.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	549
KP769859.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3300
KT240131.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KT240133.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248464.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248463.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KT240135.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248462.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KT240129.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184204.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184198.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KP280068.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAACCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3141
M24004.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	1015
M38246.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3300
KT240136.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAACCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KT240134.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAACCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184201.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184202.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184195.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
EU252147.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
EU252146.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184203.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184199.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184194.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184196.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KX685354.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3141
HQ184200.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248461.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248460.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248459.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248458.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248457.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KU248456.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KT240132.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KT240128.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
MG924893.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3208
DQ474237.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAACCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184189.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184190.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
HQ184191.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514
KX900570.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	3300
KT240130.1	CTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCAT	514

MH559110.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	3354
FJ231389.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
D78584.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184197.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184193.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
EU252145.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184192.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
M10824.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	2262
AF015223.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
M24002.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	873
D88287.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
EU018144.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGCAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	609
EU018143.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGCAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	609
EU018145.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	609
EU018142.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGCAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	609
KP769859.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	3360
KT240131.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KT240133.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248464.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248463.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KT240135.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248462.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KT240129.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184204.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGGT	574
HQ184198.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTACGAGAT	574
KP280068.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCGGCAGCTATGAGAT	3201
M24004.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	1075
M38246.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	3360
KT240136.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KT240134.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184201.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184202.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184195.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
EU252147.1	CATTAATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
EU252146.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184203.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184199.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184194.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184196.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KX685354.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	3201
HQ184200.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248461.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248460.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248459.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248458.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248457.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KU248456.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KT240132.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KT240128.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
MG924893.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	3268
DQ474237.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184189.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184190.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
HQ184191.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
KX900570.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	3360
KT240130.1	CATTGATGGTTGCATTAGATAGTAATAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGAT	574
	**** ***** ** ***** ***** **** *	

MH559110.1	CTGAGACATTGGGTTTTCTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3414
FJ231389.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
D78584.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184197.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184193.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
EU252145.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184192.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
M10824.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	2322
AF015223.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
M24002.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	933
D88287.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
EU018144.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	669
EU018143.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	669
EU018145.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	669
EU018142.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	669
KP769859.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3420
KT240131.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KT240133.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248464.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248463.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KT240135.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248462.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KT240129.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184204.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAAGTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184198.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACTATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KP280068.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3261
M24004.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	1135
M38246.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3420
KT240136.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KT240134.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184201.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184202.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184195.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
EU252147.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
EU252146.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184203.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184199.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184194.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184196.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KX685354.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3261
HQ184200.1	CTGAGACATTAGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248461.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248460.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248459.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248458.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248457.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KU248456.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KT240132.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KT240128.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
MG924893.1	CTGAAACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3328
DQ474237.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184189.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184190.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
HQ184191.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
KX900570.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	3420
KT240130.1	CTGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCAACTCCATGGAGATATTATT	634
	**** * 32	

MH559110.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3474
FJ231389.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	694
D78584.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184197.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184193.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
EU252145.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184192.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
M10824.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	2382
AF015223.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	694
M24002.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	993
D88287.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	694
EU018144.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAATAAATA	729
EU018143.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	729
EU018145.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	729
EU018142.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	729
KP769859.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3480
KT240131.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
KT240133.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
KU248464.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
KU248463.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
KT240135.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
KU248462.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
KT240129.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCCGACAAATG	694
HQ184204.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	694
HQ184198.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KP280068.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3321
M24004.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	1195
M38246.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3480
KT240136.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KT240134.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184201.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184202.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATA	694
HQ184195.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
EU252147.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
EU252146.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184203.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184199.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184194.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184196.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KX685354.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3321
HQ184200.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KU248461.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KU248460.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KU248459.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KU248458.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KU248457.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KU248456.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KT240132.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KT240128.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
MG924893.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3388
DQ474237.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184189.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184190.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
HQ184191.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
KX900570.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	3480
KT240130.1	TTCAATGGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCAACAAATG	694
	**** ***** * ****	

MH559110.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3534
FJ231389.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
D78584.1	TATATCATGGCACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184197.1	TATATCATGGCACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184193.1	TATATCATGGCACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
EU252145.1	TATATCATGGCACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184192.1	TATATCATGGCACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
M10824.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	2442
AF015223.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
M24002.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	1053
D88287.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
EU018144.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	789
EU018143.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	789
EU018145.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	789
EU018142.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	789
KP769859.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3540
KT240131.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAA	754
KT240133.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248464.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248463.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KT240135.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248462.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KT240129.1	TATACCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184204.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184198.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KP280068.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTCCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3381
M24004.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	1255
M38246.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3540
KT240136.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KT240134.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184201.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184202.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184195.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTACCAG	754
EU252147.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTACCAG	754
EU252146.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTACCAG	754
HQ184203.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184199.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184194.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184196.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KX685354.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3381
HQ184200.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248461.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248460.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248459.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248458.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248457.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KU248456.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KT240132.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KT240128.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
MG924893.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3448
DQ474237.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184189.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184190.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
HQ184191.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
KX900570.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	3540
KT240130.1	TATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTATTGAAAATTCCTGTGCCAG	754
	**** * 3381 *****	

