

Supplementary materials for the article:

Elssaig E.H. et al. Omicron SARS-CoV-2 Variants in an *in silico* Genomic Comparison Study with the Original Wuhan Strain and WHO-Recognized Variants of Concern.

Pol J Microbiol. 2022, Vol. 71, No 4, 577–587

ORF a/b gene:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Fr
8672 bits(22502)	0.0	Compositional matrix adjust.	4391/4401(99%)	4394/4401(99%)	4/4401(0%)	+2
Query 1		MESLVPGFNEKTHVQLSLPVLQVRDVLVRGFGDSVVEEVLSEARQHLKDGTCGLVEVEKGV			60	
Sbjct 212				391	
Query 61		LPQLEQPYVFIKRSDARTAPHGHVMVELVAELEGIQYGRSGETLGVLVPHVGEIPVAYRK			120	
Sbjct 392				571	
Query 121		VLLRKNGNKGAGGHSYGADLKSFDLGDELGTDPYEDFQENWN TKHSSGVTRELMRELNGG			180	
Sbjct 572				751	
Query 181		AYTRYVDNNFCGPDGYPLECIKDLLARAGKASCTLSEQLDFIDTKRGVYCCREHEHEIAW			240	
Sbjct 752				931	
Query 241		YTERSEKSYELQTPFEIKLAKKFDTFNGECPNFVFP LNSIIKTIQPRVEKKKLDGFMGRI			300	
Sbjct 932					
1111						
Query 301		RSVYPVASPNECNQMCLSTLMKCDHCGETSWQTGDFVKATCEFCGTENLTKEGATTCGYL			360	
Sbjct 1112					
1291						
Query 361		PQNAVVKIYCPACHNSEVGPESHSLAEYHNESGLKTI LRKGGRTIAFGGCVFSYVGCHNKC			420	
Sbjct 1292					
1471						
Query 421		AYWVPRASANIGCNHTGVVGESEGLNDNLEILQKEKVNINIVGDFKLN E EIAIILASF			480	
Sbjct 1472					
1651						
Query 481		SASTSAFVETVKGLDYKAFKQIVESCGNFKVTKGKAKKGAWNIGE QKSILSPLYAFASEA			540	
Sbjct 1652					
1831						

Query	541	ARVVRSIFSRTLETAQNSVRVLQKAAITILDGISQYSLRLIDAMMFTSDLATNNLVVMAY	600
Sbjct	1832	
2011			
Query	601	ITGGVVQLTSQWLTNIFGTVYEKLPVLDWLEEKFKEGVEFLRDGWEIVKFISTCACEIV	660
Sbjct	2012	
2191			
Query	661	GGQIVTCAKEIKESVQTFFKLVNKFLALCADSIIIGGAKLKALNLGETFVTHSKGLYRKC	720
Sbjct	2192	
2371			
Query	721	VKSREETGLLMPLKAPKEIIFlegetlpptevlteeavlktGDLQPLEQPTSEAVEAPLVG	780
Sbjct	2372	
2551			
Query	781	TPVCINGLMLEIKDTEKYCALAPNMMVTNNTFTLKGKAPTKVTFGDDTVIEVQGYKSVN	840
Sbjct	2552	
2731			
Query	841	ITFELDERIDKVLNEKCSAYTVELGTEVNEFACVVADAVIKTLQPVSELLTPLGIDLDEW	900
Sbjct	2732 R	
2911			
Query	901	SMATYYLFDESGEFKLASHMYCSFYppdedeeegdcceeeefepSTQYEGTEDDYQGKPL	960
Sbjct	2912	
3091			
Query	961	EFGATSAALqpeeeqeedwldddsqqTVGQQDGSEDNqtttiqtiveVQPQLEMELTPVV	
1020			
Sbjct	3092	
3271			
Query	1021	QTIEVNSFSGYLKLTDNVYIKNADIVEEAKVKPTVVVNAANVYLKHGGGVAGALNKATN	
1080			
Sbjct	3272	
3451			
Query	1081	NAMQVESDDYIATNGPLKVGGSVLSGHNLAKHCLHVGPVNVKGEDIQLLKSAYENFNQ	
1140			

Sbjct 3452
3631

Query 1141 HEVLLAPLLSAGIFGADPIHSLRVCVDTVRTNVYLAVFDKNLYDKLVSSFLEMKSEKQVE
1200

Sbjct 3632
3811

Query 1201 QKIAEIPKEEVKPFITESKPSVEQRKQDDKKIKACVeevtttleetkfltenlllyIDIN
1260

Sbjct 3812
3991

Query 1261 GNLHPDSATLVSDIDITFLKKDAPYIVGDVVQEGVLTAVVIPTKKAGGTTEMLAKALRKV
1320

Sbjct 3992
4171

Query 1321 PTDNYITTYPGQGLNGYTVEEAKTVLKKCKSAFYILPSIISNEKQEILGTVSWNLREMLA
1380

Sbjct 4172
4351

Query 1381 HAEETRKLMPVCVETKAIVSTIQRKYKGIKIQEGVVDYGARFYFYTSKTTVASLINTLND
1440

Sbjct 4352
4531

Query 1441 LNETLVTMPLGYVTHGLNLEEAARYMRSCLKVPATVSVSSPDAVTAYNGYLTSSSKTPEEH
1500

Sbjct 4532
4711

Query 1501 FIETISLAGSYKDWSYSGQSTQLGIEFLKRGDKSVYYSNPPTTFHLDGEVITFDNLKTL
1560

Sbjct 4712
4891

Query 1561 SLREVRTIKVF'TTVDNINLHTQVVDMSMTYGQQFGPTYLDGADVTKIKPHNSHEGKTFYV
1620

Sbjct 4892
5071

Query	1621	LPNDDTLRVEAFEYHYHTDPSFLGRYMSALNHTKKWKYPQVNGLTSLIKWADNNCYLATAL
1680		
Sbjct	5072
5251		
Query	1681	LTLQQIELKFNPPALQDAYRARAGEAANFCALILAYCNKTVGELGDVRETMSYLFQHAN
1740		
Sbjct	5252
5431		
Query	1741	LDSCRVLNVVCKTCGQQQTTLKGVEAVMYMGTLSEYQFKKGVQIPCTCGKQATKYLVOQ
1800		
Sbjct	5432
5611		
Query	1801	ESPFVMSAPPAQYELKHGTFTCASEYTGNYQCGHYKHITSKETLYCIDGALLTKSSEYK
1860		
Sbjct	5612
5791		
Query	1861	GPITDVFYKENSYTTTTIKPVTYKLDGVVCTEIDPKLDNYYKKDNSYFTEQPIDLVPNQPY
1920		
Sbjct	5792
5971		
Query	1921	PNASFDNFKFVCDNIKFADDLNQLTGYKKPASRELKVTFFPDLNGDVVAIDYKHYTPSFK
1980		
Sbjct	5972
6151		
Query	1981	KGAKLLHKPIVWHVNNATNKATYKPNTWCIRCLWSTKPVETSNSFDVLKSEDAQGMDNLA
2040		
Sbjct	6152
6331		
Query	2041	CEDLKPVSEEVVENPTIQKDVLECNVKTTEVVGDIILKPANNSLKITEEVGHTDLMAAYV
2100		
Sbjct	6332-I.....
6508		