MH559110.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3594
FJ231389.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
D78584.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184197.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184193.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
EU252145.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184192.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
M10824.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	2502
AF015223.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
M24002.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	1113
D88287.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
EU018144.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	849
EU018143.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	849
EU018145.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	849
EU018142.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	849
KP769859.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3600
KT240131.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KT240133.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248464.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248463.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KT240135.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248462.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KT240129.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184204.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184198.1	TACAGTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KP280068.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3441
M24004.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	1315
M38246.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3600
KT240136.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KT240134.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184201.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184202.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184195.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
EU252147.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
EU252146.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184203.1	TACACTTACTAAGAACAAGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184199.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184194.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184196.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KX685354.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTCGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3441
HQ184200.1	TGCCTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248461.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248460.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248459.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248458.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248457.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KU248456.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KT240132.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KT240128.1	TACATTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
MG924893.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3508
DQ474237.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184189.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184190.1	TACATTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
HQ184191.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814
KX900570.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	3600
KT240130.1	TACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAAC	814

* * * ***** * * * ***** * * * ***** * * *

MH559110.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	3654
FJ231389.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
D78584.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
HQ184197.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
HQ184193.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
EU252145.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
HQ184192.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
M10824.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	2562
AF015223.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
M24002.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	1173
D88287.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
EU018144.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTAGGCTTACCACCATTTTAA	909
EU018143.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTAGGCTTACCACCATTTTAA	909
EU018145.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTAGGCTTACCACCATTTTAA	909
EU018142.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTAGGCTTACCACCATTTTAA	909
KP769859.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	3660
KT240131.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KT240133.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248464.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248463.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KT240135.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248462.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KT240129.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
HQ184204.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184198.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KP280068.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	3501
M24004.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	1375
M38246.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	3660
KT240136.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
KT240134.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184201.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184202.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184195.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
EU252147.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
EU252146.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184203.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184199.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184194.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184196.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
KX685354.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	3501
HQ184200.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248461.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248460.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248459.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248458.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248457.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KU248456.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KT240132.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
KT240128.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
MG924893.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	3568
DQ474237.1	CATATAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
HQ184189.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184190.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
HQ184191.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	874
KX900570.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAA	3660
KT240130.1	CATGTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTCTAA	874
	*** *****	

MH559110.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3714
FJ231389.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
D78584.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184197.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184193.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
EU252145.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184192.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
M10824.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	2622
AF015223.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
M24002.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	1233
D88287.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
EU018144.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	969
EU018143.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	969
EU018145.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	969
EU018142.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	969
KP769859.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3720
KT240131.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KT240133.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248464.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248463.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KT240135.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248462.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KT240129.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184204.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184198.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KP280068.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3561
M24004.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	1435
M38246.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3720
KT240136.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KT240134.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184201.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTAAATATAGGAATCCAACATGATA	934
HQ184202.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGACA	934
HQ184195.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
EU252147.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
EU252146.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184203.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184199.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184194.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184196.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KX685354.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3561
HQ184200.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248461.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248460.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248459.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248458.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248457.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KU248456.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KT240132.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KT240128.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
MG924893.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3628
DQ474237.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184189.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACACGATA	934
HQ184190.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
HQ184191.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934
KX900570.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	3720
KT240130.1	ATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGAGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATA	934

MH559110.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3774
FJ231389.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
D78584.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184197.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184193.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
EU252145.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184192.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
M10824.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	2682
AF015223.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
M24002.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	1293
D88287.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
EU018144.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	1029
EU018143.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	1029
EU018145.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	1029
EU018142.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	1029
KP769859.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3780
KT240131.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KT240133.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248464.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248463.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KT240135.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248462.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KT240129.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184204.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184198.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACCATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KP280068.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3621
M24004.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	1495
M38246.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3780
KT240136.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KT240134.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184201.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184202.1	AAAGACGTGGTATAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTGCTATTATGA	994
HQ184195.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
EU252147.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
EU252146.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184203.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTACATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184199.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTGCATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184194.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184196.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATGCAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KX685354.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3621
HQ184200.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248461.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248460.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248459.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248458.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248457.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KU248456.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KT240132.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KT240128.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
MG924893.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3688
DQ474237.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184189.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184190.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
HQ184191.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
KX900570.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	3780
KT240130.1	AAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTATATTACTGAAGCTACTATTATGA	994
	***** **	

MH559110.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCCACACAAGGGC	3834
FJ231389.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
D78584.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
HQ184197.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
HQ184193.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
EU252145.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
HQ184192.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
M10824.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	2742
AF015223.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
M24002.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1353
D88287.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
EU018144.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1089
EU018143.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1089
EU018145.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1089
EU018142.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1089
KP769859.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	3840
KT240131.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
KT240133.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248464.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
KU248463.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
KT240135.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
KU248462.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
KT240129.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
HQ184204.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184198.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KP280068.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	3681
M24004.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1555
M38246.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	3840
KT240136.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
KT240134.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCGTCTACACAAGGGC	1054
HQ184201.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184202.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184195.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
EU252147.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
EU252146.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184203.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184199.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184194.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184196.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KX685354.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	3681
HQ184200.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248461.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248460.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248459.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248458.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248457.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KU248456.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KT240132.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KT240128.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTACTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
MG924893.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	3748
DQ474237.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184189.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184190.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
HQ184191.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054
KX900570.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	3840
KT240130.1	GACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTATTCTTTTGAAGCATCTACACAAGGGC	1054

MH559110.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3894
FJ231389.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
D78584.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184197.1	CATTTAAAAACACCCATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184193.1	CATTTAAAAACACCCATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
EU252145.1	CATTTAAAAACACCCATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184192.1	CATTTAAAAACACCCATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
M10824.1	CATTTAAAAATACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	2802
AF015223.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
M24002.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1413
D88287.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
EU018144.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1149
EU018143.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1149
EU018145.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1149
EU018142.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1149
KP769859.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3900
KT240131.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KT240133.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248464.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248463.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KT240135.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248462.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KT240129.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184204.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184198.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KP280068.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3741
M24004.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1615
M38246.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3900
KT240136.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KT240134.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184201.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184202.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184195.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGATAATCAAGCAG	1114
EU252147.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
EU252146.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184203.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184199.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184194.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184196.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KX685354.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3741
HQ184200.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248461.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248460.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248459.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248458.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248457.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KU248456.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KT240132.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KT240128.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
MG924893.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3808
DQ474237.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184189.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184190.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
HQ184191.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114
KX900570.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	3900
KT240130.1	CATTTAAAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGGAGCGCAAACAGATGAAAATCAAGCAG	1114

**** * * * * *

MH559110.1	CAAATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAGCATGGTCAAAAAACTACTGCAACAG	3954
FJ231389.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
D78584.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACGG	1174
HQ184197.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184193.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
EU252145.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184192.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
M10824.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	2862
AF015223.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
M24002.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1473
D88287.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
EU018144.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1209
EU018143.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1209
EU018145.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1209
EU018142.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1209
KP769859.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	3960
KT240131.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
KT240133.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
KU248464.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
KU248463.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
KT240135.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
KU248462.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
KT240129.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACCACAACAG	1174
HQ184204.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184198.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KP280068.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	3801
M24004.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1675
M38246.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	3960
KT240136.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KT240134.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184201.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184202.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184195.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
EU252147.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
EU252146.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184203.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184199.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184194.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184196.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KX685354.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAGCATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	3801
HQ184200.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KU248461.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KU248460.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KU248459.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KU248458.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KU248457.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KU248456.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KT240132.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KT240128.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
MG924893.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	3868
DQ474237.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184189.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184190.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
HQ184191.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
KX900570.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	3960
KT240130.1	CAGATGGTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAAACTACTACAACAG	1174
	** ***** **	** **

MH559110.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	4014
FJ231389.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
D78584.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184197.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184193.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
EU252145.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184192.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
M10824.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGCAG	2922
AF015223.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
M24002.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1533
D88287.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
EU018144.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1269
EU018143.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1269
EU018145.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1269
EU018142.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1269
KP769859.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	4020
KT240131.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KT240133.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248464.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248463.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KT240135.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248462.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KT240129.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184204.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184198.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KP280068.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAA	3861
M24004.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1735
M38246.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	4020
KT240136.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KT240134.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184201.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184202.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184195.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
EU252147.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
EU252146.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184203.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184199.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184194.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184196.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KX685354.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	3861
HQ184200.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248461.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248460.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248459.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248458.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248457.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KU248456.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KT240132.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KT240128.1	GAGAAACACCTGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
MG924893.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	3928
DQ474237.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184189.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184190.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
HQ184191.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
KX900570.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	4020
KT240130.1	GAGAAACACCCGAGAGATTTACATATATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAG	1234
	*****	*

MH559110.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	4074
FJ231389.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
D78584.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184197.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184193.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
EU252145.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184192.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
M10824.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	2982
AF015223.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
M24002.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1593
D88287.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
EU018144.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1329
EU018143.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1329
EU018145.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1329
EU018142.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1329
KP769859.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	4080
KT240131.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KT240133.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248464.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248463.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KT240135.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248462.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KT240129.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184204.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184198.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KP280068.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	3921
M24004.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1795
M38246.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	4080
KT240136.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTACTAC	1294
KT240134.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTACTAC	1294
HQ184201.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184202.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184195.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
EU252147.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
EU252146.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184203.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184199.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184194.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184196.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KX685354.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	3921
HQ184200.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248461.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248460.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248459.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248458.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248457.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KU248456.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KT240132.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KT240128.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
MG924893.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	3988
DQ474237.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184189.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184190.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
HQ184191.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
KX900570.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	4080
KT240130.1	GAGATTGGATTCAAAATATTAACCTTAAACCTTCCTGTAACAAATGATAATGTATTGCTAC	1294
	*****	****

MH559110.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	4134
FJ231389.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
D78584.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184197.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGGATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184193.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
EU252145.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184192.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
M10824.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	3042
AF015223.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
M24002.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1653
D88287.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
EU018144.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1389
EU018143.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1389
EU018145.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1389
EU018142.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1389
KP769859.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	4140
KT240131.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KT240133.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248464.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248463.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KT240135.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248462.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KT240129.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184204.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184198.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KP280068.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	3981
M24004.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1855
M38246.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	4140
KT240136.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KT240134.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184201.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184202.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184195.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
EU252147.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
EU252146.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184203.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184199.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184194.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184196.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KX685354.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	3981
HQ184200.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248461.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248460.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248459.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248458.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248457.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KU248456.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KT240132.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KT240128.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
MG924893.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	4048
DQ474237.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184189.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184190.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
HQ184191.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
KX900570.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	4140
KT240130.1	CAACAGATCCAATTGGAGGTA AAAACAGGAATTA	ACTATACTAATATATTTA	ACTTATG	1354
	*****	*****	*****	