Query 2101 DNSSLTIKKPNELSRVLGLKTLATHGLAAVNSVPWDTIANYAKPFLNKVVSTTTNIVTRC
2160

Sbjct 6509
6688

Query 2161 LNRVCTNYMPYfftl11lqlctftRSTNSRIKASMPPTIAKNTVKSsvgkfcLEASFNYLKS
2220

Sbjct 6689
6868

Query 2221 PNFSKLINIIIWFLLLSVCLGSLIYSTAALGVLMSNLGMPSYCTGYREGYLNSTNVTIAT
2280

Sbjct 6869
7048

Query 2281 YCTGSIPCSVCLSGLDSDTYPSLETIQITISSFKWDLTAFGLVAEWFLAYILFTRFFYV
2340

Sbjct 7049
7228

Query 2341 LGLAAIMQLFFSYFAVHFISNSWLMWLIINLVQMAPISAMVRMYIFFASFYYVWKSyvHV
2400

Sbjct 7229
7408

Query 2401 VDGCNSSTCMMCYKRNrATRVECTTIVNGVRRSFYVYANGGKGFCKLHNWNCVNCDFCA
2460

Sbjct 7409
7588

Query 2461 GSTFISDEVARDLSLQFKRPINPTDQSSYIVDSVTVKNGSIHLYFDKAGQKTYERHSLSH
2520

Sbjct 7589
7768

Query 2521 FVNLDNLRANNTKGS LPINVI VFDGkskceessaksasVYYSQLMCQPILLLDQALVSDV
2580

Sbjct 7769
7948

Query 2581 GDSAEVAVKMF DAYVNTFSSTFNVPMEK LKTLVATAEAE LAKNVSLDNVLSTFISAARQG
2640

Sbjct 7949
8128

Query 2641 FVDSVETKDVVECLKLSHQSDIEVTGDCSCNNYMLTYNKVENMTPRDLGACIDCSARHIN
2700

Sbjct 8129
8308

Query 2701 AQVAKSHNIALIWNVKDFMSLSEQLRKQIRSAAKKNNLPFKLTCATTRQVVNVVTTKIAL
2760

Sbjct 8309 **T**
8488

Query 2761 KGGKIVNNWLKQLIKVTLVFLFVAAlFYLITPVHVMSKHTDFSSEIIGYKAIDGGVTRDI
2820

Sbjct 8489
8668

Query 2821 ASTDTCFANKHADFDTWFSQRGGSYTNDKACPLIAAVITREVGfVVPGLPGTILRTTNGD
2880

Sbjct 8669
8848

Query 2881 FLHFLPRVFSAVGNICYTPSKLIEYTDfATSACVLAAECTIFKDASGKPVPYCYDTNVLE
2940

Sbjct 8849
9028

Query 2941 GSVAYESLRPDTRYVLMdGSI IQFPNTYLEGSVRVVTTFDSEYCRHGTCERSEAGVCVST
3000

Sbjct 9029
9208

Query 3001 SGRWVLNNDYyRSLPGVFCGVDAVNLLTNMFTPLIQPIGALDisasivaggivaiVVtCL
3060

Sbjct 9209
9388

Query 3061 AYYFMRFRRAFGEYSHVVAfNTLLFLMSFTVLCLTPVYSFLPGVYSVIYLYLTFYLTNDV
3120

Sbjct 9389
9568

Query 3121 SFLAHIQWMVMFTPLVPFWITIAIYIICISTKHFYWFFSNYLKRRVVFNGVSFSTFEEAAL
3180

Sbjct 9569
9748

Query 3181 CTFLLNKEMYLKLRSDVLLPLTQYNRYLALYNKYKYFSGAMDTTSYREAACCHLAKALND
3240

Sbjct 9749
9928

Query 3241 FSNSGSDVLYQPPQTSITSAVLQSGFRKMAFPSGKVEGCMVQVTCGTTTLNGLWLDDVVY
3300

Sbjct 9929 **I**
10108

Query 3301 CPRHVICTSEDMLNPNYEDLLIRKSNHNFLVQAGNVQLRVIGHSMQNCVLKLVDTANPK
3360

Sbjct 10109
10288

Query 3361 TPKYKFVRIQPGQTFSVLACYNGSPSGVYQCAMRPNFTIKGSFLNGSCGSVGFNIDYDCV
3420

Sbjct 10289 **H**
10468

Query 3421 SFCYMHMELPTGVHAGTDLEGNFYGPVDRQTAQAAGTDTTITVNVLAWLYAAVINGDR
3480

Sbjct 10469
10648

Query 3481 WFLNRFTTTLNDFNLVAMKYNYEPLTQDHVDILGPLSAQTGIAVLDMCASLKELLQNGMN
3540

Sbjct 10649
10828

Query 3541 GRTILGSALLEDEFTPFDDVVRQCSGVTFQSAVKRTIKGTHHWllltiltsllvlvqstqW
3600

Sbjct 10829
11008

Query 3601 SLFFFLYENAF L P F A M G I I A M S A F A M M F V K H K H A F L C L F L L P S L A T V A Y F N M V Y M P A S W V
3660

Sbjct 11009
11188

Query 3661 M R I M T W L D M V D T S L S G F K L K D C V M Y A S A V V L L I L M T A R T V Y D D G A R R V W T L M N V L T L V Y K
3720

Sbjct 11189 ---
11359

Query 3721 V Y Y G N A L D Q A I S M W A L I I S V T S N Y S G V V T T V M F L A R G I V F M C V E Y C P I F F I T G N T L Q C I M
3780

Sbjct 11360 **V**
11539

Query 3781 L V Y C F L G Y F C T C Y F G L F C L L N R Y F R L T L G V Y D Y L V S T Q E F R Y M N S Q G L L P P K N S I D A F K L
3840

Sbjct 11540
11719

Query 3841 N I K L L G V G G K P C I K V A T V Q S K M S D V K C T s v l l s v l q q l r v e s s s K L W A Q C V Q L H N D I L L
3900

Sbjct 11720
11899

Query 3901 A K D T T E A F E K M v s l l s v l l s M Q G A V D I N K L C E E M L D N R A T L Q A I A S E F S S L P S Y A A F A T A
3960

Sbjct 11900
12079

Query 3961 Q E A Y E Q A V A N G D s e v v l k k l k k s l n v a k s E F D R D A A M Q R K L E K M A D Q A M T Q M Y K Q A R S E D
4020

Sbjct 12080
12259

Query 4021 K R A K V T S A M Q T M L F T M L R K l d n d a l n n i i n n a R D G C V P L N I I P L T T A A K L M V V I P D Y N T Y
4080