MH559110.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4194
FJ231389.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
D78584.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184197.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184193.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
EU252145.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184192.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
M10824.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	3102
AF015223.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
M24002.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1713
D88287.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
EU018144.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1449
EU018143.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1449
EU018145.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1449
EU018142.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1449
KP769859.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4200
KT240131.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KT240133.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248464.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248463.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KT240135.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248462.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KT240129.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184204.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184198.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KP280068.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4041
M24004.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1915
M38246.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4200
KT240136.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KT240134.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184201.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184202.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184195.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
EU252147.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
EU252146.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184203.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184199.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184194.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184196.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KX685354.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4041
HQ184200.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248461.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248460.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248459.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248458.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248457.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KU248456.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KT240132.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KT240128.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
MG924893.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4108
DQ474237.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184189.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184190.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
HQ184191.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414
KX900570.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	4200
KT240130.1	GTCCTTTAACTGCATTAATAAATGTACCACCAGTTTATCCAAATGGTCAAATTTGGGATA	1414

MH559110.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4254
FJ231389.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
D78584.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184197.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184193.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
EU252145.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184192.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
M10824.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	3162
AF015223.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
M24002.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1773
D88287.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
EU018144.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1509
EU018143.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1509
EU018145.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1509
EU018142.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1509
KP769859.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4260
KT240131.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KT240133.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248464.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248463.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KT240135.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248462.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KT240129.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184204.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184198.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KP280068.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4101
M24004.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1975
M38246.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4260
KT240136.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KT240134.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184201.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184202.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184195.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
EU252147.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
EU252146.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184203.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184199.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184194.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184196.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KX685354.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4101
HQ184200.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248461.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248460.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248459.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248458.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248457.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KU248456.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KT240132.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KT240128.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
MG924893.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4168
DQ474237.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184189.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184190.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
HQ184191.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474
KX900570.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	4260
KT240130.1	AAGAATTTGATACTGACTTAAAACCAAGACTTCATGTAAATGCACCATTTGTTTGTCAAA	1474

MH559110.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	4314
FJ231389.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
D78584.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184197.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1534
HQ184193.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1534
EU252145.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1534
HQ184192.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1534
M10824.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	3222
AF015223.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1534
M24002.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1833
D88287.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1534
EU018144.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1569
EU018143.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1569
EU018145.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1569
EU018142.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	1569
KP769859.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	4320
KT240131.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KT240133.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248464.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248463.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KT240135.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248462.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KT240129.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184204.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184198.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KP280068.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	4161
M24004.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	2035
M38246.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACGAATGAATATGATC	4320
KT240136.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KT240134.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184201.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184202.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184195.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
EU252147.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
EU252146.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184203.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184199.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184194.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184196.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KX685354.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	4161
HQ184200.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248461.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248460.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248459.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248458.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248457.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KU248456.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KT240132.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KT240128.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
MG924893.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	4228
DQ474237.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184189.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184190.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
HQ184191.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534
KX900570.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	4320
KT240130.1	ATAATTGTCCTGGTCAATTATTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAACAAATGAATATGATC	1534

MH559110.1	CAGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4374
FJ231389.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
D78584.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184197.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184193.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
EU252145.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184192.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
M10824.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	3282
AF015223.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
M24002.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1893
D88287.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
EU018144.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1629
EU018143.1	CTGATGCACCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1629
EU018145.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1629
EU018142.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1629
KP769859.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4380
KT240131.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KT240133.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248464.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248463.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KT240135.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248462.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KT240129.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184204.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184198.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KP280068.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4221
M24004.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	2095
M38246.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4380
KT240136.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KT240134.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTATTTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184201.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184202.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184195.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
EU252147.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
EU252146.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184203.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184199.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184194.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184196.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KX685354.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4221
HQ184200.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248461.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248460.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248459.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248458.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248457.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KU248456.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KT240132.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KT240128.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
MG924893.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4288
DQ474237.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184189.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184190.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
HQ184191.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594
KX900570.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	4380
KT240130.1	CTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTGACTTACTCAGATTTTTGGTGGAAAGGTA	1594

* * * * *

MH559110.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4434
FJ231389.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCCTCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
D78584.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184197.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184193.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
EU252145.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184192.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
M10824.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	3342
AF015223.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
M24002.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1953
D88287.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
EU018144.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1689
EU018143.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1689
EU018145.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1689
EU018142.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1689
KP769859.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4440
KT240131.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KT240133.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248464.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248463.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KT240135.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248462.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KT240129.1	AATTAGTGTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184204.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCGTCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184198.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KP280068.1	AATTAGTTTTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4281
M24004.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	2155
M38246.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4440
KT240136.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KT240134.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184201.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184202.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184195.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
EU252147.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
EU252146.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184203.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184199.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184194.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184196.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KX685354.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4281
HQ184200.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248461.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248460.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248459.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248458.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248457.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KU248456.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KT240132.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KT240128.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
MG924893.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4348
DQ474237.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184189.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184190.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
HQ184191.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654
KX900570.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	4440
KT240130.1	AATTAGTATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCAACAAATGA	1654

MH559110.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4494
FJ231389.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAGTAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
D78584.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184197.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184193.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
EU252145.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184192.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
M10824.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	3402
AF015223.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
M24002.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATCTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	2013
D88287.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATCTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
EU018144.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1749
EU018143.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1749
EU018145.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1749
EU018142.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1749
KP769859.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4500
KT240131.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KT240133.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248464.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248463.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KT240135.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248462.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KT240129.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184204.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184198.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KP280068.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4341
M24004.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	2215
M38246.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4500
KT240136.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KT240134.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184201.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184202.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184195.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
EU252147.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
EU252146.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184203.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184199.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184194.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184196.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KX685354.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4341
HQ184200.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248461.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248460.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248459.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248458.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248457.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KU248456.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KT240132.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KT240128.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
MG924893.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4408
DQ474237.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184189.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184190.1	GTATCAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
HQ184191.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714
KX900570.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	4500
KT240130.1	GTATTAATGTAGATAACCAATTTAACTATGTACCAAATAATATTGGAGCTATGAAAATTG	1714

MH559110.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATATACTCACTGTGTTTTTA	4554
FJ231389.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
D78584.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184197.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184193.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
EU252145.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184192.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
M10824.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTTTTA	3462
AF015223.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
M24002.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTTTTA	2073
D88287.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
EU018144.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATAAACTTACTATGTTTTTA	1809
EU018143.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATAAACTTACTATGTTTTTA	1809
EU018145.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATAAACTTACTATGTTTTTA	1809
EU018142.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATAAACTTACTATGTTTTTA	1809
KP769859.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAACATACTTACTATGTTTTTA	4560
KT240131.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KT240133.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248464.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248463.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KT240135.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248462.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KT240129.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184204.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184198.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KP280068.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTCTTA	4401
M24004.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTTTTA	2275
M38246.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTTTTA	4560
KT240136.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KT240134.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184201.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184202.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184195.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
EU252147.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
EU252146.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184203.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184199.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184194.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184196.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KX685354.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTTTTA	4401
HQ184200.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248461.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248460.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248459.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248458.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248457.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KU248456.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KT240132.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KT240128.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
MG924893.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTT-TTA	4467
DQ474237.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184189.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184190.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
HQ184191.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755
KX900570.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAATACTTACTATGTTTTTA	4560
KT240130.1	TATATGAAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAAATTATATTAA-----	1755

ANEXO 3

Secuencia consenso a partir de las 56 secuencias de VP2 alineadas. Se señala en verde las zonas comunes candidatas al diseño de partidores.

```

ATGAGTGATGGAGCAGTTCAACCAGACGGTGGTCAACCTGCTGTGCAGAAATGAAAGAGCTACAGGATCTGGGAACAGGTC
TGGAGGCGGGGGTGGTGGTGGTCTGGGGGTGGGGGATTCTACGGGTACTTTCAATAATCAGACGGAATTTAAATTTT
TGGAAAACGGATGGGTGGAATCACAGCAAACCAAGCAGACTTGTACATTTAAATATGCCAGAAAAGTAAAAATTATAAA
AGAGTAGTTGTAATAATATGGATAAACTGCAGTTAAAGGAAACATGGCTTTAGATGATACATGTACAAATTGTAAC
ACCTTGGTCATTGGTTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATACTATGA
GTGAGTTGCATTTAGTTAGTTTGAACAAGAAATTTTAAATGTTGTTTAAAGACTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCA
CCAATAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCATCATTGATGGTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCC
AGCAGCTATGAGATCTGAGACATTGGGTTTTATCCATGGAAACCAACCATACCAACTCCATGGAGATATATTTTTCAA
GGGATAGAACATTAATACCATCTCATACTGGAAGTAGTGGCACACCACAAATGTATATCATGGTACAGATCCAGATGAT
GTTCAATTTTATACTATTGAAAATCTGTGCCAGTACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTT
TTTTGATTGTAACCATGTAGACTAACACATACATGGCAAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTAAATCTT
TGCCTCAATCTGAAGGCGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATAAAAAGACGTGGTGAACCTCAAAATGGGA
AATACAGACTGCATTACTGAAGCTACTATTATGAGACCAGCTGAGGTTGGTTATAGTGCACCATATTTCTTTTGAAGC
ATCTACACAAGGGCCATTTAAACACCTATTGCAGCAGGACGGGGGGAGCACAAACAGATGAAAATCAAGCAGCAGATG
GTGATCCAAGATATGCATTTGGTAGACAACATGGTCAAAAACTACTACAACAGGAGAAACACCCGAGAGATTTACATAT
ATAGCACATCAAGATACAGGAAGATATCCAGAAGGAGATTGGATTCAAAATATTAACTTTAACCTTCTGTAAACAAATGA
TAATGTATTGCTACCAACAGATCCAATTGGAGGTAACAGGAATTAATACTAATAATATTTAATACTTATGGTCCTT
TAACTGCATTAATAATGTACCACAGTTTATCCAAATGGTCAAAATTTGGGATAAAGAATTTGATACTGACTTAAACCA
AGACTTCATGTAATGCACCAATTTGTTTGTCAAAATAATTTGCTGGTCAATTTTGTAAAAGTTGCGCCTAATTTAAC
AAATGAATATGATCCTGATGCATCTGCTAATATGTCAAGAATTGTAACCTTACTCAGATTTTGGTGGAAAGGTAATTTAG
TATTTAAAGCTAAACTAAGAGCATCTCATACTTGGAAATCCAATTCACAAATGAGTATTAATGTAGATAACCAATTTAAC
TATGTACCAATAATATTGGAGCTATGAAAATGTATATGAAAATCTCAACTAGCACCTAGAAAA
    
```

ANEXO 4

Diseño de partidores según *OligoPerfect™ Designer* de Invitrogen®.