Sbjct 12260
12439

Query 4081 K N T C D G T T F T Y A S A L W E I Q Q V V D A D S K I V Q L S E I S M D N S P N L A W P L I V T A L R A N S A V K L Q
4140

Sbjct 12440
12619

Query 4141 NNELSPVALRQMSCAAGTTQTACTDDNALAYYNTTKGGRFVLALLSDLQDLKWARFPKSD
4200

Sbjct 12620
12799

Query 4201 GTGTIYTELEPPCRFVTDTPKGPVKYLYFIKGLNNLNRMVLSLAATVRLQAGNATEV
4260

Sbjct 12800
12979

Query 4261 PANSTVLSFCAFAVDAAKAYKDYLASGGQPITNCVKMLCTHTGTGQAITVTPEANMDQES
4320

Sbjct 12980
13159

Query 4321 FGGASCCLYCRCHIDHPNPKGFCDLKGKYVQIPTTCANDPVGFLLKNTVCTVCGMWKGYG
4380

Sbjct 13160
13339

Query 4381 CSCDQLREPMLQSADAQSFLN 4401
Sbjct 13340 13402

Range 2: 13396 to 21486 [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#) [First Match](#)

Alignment statistics for match #2

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
5665 bits(14697)	0.0	Compositional matrix adjust.	2693/2697(99%)	2694/2697(99%)	0/2697(0%)	+1
Query 4400		LNRVCGVSAARLTPCGTGTSTDVVYRAFDIYNDKVAGFAKFLKTNCCRFQEKDEDDNLID				
4459						
Sbjct 13396	FK				
13575						
Query 4460		SYFVVKRHTFSNYQHEETIYNLLKDCPAVAKHDFFKFRIDGDMVPHISRQRLTKYTMADL				
4519						