Available Primers								
✓	Amplicon Size	Primer Name	Sequence	Length	%GC	Tm(°C)	Start	Stop
✓	681	Seq1_F_1	TGGTTGATGCAAATGCTTGGG	21	47.62	60.00	332	352
		Seq1_R_1	AACCAACCTCAGCTGGTCTC	20	55.00	59.60	993	1012
✓	679	Seq1_F_2	TGGTTGATGCAAATGCTTGGG	21	47.62	60.00	332	352
		Seq1_R_2	CCAACCTCAGCTGGTCTCAT	20	55.00	59.38	991	1010
✓	680	Seq1_F_3	TGGTTGATGCAAATGCTTGGG	21	47.62	60.00	332	352
		Seq1_R_3	ACCAACCTCAGCTGGTCTCA	20	55.00	60.76	992	1011
✓	680	Seq1_F_4	GTTGATGCAAATGCTTGGG	21	52.38	60.68	333	353
		Seq1_R_4	AACCAACCTCAGCTGGTCTC	20	55.00	59.60	993	1012

ANEXO 5

Alineamiento de secuencias obtenidas desde Genytec Ltda. correspondientes a la muestra del carril número 8. Obtención de secuencia consenso CHCJ.

Seq3	GTTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAAT	60
Seq1	GTTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCTAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAAT	60
Seq2	-TTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAACCCAGGAGATTGGCAACTAATTATTAAT	59

Seq3	ACTATGAGTGAGTTGCATTAAGTTAGTTTGAACAAGAAATTTTAAATGTTGTTTAAAG	120
Seq1	ACTATGAGTGAGTTGCATTAAGTTAGTTTGAACAAGAAATTTTAAATGTTGTTTAAAG	120
Seq2	ACTATGAGTGAGTTGCATTAAGTTAGTTTGAACAAGAAATTTTAAATGTTGTTTAAAG	119

Seq3	ACTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCA	180
Seq1	ACTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCA	180
Seq2	ACTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAGTTTATAATAATGATTTAACTGCA	179

Seq3	TCATTGATGGTTGCATTAGACAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGA	240
Seq1	TCATTGCACATGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGA	240
Seq2	TCATTGCACATGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTATGAGA	239

Seq3	TATGAGACATTGGGTTTTTATCCATGCACACCAACCATAACCACTCCATGGAGATATTAT	300
Seq1	TATGAGACATTGGGTTTTTATCCATGCACACCAACCATAACCACTCCATGGAGATATTAT	300
Seq2	TATGAGACATTGGGTTTTTATCCATGCACACCAACCATAACCACTCCATGGAGATATTAT	299

Seq3	TTTCAATGGGATAGAACATTAACACCATCTCATACTGGAAC TAGTGGCACACCAACAAAT	360
Seq1	TTTCAATGGGATAGAACATTAACACCATCTCATACTGGAAC TAGTGGCACACCAACAAAT	360
Seq2	TTTCAATGGGATAGAACATTAACACCATCTCATACTGGAAC TAGTGGCACACCAACATTCAT	359

Seq3	GTCTATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTACTGAAAATTCGTGCCA	420
Seq1	GTATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTACTGAAAATTCGTGCCA	420
Seq2	GTATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTTCAATTTTATACTACTGAAAATTCGTGCCA	419

Seq3	GTACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAA	480
Seq1	GTACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTCCCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAA	480
Seq2	GTACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTTTTGATTGTAAA	479

Seq3	CCATCTAGACTAACACATATTCGGCAAACAAATAGAGCATTGTGCTTACCACCATTTTTTA	540
Seq1	CCATCTAGACTAACACATATTCGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTTTA	540
Seq2	CCATCTAGACTAACACATATTCGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTTTA	539

Seq3	AATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGCGCTACTAACTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGAT	600
Seq1	AATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGCGCCCTTAACCTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGAT	600
Seq2	AATTCTTTGCCTCAATCTGAAGGCGCCCTTAACCTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGAT	599

Seq3	AAAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTGCATTACTGCCGCGACTATTATG	660
Seq1	AAAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTGCATTACTGCCGCGACTATTATG	660
Seq2	AAAAGACGTGGTGTAACTCAAATGGGAAATACAGACTGCATTACTGCCGCGACTATTATG	659

Seq3	AGACCAGCTGAGG-- 673	
Seq1	AGACCAGCTGAAAT- 674	
Seq2	AGACCAGCTGAAAT 674	

Secuencia consenso (CHCJ)

>CHCJ

GTTGATGCAAATGCTTGGGGAGTTTGGTTTAATCCAGGAGATTGGCAACTAATTGTTAATACTATGAGTGAGTTGCAT
 TAGTTAGTTTGAACAAGAAATTTTAAATGTTGTTTAAAGACTGTTTCAGAATCTGCTACTCAGCCACCAACTAAAG
 TTTATAATAATGATTTAACTGCATCATTGACACTTGCATTAGATAGTAACAATACTATGCCATTTACTCCAGCAGCTA
 TGAGATATGAGACATTGGGTTTTTATCCATGGAAACCAACCATAACCACTCCATGGAGATATTATTTTCAATGGGATA
 GAACATTAACACCATCTCATACTGGAAC TAGTGGCACACCAATTCATGTATATCATGGTACAGATCCAGATGATGTT
 AATTTTATACTACTGAAAATTCGTGCCAGTACACTTACTAAGAACAGGTGATGAATTTGCTACAGGAACATTTTTTT
 TTGATTGTAAACCATCTAGACTAACACATACATGGCAAACAAATAGAGCATTGGGCTTACCACCATTTTTAAATTCCT
 TGCCTCAATCTGAAGGCGCCCTTAACCTTTGGTGATATAGGAGTTCAACAAGATAAAAGACGTGGTGTAACTCAAATGG
 GAAATACAGACTGCATTACTGCCGCGACTATTATGAGACCAGCTGAAAT

ANEXO 6

Resultado de comparaciones entre secuencia CHCJ y la información disponible en la base de datos del programa BLAST.