Sbjct 13576
13755

Query 4520 VYALRHFDEGNCDTLKEILVTYNCCDDDYFNKKDWYDFVENPDILRVYANLGERVRQALL
4579

Sbjct 13756
13935

Query 4580 KTVQFCDAMRNAGIVGVLTLDNQDLNGNWDYDFGDFIQTPGSGVPPVDSYYSLLMPILTL
4639

Sbjct 13936
14115

Query 4640 TRALTAESHVDTDLTKPYIKWDLKDYDFTEERLKLFDRYFKYWDQTYHPNCVNCLDDRCI
4699

Sbjct 14116
14295

Query 4700 LHCANFNVLFFSTVFPPTSFGPLVRKIFVDGVPFVSTGYHFRELGVVHNQDVNLHSSRLS
4759

Sbjct 14296**L**.....
14475

Query 4760 FKELLVYAADPAMHAASGNLLLDKRTTCFSVAALTNNVAFQTVKPGNFNKDFYDFAVSKG
4819

Sbjct 14476
14655

Query 4820 FFKEGSSVELKHFFFAQDGNAAISDYDYRYNLPTMCDIRQLLFVVEVVDKYFDCYDGGC
4879

Sbjct 14656
14835

Query 4880 INANQVIVNNLDKSAGFPFNKWKARLYYDSMSYEDQDALFAYTKRNVIPTITQMNLKYA
4939

Sbjct 14836
15015

Query 4940 ISAKNRARTVAGVSICSTMTNRQFHQKLLKSIAATRIGATVVIGTSKFYGGWHNMLKTVYS
4999

Sbjct 15016
15195

Query 5000 DVENPHLMGWDYPKCDRAMPNMLRIMASLVLARKHTTCCSLSHRFYRLANECAQVLSEMV
5059

Sbjct 15196
15375

Query 5060 MCGGSLYVKPGGTSSGDATTAYANSVFNICQAVTANVNALLSTDGNKIADKYVRNLQHRL
5119

Sbjct 15376
15555

Query 5120 YECLYRNRDVDTDFVNEFYAYLRKHFSSMMILSDDAVVCFNSTYASQGLVASIKNFKSVLY
5179

Sbjct 15556
15735

Query 5180 YQNNVFMSEAKCWTEETDLTKGPHEFCSQHTMLVKQGDDYVYLPYPDPSRILGAGCFVDDI
5239

Sbjct 15736
15915

Query 5240 VKTDGTLMIERFVSLAIDAYPLTKHPNQEYADVFLYLQYIRKLHDELTDGHMLDMYSVML
5299

Sbjct 15916
16095

Query 5300 TNDNTSRYWEPEFYEAMYTPHTVLQAVGACVLCNSQTSRLRCGACIRRPFLCCKCCYDHVI
5359

Sbjct 16096
16275

Query 5360 STSHKLVLSVNPYVCNAPGCDVTDVTQLYLGGMSYYCKSHKPPISFPLCANGQVFGLYKN
5419

Sbjct 16276
16455

Query 5420 TCVGSDNVTDFNAIATCDWTNAGDYILANTCTERLKLFAAETLKATEETFKLSYGIATVR
5479

Sbjct 16456
16635

Query 5480 EVLSDRELHLSWEVGKPRPPLNRNYVFTGYRVTKNSKVQIGEYTFEKGDYGDVAVYRGTT
5539

Sbjct 16636
16815

Query 5540 TYKLNVDYFVLTSHVTMPLSAPTLVPQEHYVRITGLYPTLNISDEFSSNVANYQKVGMQ
5599

Sbjct 16816
16995

Query 5600 KYSTLQGPPGTGKSHFAIGLALYPSARIVYTACSHAARDALCEKALKYLPIDKCSRIIP
5659

Sbjct 16996
17175

Query 5660 ARARVECFDKFKVNSTLEQYVFCTVNALPETTADIVVFDEISMATNYDLSVVNARLRAKH
5719

Sbjct 17176
17355

Query 5720 YVYIGDPAQLPAPRTLLTKGTLEPEYFNSVCRLMKTIGPDMFLGTCRRCPAEIVDTVSAL
5779

Sbjct 17356
17535

Query 5780 VYDNKLKAHKDKSAQCCKMFYKGVITHDVSSAINRPQIGVVREFLTRNPAWRKAVFISPY
5839

Sbjct 17536
17715

Query 5840 NSQNAVASKILGLPTQTVDSQSEYDYVIFTQTTEHSCNVNRFNVAITRAKVGILCI
5899

Sbjct 17716
17895

Query 5900 MSDRDLYDKLQFTSLEIPRRNVATLQAENV TGLFKDCSKVITGLHPTQAPTHLSVDTKFK
5959

Sbjct 17896
18075

Query 5960 TEGLCVDIPGIPKDMTYRRLISMMGFKMNYQVNGYPNMFITREEAIRHVRAWIGFDVEGC
6019

Sbjct 18076 **V**
18255

Query 6020 HATREAVGTNLPLQLGFSTGVNLVAVPTGYVDTPNNTDFSRVSAKPPPGDQFKHLIPLMY
6079

Sbjct 18256
18435

Query 6080 KGLPWNVVRIKIVQMLSDTLKNLSDRVVFLWAHGFELTSMKYFVKIGPERTCCLCDRRA
6139

Sbjct 18436
18615

Query 6140 TCFSTASDTYACWHHSIGFDYVYNPFMIDVQQWGFTGNLQSNHDLYCQVHGNAHVASDA
6199

Sbjct 18616
18795

Query 6200 IMTRCLAVHECFVKRVDWTIEYPIIGDELKINAACRQVQHMVKAALLADKFPVLHDIGN
6259

Sbjct 18796
18975

Query 6260 PKAIKCVQADVEWKFYDAQPCSDKAYKIEELFYASYATHSDKFTDGVCLFWNCNVDRYPA
6319

Sbjct 18976
19155

Query 6320 NSIVCRFDTRVLSNLNLPDGGSLYVKNHAFHTPAFDKSAFVNLKQLPFFYYSDSPCES
6379

Sbjct 19156
19335

Query 6380 HGKQVSDIDYVPLKSATCITRCNLGGAVCRHHANEYRLYLDAYNMMISAGFSLWVYKQF
6439

Sbjct 19336
19515

Query 6440 DTYNLWNTFTRLQSLNVAFNVVNKGHFDGQQGEVPSIINNTVYTKVDGVDVELFENKT
6499

Sbjct 19516
19695

Query 6500 TLPVNVAFELWAKRNIKPVPEVKILNNLGVDIAANTVIWDYKRDAPAHISTIGVCSMTDI
6559

Sbjct 19696
19875

Query 6560 AKKPTETICAPLTVFFDGRVDGQVDLFRNARNGVLI TEGSVKGLQPSVGPQASLNGVTL
6619

Sbjct 19876
20055

Query 6620 IGEAVKTQFNYYKKVDGVVQQLPETYFTQSRNLQEFKPRSQMEIDFLELAMDEFIERYKL
6679

Sbjct 20056
20235

Query 6680 EGYAFEHIVYGDFSHSQLGGLHLLIGLAKRFKESPFLEDFIPMDSTVKNYFITDAQTGS
6739

Sbjct 20236
20415

Query 6740 SKCVCSVIDLLLDDFVEI IKSQDLSVVSQVVKVTIDYTEISFMLWCKDGHVETFYPKLQS
6799

Sbjct 20416
20595

Query 6800 SQAWQPGVAMPNLYKMQRM LLEKCDLQNYGDSATLPKGIMMNVAKYTQLCQYLNTLTLAV
6859

Sbjct 20596
20775

Query 6860 PYNMRVIHFGAGSDKGVAPGTAVLRQWLPTG TLLVDSLNDVSDADSTLIGDCATVHTA
6919

Sbjct 20776
20955

Query 6920 NKWDLIIISDMYDPKTKNVTKENDSKEGFFTYICGFIQQKLALGGSVAIKITEHSWNADLY
6979

Sbjct 20956
21135

Query 6980 KLMGHFAWWTAFVTNVNASSSEAFLLIGCNLYLGKPREQIDGYVMHANYIFWRNTNPIQLSS 7039
 Sbjct 21136
 21315

Query 7040 YSLFDMSKFPLKLRGTAVMSLKEGQINDMILSLLSKGRLIIRENNRVVISSDVLVNN 7096
 Sbjct 21316 21486

S gene:

Query 12 SSQCVNLTTRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSVLHSTQDLFLPFFSNVTWFHAIHVS 71
Sbjct 21530 **V.--** 21703

Query 72 GTNGTKRFDNPVLPFNDGVYFASTEKSNIIRGWIFGTTLDLSTQSLIVNATNVVIKVC 131
Sbjct 21704 **I** 21883

Query 132 EFQFCNDPFLGVYYHKNNKSWMESEFRVYSSANNCTFEYVSQPFLMDLEGKQGNFKNLRE 191
Sbjct 21884 **D---** 22054

Query 192 FVFKNIDGYFKIYSKHTPINLVR---DLPQGFSALEPLVDLPIGINITRFQTLALHRSY 248
Sbjct 22055 **-I . EPE** 22231

Query 249 LTPGDSSSGWTAGAAAYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETKCTLKSFTV 308
 Sbjct 22232 22411

Query 309 EKGIIYQTSNFRVQPTESIVRFPNITNLCPFGEVFNATRFASVYAWNRKRISNCVADYSVL 368
Sbjct 22412 **D** 22591

Query 369 YNSASFSTFKCYGVSPTKLNLDLCTNVYADSFVIRGDEVQRQIAPGQTGKIADYNYKLPDD 428
Sbjct 22592 .. **L.P.F** **N** 22771

Query 429 FTGCVIAWNSNNLDSKVGGNYNLYRLFRKSNLKPFERDISTEIQAGSTPCNGVEGFNC 488
Sbjct 22772 **K . . S** **NK . . . A** 22951

Query 489 YFPLQSYGFQPTNGVGYQPYRVVLSFELLHAPATVCGPKKSTNLVKNKCVNFNGLTG 548
Sbjct 22952 **R . S . R . Y . H** **K** 23131

Query 549 TGVLTESNKKFLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQLEILDITPCSFGGVSVITPGTNTSNQV 608
 Sbjct 23132 23311

Query	609	AVLYQDVNCTEVPVAIHADQLTPTWRVYSTGSNVFQTRAGCLIGAEHVNNSYECDIPIGA	668
Sbjct	23312 G Y	23491
Query	669	GICASYQTQTNSPRRARSVASQSIIAYTMSLGAENSVAYSNNSIAIPTNFTISVTTEILP	728
Sbjct	23492 K.H	23671
Query	729	VSMTKTSVDCTMYICGDSTECSNLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDKNTQEVFAQVKQI	788
Sbjct	23672 K	23851
Query	789	YKTPPIKDFGGFNFSQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYGDCLGDIAARD	848
Sbjct	23852 Y	24031
Query	849	LICAQKFNGLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGWTFGAGAALQIPFAMQMAYRFNG	908
Sbjct	24032 K	24211
Query	909	IGVTQNVLYENQKLIANQFNNSAIGKIQDSLSTASALGKLQDVVNQNAQALNTLVKQLSS	968
Sbjct	24212 H	24391
Query	969	NFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLAATK	1028
Sbjct	24392	K F	24571
Query	1029	MSECVLGQSKRVDFCGKGYHLMSFPQSAPHGVVFLHVTVYVPAQEKNFTTAPAICHGKAH	1088
Sbjct	24572	24751
Query	1089	FPREGVFVSNNGTHWFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGNCDVVIGIVNNTVYDPLQPELDSF	1148
Sbjct	24752	24931
Query	1149	KEELDKYFKNHTSPDVDLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDLQELGKYEQ	1208
Sbjct	24932	25111
Query	1209	YIKWPWYIWLGFIAGLIAIVMVTImlccmtscscslkgccscgscckFDEDDSEPVLKGV	1268
Sbjct	25112	25291
Query	1269	KLHYT 1273	
Sbjct	25292 25306	

ORF3a:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
568 bits(1464)	0.0	Compositional matrix adjust.	275/275(100%)	275/275(100%)	0/275(0%)	+1
Query 1		MDLFMRIFTIGTVTLKQGEIKDATPSDFVRATATIPIQASLPFGWLIVGVALLAVFQSAS				60
Sbjct 25318 25497					
Query 61		KIITLKKRWQLALSkgVHFVCNLLLLFVTvySHLLLVAAGLEAPFLYLYALVYFLQSINF				120
Sbjct 25498 25677					
Query 121		VRIIMRLWLCWKCRSKNPLLYDANYFLCWHTNCYDYCIPYNSVTSSIVITSGDGTSPIS				180
Sbjct 25678 25857					
Query 181		EHDYQIGGYTEKWESGVKDCVVLHSYFTSDYYQLYSTQLSTDTGVEHVTFFFIYNKIVDEP				240
Sbjct 25858 26037					
Query 241		EEHVQIHTIDGSSGVVNPVMEPIYDEPTTTTSVPL	275			
Sbjct 26038		26142			

E gene:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
97.4 bits(241)	1e-28	Compositional matrix adjust.	74/75(99%)	74/75(98%)	0/75(0%)	+1
Query 1		MYSFVSEETGTLIVNSvllflafvvflvtlailtalrlCAYCCNIVNVSLVKPSFYVYS				60
Sbjct 26170	 I				26349
Query 61		RVKNLNSSRVPDLLV	75			
Sbjct 26350		26394			

M gene:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
445 bits(1144)	2e-147	Compositional matrix adjust.	219/222(99%)	219/222(98%)	0/222(0%)	+3
Query 1	MADSNGTITVEELKKLLEQWNLVIGFLFLTWICLLQFAYANRNRFLYIIKLI FLWLLWPV				60	
Sbjct 26448	.. G X				26627	
Query 61	TLACFVLAAVYRINWITGGIAIAMACLVGLMWLSYFIASFRLFARTRSMWSEFNPETNILL				120	
Sbjct 26628	.. T				26807	
Query 121	NVPLHGTILTRP LLESELVIGAVILRGHLRIAGHHLGRCDIKDLPKEITVATSRTL SYYK				180	
Sbjct 26808				26987	
Query 181	LGASQRVAGDSGFAAYSRYRIGNYKLNTDHSSSSDNIALLVQ		222			
Sbjct 26988		27113			

ORF6:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
122 bits(306)	1e-37	Compositional matrix adjust.	61/61(100%)	61/61(100%)	0/61(0%)	+1
Query 1	MFHLVDFQVTIAEILLIIMRTFKVSIWNLDYIINLI IKNLSKSLTENKYSQLDEEQPMEI				60	
Sbjct 27127				27306	
Query 61	D 61					
Sbjct 27307	. 27309					

ORF7a:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
222 bits(565)	2e-71	Compositional matrix adjust.	121/121(100%)	121/121(100%)	0/121(0%)	+1
Query 1	MKiilflalitlatCELYHYQECVRGTTVLLKEPCSSGTYEGNSPFHPLADNKFALTCFS				60	

Sbjct 27319 27498

Query 61 TQFAFACPDGVKHHVYQLRARSVSPKLFIRQEEVQELYSPIFLIVAAIVFITLCFTLKRKT 120

Sbjct 27499 27678

Query 121 E 121

Sbjct 27679 . 27681

ORF7b:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Fram
36.2 bits(82)	2e-07	Compositional matrix adjust.	43/43(100%)	43/43(100%)	0/43(0%)	+3
Query 1		MIELSLIDfylycflafllflvlimliifwfSLELQDHNETCHA		43		
Sbjct 27681			27809		

ORF8:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Fram
251 bits(642)	8e-82	Compositional matrix adjust.	121/121(100%)	121/121(100%)	0/121(0%)	+3
Query 1		MKFLVFLGIIITVAAFHQECSLQSQCTQHQPVVDDPCPIHFYSKWYIRVGARKSAPLIEL		60		
Sbjct 27819			27998		
Query 61		CVDEAGSKSPIQYIDIGNYTVSCLPFTINCQEPKLGSLVVRCSFYEDFLEYHDVRVVLDF		120		
Sbjct 27999			28178		
Query 121	I 121					
Sbjct 28179	. 28181					

N gene:

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Fram
640 bits(1650)	0.0	Compositional matrix adjust.	412/419(98%)	413/419(98%)	3/419(0%)	+2
Query 1		MSDNGPQNQRNAPRITFGGSPDSTGNSQNGERSGARSKQRRPQGLPNNTASWFTALTQHG		60		
Sbjct 28199	 L ---		28369		

Query	61	KEDLKFPRGQGVPIINTNSSPDDQIGYYRRATRRI	GGDKMKDLS	SPRWYFY	YLTGPEAG	120
Sbjct	28370				28549
Query	121	LPYGANKDGI	IWVATEGALNTPKDHIGTRNPANNA	AIVLQLPQGTTL	PKGFYAEg	srggs 180
Sbjct	28550				28729
Query	181	qassr	ssrsrnssrnstpgssrgtspa	RMagn	ggdaalal	llldrlnqlESKMSgkgqq 240
Sbjct	28730KR.			28909
Query	241	qqgqtvtkk	SAAEASKKPRQKRTATKAYNVTQAF	GRRGPEQTQGN	FGDQELIRQGT	DYKH 300
Sbjct	28910				29089
Query	301	WPQIAQFAPSASAFFGMSRIGMEVTPSGTWLTYTAAIKLDDKDPNFKDQVILLNKHIDAY	360			
Sbjct	29090G.			29269
Query	361	ktfpptepkkdkkkkadetQALPQRQKKQQT	VTLLPAADLDDFSKQLQQSMSSADSTQA	419		
Sbjct	29270				29446

ORF10:

Query	1	MGYINVFAFPFTIYSLLLCRMNSRNYIAQVDVVNFNLT	38
Sbjct	29474	29587

South Africa Omicron 5 nucleotide blast against Wuhan NC_045512:

Query	55	AGATCTGTTCTCTAAACGAACTTTAAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAG	114
Sbjct	1	60
Query	115	TGCACTCACGCAGTATAATTAATAACTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCG	174
Sbjct	61	120
Query	175	TCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTGTTGCAGCCGATCATCAGCACATCT	234
Sbjct	121	180
Query	235	AGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGA	294
Sbjct	181 T	240
Query	295	GAAAACACACGTCCAACCTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTTCGCGACGTGCTCGTACGTGG	354
Sbjct	241	300
Query	355	CTTTGGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCAC	414
Sbjct	301	360
Query	415	TTGTGGCTTAGTAGAAGTTGAAAAAGGCGTTTTGCCTCAACTTGAACAGCCCTATGTGTT	474
Sbjct	361	420
Query	475	CATCAAACGTTCCGGATGCTCGAACTGCACCTCATGGTCATGTTATGGTTGAGCTGGTAGC	534
Sbjct	421	480
Query	535	AGAACTCGAAGGCATTCAGTACGGTCGTAGTGGTGAGACACTTGGTGTCCCTTGTCCCTCA	594
Sbjct	481	540
Query	595	TGTGGGCGAAAATACCAGTGGCTTACCGCAAGGTTCTTCTTCGTAAGAACGGTAATAAAGG	654
Sbjct	541	600
Query	655	AGCTGGTGGCCATAGTTACGGCGCCGATCTAAAGTCATTTGACTTAGGCGACGAGCTTGG	714
Sbjct	601	660
Query	715	CACTGATCCTTATGAAGATTTTCAAGAAAACCTGGAACACTAAACATAGCAGTGGTGTAC	774
Sbjct	661	720
Query	775	CCGTGAACTCATGCGTGAGCTTAACGGAGGGGCATACACTCGCTATGTCGATAACAACCTT	834
Sbjct	721	780
Query	835	CTGTGGCCCTGATGGCTACCCTCTTGAGTGCATTAAGACCTTCTAGCACGTGCTGGTAA	894
Sbjct	781	840

Query	895	AGCTTCATGCACTTTGTCCGAACAACCTGGACTTTATTGACACTAAGAGGGGTGTATACTG	954
Sbjct	841	900
Query	955	CTGCCGTGAACATGAGCATGAAATTGCTTGGTACACGGAACGTTCTGAAAAGAGCTATGA	1014
Sbjct	901	960
Query	1015	ATTGCAGACACCTTTTGAAATTAAATTGGCAAAGAAATTTGACACCTTCAATGGGGAATG	1074
Sbjct	961	1020
Query	1075	TCCAAATTTTGTATTTCCCTTAAATTCCATAATCAAGACTATTCAACCAAGGGTTGAAAA	1134
Sbjct	1021	1080
Query	1135	GAAAAAGCTTGATGGCTTTATGGGTAGAATTCGATCTGTCTATCCAGTTGCGTCACCAAA	1194
Sbjct	1081	1140
Query	1195	TGAATGCAACCAAATGTGCCTTTCAACTCTCATGAAGTGTGATCATTGTGGTGAAACTTC	1254
Sbjct	1141	1200
Query	1255	ATGGCAGACGGGCGATTTTGTAAAGCCACTTGCGAATTTTGTGGCACTGAGAATTTGAC	1314
Sbjct	1201	1260
Query	1315	TAAAGAAGGTGCCACTACTTGTGGTTACTTACCCCAAATGCTGTTGTTAAAATTTATTG	1374
Sbjct	1261	1320
Query	1375	TCCAGCATGTCACAATTCAGAAGTAGGACCTGAGCATAGTCTTGCCGAATACCATAATGA	1434
Sbjct	1321	1380
Query	1435	ATCTGGCTTGAAAACCATTCTTCGTAAGGGTGGTCGCACTATTGCCTTTGGAGGCTGTGT	1494
Sbjct	1381	1440
Query	1495	GTTCTCTTATGTTGGTTGCCATAACAAGTGTGCCTATTGGGTTCCACGTGCTAGCGCTAA	1554
Sbjct	1441	1500
Query	1555	CATAGGTTGTAACCATACAGGTGTTGTTGGAGAAGGTTCCGAAGGTCTTAATGACAACCT	1614
Sbjct	1501	1560
Query	1615	TCTTGAAATACTCCAAAAAGAGAAAGTCAACATCAATATTGTTGGTACTTTAAACTTAA	1674
Sbjct	1561	1620
Query	1675	TGAAGAGATCGCCATTATTTTGGCATCTTTTTCTGCTTCCACAAGTGCTTTTGTGGAAAC	1734
Sbjct	1621	1680

Query	1735	TGTGAAAGGTTTGGATTATAAAGCATTCAAACAAATTGTTGAATCCTGTGGTAATTTTAA	1794
Sbjct	1681	1740
Query	1795	AGTTACAAAAGGAAAAGCTAAAAAAGGTGCCTGGAATATTGGTGAACAGAAATCAATACT	1854
Sbjct	1741	1800
Query	1855	GAGTCCTCTTTATGCATTTGCATCAGAGGCTGCTCGTGTGTACGATCAATTTTCTCCCG	1914
Sbjct	1801	1860
Query	1915	CACTCTTGAAACTGCTCAAAATTCTGTGCGTGTTTTACAGAAGGCCGCTATAACAATACT	1974
Sbjct	1861	1920
Query	1975	AGATGGAATTTACAGTATTCACTGAGACTCATTGATGCTATGATGTTACATCTGATTT	2034
Sbjct	1921	1980
Query	2035	GGCTACTAACAACTAGTTGTAATGGCCTACATTACAGGTGGTGTGTTTCAGTTGACTTC	2094
Sbjct	1981	2040
Query	2095	GCAGTGGCTAACTAACATCTTTGGCACTGTTTATGAAAACTCAAACCCGTCCTTGATTG	2154
Sbjct	2041	2100
Query	2155	GCTTGAAGAGAAGTTTAAGGAAGGTGTAGAGTTTCTTAGAGACGGTTGGGAAATTGTTAA	2214
Sbjct	2101	2160
Query	2215	ATTTATCTCAACCTGTGCTTGTGAAAATTGTCGGTGGACAAATTGTCACCTGTGCAAAGGA	2274
Sbjct	2161	2220
Query	2275	AATTAAGGAGAGTGTTTCAGACATTCTTTAAGCTTGTAATAAATTTTGGCTTTGTGTGC	2334
Sbjct	2221	2280
Query	2335	TGACTCTATCATTATTGGTGGAGCTAAACTTAAAGCCTTGAATTTAGGTGAAACATTTGT	2394
Sbjct	2281	2340
Query	2395	CACGCACTCAAAGGGATTGTACAGAAAGTGTGTTAAATCCAGAGAAGAACTGGCCTACT	2454
Sbjct	2341	2400
Query	2455	CATGCCTCTAAAAGCCCCAAAAGAAATATCTTCTTAGAGGGAGAAACACTTCCCACAGA	2514
Sbjct	2401	2460
Query	2515	AGTGTTAACAGAGGAAGTTGTCTTGAAAAGTGGTGAATTTACAACCATTAGAACAACCTAC	2574
Sbjct	2461	2520
Query	2575	TAGTGAAGCTGTTGAAGCTCCATTGGTTGGTACACCAGTTTGTATTAACGGGCTTATGTT	2634