	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
✓	Feline panleukopenia virus strain KS23 VP2 gene, complete cds	1144	1144	99%	0.0	97.47%	HQ184199.1
✓	Feline panleukopenia virus strain KS58 VP2 gene, complete cds	1133	1133	99%	0.0	97.17%	HQ184203.1
✓	Feline panleukopenia virus strain FPV_31_AUS_Fern_Tree_Gully_Vic_11/2015 capsid protein gene, partial cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	MK570646.1
✓	Feline panleukopenia virus strain FPV_C7_AUS_Mildura_09/2015 capsid protein gene, partial cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	MK570637.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPLV/16JZ0601 capsid protein VP2 gene, complete cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	MK671154.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate JL-04/16 capsid protein VP2 gene, complete cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	MF541125.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate BJ-03/16 capsid protein VP2 gene, complete cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	MF541120.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate HH-1/86, complete genome	1122	1122	99%	0.0	96.87%	KX900570.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPV/Bobcat/ND/979/2013 VP2 (VP2) gene, complete cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	KJ813893.1
✓	Feline panleukopenia virus strain K23 VP2 gene, complete cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	HQ184194.1
✓	Feline panleukopenia virus strain JF-1 VP2 protein (vp2) gene, complete cds	1122	1122	99%	0.0	96.87%	DQ474236.1
✓	Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: TU2	1122	1122	99%	0.0	96.87%	AB000066.1
✓	Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: TU12	1122	1122	99%	0.0	96.87%	AB000064.1
✓	Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: 94-1	1122	1122	99%	0.0	96.87%	AB000050.1
✓	Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds, isolate: AO1	1122	1122	99%	0.0	96.87%	AB000052.1
✓	Feline panleukopenia virus gene for capsid protein VP2, complete cds, isolate: FPV-483	1122	1122	99%	0.0	96.87%	D88286.1
✓	Carnivore protoparvovirus 1 strain FPLV_149/15, partial genome	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MK413726.1
✓	Canine parvovirus strain Booragoon/WesternAustralia/Canisfamilias/2019 isolate CPV_340_AUS_West_AUS_01/2019 capsid protein gene	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MN259042.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPV/American mink/MIVI-34/BC_2018, complete genome	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MN862743.1
✓	Feline panleukopenia virus strain Tasman island/Tasmania/Felis catus/2010 capsid protein gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MN603976.1
✓	Feline panleukopenia virus strain FPV_205_LDH_AUS_Melb_09/2017 capsid protein gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MK570695.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPLV/17DD0501 capsid protein VP2 gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MK671160.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPLV/17CC0308 capsid protein VP2 gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MK671159.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPV-L, complete genome	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MG764511.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate JL-10/17-06 capsid protein VP2 gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MF541128.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate JL-01/17-03 capsid protein VP2 gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MF541123.1
✓	Feline panleukopenia virus strain FPV/Raccoon/R06/BC_2015, complete genome	1116	1116	99%	0.0	96.72%	MF069445.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate IZSSI_3201int1_2015 VP2 protein (VP2) gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KX943311.1
✓	Feline panleukopenia virus strain FPV_IZSSI_3201_1_15 ns1, ns2, vp1, and vp2 genes, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KX434461.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate PT183/12 capsid protein VP1 (VP1) gene, partial cds, and capsid protein VP2 (VP2) gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KT240132.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate PT005/08 capsid protein VP1 (VP1) gene, partial cds, and capsid protein VP2 (VP2) gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KT240130.1
✓	Canine parvovirus isolate CPV067 capsid protein VP1 and capsid protein VP2 genes, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KP881619.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate MG132167A NS1/NS2 (NS1/NS2), VP1 (VP1), and VP2 (VP2) genes, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KP769859.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate 298 VP2 gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KP682526.1
✓	Feline panleukopenia virus strain GC1 VP2 protein (VP2) gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	KP090139.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPV/Raccoon/NJ/RPV-6/90 VP2 protein (VP2) gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	JN867594.1
✓	Feline panleukopenia virus strain K49 VP2 gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	HQ184195.1
✓	Feline panleukopenia virus strain K4 VP2 gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	HQ184191.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate 1335/07 VP2 protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU360959.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPLV/cat/31609/PT06 capsid protein (VP2) gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU221281.1
✓	Feline panleukopenia virus strain 443/07 capsid protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU498718.1
✓	Feline panleukopenia virus strain 50/07-1 capsid protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU498716.1
✓	Feline panleukopenia virus strain 42/06-G11 capsid protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU498706.1
✓	Feline panleukopenia virus strain 42/06-G10 capsid protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU498705.1
✓	Feline panleukopenia virus strain 189/03 capsid protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU498686.1
✓	Feline panleukopenia virus strain 198/01 capsid protein gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU498682.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FPV-4.us_64 non-structural protein 1, non-structural protein 2, capsid protein 1, and capsid protein 2 genes	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU659112.1
✓	Feline panleukopenia virus isolate FVP-3.us_67 non-structural protein 1, non-structural protein 2, capsid protein 1, and capsid protein 2 genes	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU659111.1