Sbjct	2521	2580
Query	2635	GCTCGAAATCAAAGACACAGAAAAGTACTGTGCCCTTGCACCTAATATGATGGTAACAAA	2694
Sbjct	2581	2640
Query	2695	CAATACCTTCACACTCAAAGGCGGTGCACCAACAAAGGTTACTTTTGGTGATGACACTGT	2754
Sbjct	2641	2700
Query	2755	GATAGAAGTGCAAGGTTACAAGAGTGTGAATATCACTTTTGAACCTTGATGAAAGGATTGA	2814
Sbjct	2701	2760
Query	2815	TAAAGTACTTAATGAGAAGTGCTCTGCCTATACAGTTGAACTCGGTACAGAAGTAAATGA	2874
Sbjct	2761 G	2820
Query	2875	GTTTCGCCTGTGTTGTGGCAGATGCTGTCATAAAAACTTTGCAACCAGTATCTGAATTACT	2934
Sbjct	2821	2880
Query	2935	TACACCACTGGGCATTGATTTAGATGAGTGGAGTATGGCTACATACTACTTATTTGATGA	2994
Sbjct	2881	2940
Query	2995	GTCTGGTGAGTTTAAATTGGCTTCACATATGTATTGTTCTTTCTACCCTCCAGATGAGGA	3054
Sbjct	2941 T	3000
Query	3055	TGAAGAAGAAGGTGATTGTGAAGAAGAAGAGTTTGAGCCATCAACTCAATATGAGTATGG	3114
Sbjct	3001	3060
Query	3115	TACTGAAGATGATTACCAAGGTAAACCTTTGGAATTTGGTGCCACTTCTGCTGCTCTTCA	3174
Sbjct	3061	3120
Query	3175	ACCTGAAGAAGAGCAAGAAGAAGATTGGTTAGATGATGATAGTCAACAACTGTTGGTCA	3234
Sbjct	3121	3180
Query	3235	ACAAGACGGCAGTGAGGACAATCAGACAACACTACTATTCAAACAATTGTTGAGGTTCAACC	3294
Sbjct	3181	3240
Query	3295	TCAATTAGAGATGGAACCTTACACCAGTTGTTTCAGACTATTGAAGTGAATAGTTTTAGTGG	3354
Sbjct	3241	3300
Query	3355	TTATTTAAAACTTACTGACAATGTATACATTAATAATGCAGACATTGTGGAAGAAGCTAA	3414
Sbjct	3301	3360
Query	3415	AAAGGTAAAACCAACAGTGGTTGTTAATGCAGCCAATGTTTACCTTAAACATGGAGGAGG	3474
Sbjct	3361	3420

Query	3475	TGTTGCAGGAGCCTTAAATAAGGCTACTAACAATGCCATGCAAGTTGAATCTGATGATTA	3534
Sbjct	3421	3480
Query	3535	CATAGCTACTAATGGACCACTTAAAGTGGGTGGTAGTTGTGTTTTAAGCGGACACAATCT	3594
Sbjct	3481	3540
Query	3595	TGCTAAACACTGTCTTCATGTTGTGCGGCCAAATGTTAACAAAGGTGAAGACATTCAACT	3654
Sbjct	3541	3600
Query	3655	TCTTAAGAGTGCTTATGAAAATTTAATCAGCACGAAGTTCTACTTGCACCATTATTATC	3714
Sbjct	3601	3660
Query	3715	AGCTGGTATTTTTGGTGCTGACCCTATACATTCTTTAAGAGTTTGTGTAGATACTGTTTCG	3774
Sbjct	3661	3720
Query	3775	CACAAATGTCTACTTAGCTGTCTTTGATAAAAATCTCTATGACAAACTTGTTTCAAGCTT	3834
Sbjct	3721	3780
Query	3835	TTTGAAAATGAAGAGTGAAAAGCAAGTTGAACAAAAGATCGCTGAGATTCCTAAAGAGGA	3894
Sbjct	3781	3840
Query	3895	AGTTAAGCCATTTATAACTGAAAGTAAACCTTCAGTTGAACAGAGAAAACAAGATGATAA	3954
Sbjct	3841	3900
Query	3955	GAAAATCAAAGCTTGTGTTGAAGAAGTTACAACAACCTCTGGAAGAACTAAGTTCCTCAC	4014
Sbjct	3901	3960
Query	4015	AGAAAACCTTGTTACTTTATATTGACATTAATGGCAATCTTCATCCAGATTCTGCCACTCT	4074
Sbjct	3961	4020
Query	4075	TGTTAGTGACATTGACATCACTTTCTTAAAGAAAGATGCTCCATATATAGTGGGTGATGT	4134
Sbjct	4021	4080
Query	4135	TGTTCAAGAGGGTGTTTTAACTGCTGTGGTTATACCTACTAAAAAGGCTGGTGGCACTAC	4194
Sbjct	4081	4140
Query	4195	TGAAATGCTAGCGAAAGCTTTGAGAAAAGTGCCAACAGACAATTATATAACCACTTACCC	4254
Sbjct	4141	4200
Query	4255	GGGTCAGGGTTTAAATGGTTACACTGTAGAGGAGGCAAAGACAGTGCTTAAAAAGTGTA	4314
Sbjct	4201	4260

Query	4315	AAGTGCCTTTTACATTCTACCATCTATTATCTCTAATGAGAAGCAAGAAATTCTTGGAAC	4374
Sbjct	4261	4320
Query	4375	TGTTTCTTGGAATTTGCGAGAAATGCTTGCACATGCAGAAGAAACACGCAAATTAATGCC	4434
Sbjct	4321	4380
Query	4435	TGTCTGTGTGGAAACTAAAGCCATAGTTTCAACTATACAGCGTAAATATAAGGGTATTAA	4494
Sbjct	4381	4440
Query	4495	AATACAAGAGGGTGTGGTTGATTATGGTGCTAGATTTTACTTTTACACCAGTAAAACAAC	4554
Sbjct	4441	4500
Query	4555	TGTAGCGTCACTTATCAACACACTTAACGATCTAAATGAAACTCTTGTTACAATGCCACT	4614
Sbjct	4501	4560
Query	4615	TGGCTATGTAACACATGGCTTAAATTTGGAAGAAGCTGCTCGGTATATGAGATCTCTCAA	4674
Sbjct	4561	4620
Query	4675	AGTGCCAGCTACAGTTTCTGTTTCTTCACCTGATGCTGTTACAGCGTATAATGGTTATCT	4734
Sbjct	4621	4680
Query	4735	TACTTCTTCTTCTAAAACACCTGAAGAACATTTTATTGAAACCATCTCACTTGCTGGTTC	4794
Sbjct	4681	4740
Query	4795	CTATAAAGATTGGTCCTATTCTGGACAATCTACACAACCTAGGTATAGAATTTCTTAAGAG	4854
Sbjct	4741	4800
Query	4855	AGGTGATAAAAAGTGTATATTACACTAGTAATCCTACCACATTCCACCTAGATGGTGAAGT	4914
Sbjct	4801	4860
Query	4915	TATCACCTTTGACAATCTTAAGACACTTCTTTCTTTGAGAGAAGTGAGGACTATTAAGGT	4974
Sbjct	4861	4920
Query	4975	GTTTACAACAGTAGACAACATTAACCTCCACACGCAAGTTGTGGACATGTCAATGACATA	5034
Sbjct	4921	4980
Query	5035	TGGACAACAGTTTGGTCCAACCTATTGGATGGAGCTGATGTTACTAAAATAAAACCTCA	5094
Sbjct	4981	5040
Query	5095	TAATTCACATGAAGGTAACATTTTATGTTTTACCTAATGATGACACTCTACGTGTTGA	5154
Sbjct	5041	5100
Query	5155	GGCTTTTGAGTACTACCACACAACCTGATCCTAGTTTTCTGGGTAGGTACATGTCAGCATT	5214