Feline panleukopenia virus isolate KF002 VP2 protein (VP2) gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	EU252146.1
Feline panleukopenia virus strain FPV-326 virus protein 2 (VP2) gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AY742937.1
Feline panleukopenia virus isolate FR212 capsid protein VP2 gene, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AY606131.1
Feline parvovirus partial VP2 gene	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AJ249557.1
Feline panleukopenia virus VP2 gene, partial isolate FPV-615	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AJ002930.1
Feline panleukopenia virus (FPV) NS1, VP1, VP2 genes for non structural protein 1, capsid proteins 1 and 2	1116	1116	99%	0.0	96.72%	X55115.1
Feline panleukopenia virus capsid protein (VP2) gene, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AF015223.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds isolate: TU8	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AB000070.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds isolate: Som4	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AB000061.1
Feline panleukopenia virus gene for capsid protein 2, complete cds isolate: Fukagawa	1116	1116	99%	0.0	96.72%	AB000054.1
Feline panleukopenia isolate FPV-377 coat protein VP1, partial cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	U22188.1
Feline panleukopenia virus NS-1 protein and capsid proteins VP-1 and VP-2 genes, complete cds	1116	1116	99%	0.0	96.72%	M38246.1
Raccoon parvovirus capsid protein genes VP1 (3' end) and VP2 (complete cds)	1116	1116	99%	0.0	96.72%	M24005.1
Carnivore protoparvovirus 1 strain FPLV_PA11334/17, partial genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK413737.1
Carnivore protoparvovirus 1 strain FPLV_58774/15, partial genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK413731.1
Carnivore protoparvovirus 1 strain FPLV_55611/15, partial genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK413730.1
Carnivore protoparvovirus 1 strain FPLV_32369/15, partial genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK413728.1
Feline panleukopenia virus isolate FPV/American pine marten/MAHG-3/BC_2017, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MN862745.1
Feline panleukopenia virus strain HN39AA VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK357738.1
Feline parvovirus isolate Beijing-01/2018 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK266797.1
Feline parvovirus isolate Beijing-L3/2018 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK266795.1
Feline parvovirus isolate Chengdu-01/2017 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK266791.1
Feline panleukopenia virus isolate 19R124C/TH/2019, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MN127781.1
Feline panleukopenia virus isolate 18R217C/TH/2018, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MN127779.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_260_R_AUS_Melb_Vic_02/18 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK570715.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_223_NZ_06/2017 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK570703.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_221_NZ_05/2017 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK570701.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_216_NZ_06/2017 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK570696.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_331_AUS_Canberra_ACT_04/2018 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK570676.1
Feline panleukopenia virus strain FPV_CPS_AUS_Sydney_11/2015 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK570644.1
Feline panleukopenia virus strain CMU-F10 capsid protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK425503.1
Feline parvovirus strain JL-3 capsid protein VP2 (vp2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK295775.1
Feline panleukopenia virus strain FPLV-QDDX VP2 gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MK301396.1
Feline panleukopenia virus strain TN/FPV/2018, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MH559110.1
Feline panleukopenia virus strain FPV-BJ05 nonstructural protein 1 (NS1), capsid protein 1 (VP1), and capsid protein 2 (VP2) genes, complete	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MH165482.1
Feline panleukopenia virus strain CU18 capsid protein VP2 (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MH711904.1
Feline panleukopenia virus isolate SP-01/16 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF541140.1
Feline panleukopenia virus isolate JT-01/17-03 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF541139.1
Feline panleukopenia virus isolate JL-19/17-06 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF541130.1
Feline panleukopenia virus isolate JL-03/17-05 capsid protein VP2 gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF541124.1
Canine parvovirus isolate 20161107-BJ-3 capsid protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF347717.1
Canine parvovirus capsid protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MG462710.1
Feline parvovirus strain feline/Guangdong/G1/2016 capsid protein gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KY451727.1
Feline panleukopenia virus strain FPV/Raccoon/RC18/BC_2016, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF069447.1
Feline panleukopenia virus strain FPV/Raccoon/RC9/BC_2010, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	MF069446.1
Feline panleukopenia virus isolate IZSSI_55611_2015 VP2 protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KX943318.1
Feline panleukopenia virus isolate IZSSI_32369_2015 VP2 protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KX943315.1
Feline panleukopenia virus isolate IZSSI_29823_2015 VP2 protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KX943314.1
Feline panleukopenia virus strain HN-ZZ1, complete genome	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KX685354.1
Feline panleukopenia virus isolate PT210/13 capsid protein VP1 (VP1) gene, partial cds; and capsid protein VP2 (VP2) gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KT240134.1
Feline panleukopenia virus isolate PT020/06 capsid protein VP1 (VP1) gene, partial cds; and capsid protein VP2 (VP2) gene, complete cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KT240128.1
Feline panleukopenia virus isolate TH011402 capsid protein (VP2) gene, partial cds	1110	1110	99%	0.0	96.57%	KT357494.1