Sbjct	5101	5160
Query	5215	AAATCACACTAAAAAGTGGAATACCCACAAGTTAATGGTTTAACTTCTATTAAATGGGC	5274
Sbjct	5161	5220
Query	5275	AGATAACAACCTGTTATCTTGCCACTGCATTGTTAACACTCCAACAAATAGAGTTGAAGTT	5334
Sbjct	5221	5280
Query	5335	TAATCCACCTGCTCTACAAGATGCTTATTACAGAGCAAGGGCTGGTGAAGCTGCTAACTT	5394
Sbjct	5281 G	5340
Query	5395	TTGTGCACTTATCTTAGCCTACTGTAATAAGACAGTAGGTGAGTTAGGTGATGTTAGAGA	5454
Sbjct	5341	5400
Query	5455	AACAATGAGTTACTTGTTC AACATGCCAATTTAGATTCTTGCAAAAGAGTCTTGAACGT	5514
Sbjct	5401	5460
Query	5515	GGTGTGTAAAACCTTGTGGACAACAGCAGACAACCCTTAAGGGTGTAGAAGCTGTTATGTA	5574
Sbjct	5461	5520
Query	5575	CATGGGCACACTTTCTTATGAACAATTTAAGAAAGGTGTTTCAGATACCTTGTACGTGTGG	5634
Sbjct	5521	5580
Query	5635	TAAACAAGCTACAAAATATCTAGTACAACAGGAGTCACCTTTTGTATGATGTCAGCACC	5694
Sbjct	5581	5640
Query	5695	ACCTGCTCAGTATGAACTTAAGCATGGTACATTTACTTGTGCTAGTGAGTACACTGGTAA	5754
Sbjct	5641	5700
Query	5755	TTACCAGTGTGGTCACTATAAACATATAACTTCTAAAGAACTTTGTATTGCATAGACGG	5814
Sbjct	5701	5760
Query	5815	TGCTTTACTTACAAAGTCCTCAGAATACAAAGGTCCTATTACGGATGTTTTCTACAAAGA	5874
Sbjct	5761	5820
Query	5875	AAACAGTTACACAACAACCATAAAAACCAGTTACTTATAAATTGGATGGTGTGTTTGTAC	5934
Sbjct	5821	5880
Query	5935	AGAAATTGACCCTAAGTTGGACAATTATTATAAGAAAGACAATCTTATTTACAGAGCA	5994
Sbjct	5881	5940
Query	5995	ACCAATTGATCTTGTACCAAACCAACCATATCCAAACGCAAGCTTCGATAATTTAAGTT	6054
Sbjct	5941	6000

Query	6055	TGTATGTGATAATATCAAATTTGCTGATGATTTAAACCAGTTAACTGGTTATAAGAAACC	6114
Sbjct	6001	6060
Query	6115	TGCTTCAAGAGAGCTTAAAGTTACATTTTCCCTGACTTAAATGGTGATGTGGTGGCTAT	6174
Sbjct	6061	6120
Query	6175	TGATTATAAACACTACACACCCTCTTTTAAGAAAGGAGCTAAATTGTTACATAAACCTAT	6234
Sbjct	6121	6180
Query	6235	TGTTTGGCATGTTAACAATGCAACTAATAAAGCCACGTATAAACCAAATACCTGGTGTAT	6294
Sbjct	6181	6240
Query	6295	ACGTTGTCTTTGGAGCACAAAACCAGTTGAAACATCAAATTCGTTTGATGTACTGAAGTC	6354
Sbjct	6241	6300
Query	6355	AGAGGACGCGCAGGGAATGGATAATCTTGCCTGCGAAGATCTAAAACCAGTCTCTGAAGA	6414
Sbjct	6301	6360
Query	6415	AGTAGTGAAAATCCTACCATACAGAAAGACGTTCTTGAGTGTAATGTGAAAACCTACCGA	6474
Sbjct	6361	6420
Query	6475	AGTTGTAGGAGACATTATACTTAAACCAGCAAATAATAGTTTAAAAATTACAGAAGAGGT	6534
Sbjct	6421 ---	6477
Query	6535	TGGCCACACAGATCTAATGGCTGCTTATGTAGACAATTCTAGTCTTACTATTAAGAAACC	6594
Sbjct	6478	6537
Query	6595	TAATGAATTATCTAGAGTATTAGGTTTGAAAACCCTTGCTACTCATGGTTTAGCTGCTGT	6654
Sbjct	6538	6597
Query	6655	TAATAGTGTCCCTTGGGATACTATAGCTAATTATGCTAAGCCTTTTCTTAACAAAGTTGT	6714
Sbjct	6598	6657
Query	6715	TAGTACAACACTAACATAGTTACACGGTGTTTAAACCGTGTTTGTACTAATTATATGCC	6774
Sbjct	6658	6717
Query	6775	TTATTTCTTTACTTTATTGCTACAATTGTGTACTTTTACTAGAAGTACAAATTCTAGAAT	6834
Sbjct	6718	6777
Query	6835	TAAAGCATCTATGCCGACTACTATAGCAAAGAATACTGTAAAGAGTGTCGGTAAATTTTG	6894
Sbjct	6778	6837

Query	6895	TCTAGAGGCTTCATTTAATTATTTGAAGTCACCTAATTTTTCTAAACTGATAAATATTAT	6954
Sbjct	6838	6897
Query	6955	AATTTGGTTTTTACTATTAAGTGTTCCTAGGTTCTTTAATCTACTCAACCGCTGCTTT	7014
Sbjct	6898	6957
Query	7015	AGGTGTTTTAATGTCTAATTTAGGCATGCCTTCTTACTGTACTGGTTACAGAGAAGGCTA	7074
Sbjct	6958	7017
Query	7075	TTTGAACCTACTAATGTCACTATTGCAACCTACTGTACTGGTTCTATACCTTGTAGTGT	7134
Sbjct	7018	7077
Query	7135	TTGTCTTAGTGGTTTAGATTCTTTAGACACCTATCCTTCTTTAGAACTATACAAATTAC	7194
Sbjct	7078	7137
Query	7195	CATTTTCATCTTTTAAATGGGATTTAACTGCTTTTGGCTTAGTTGCAGAGTGGTTTTTGGC	7254
Sbjct	7138	7197
Query	7255	ATATATTCTTTTCACTAGGTTTTTCTATGTACTTGGATTGGCTGCAATCATGCAATTGTT	7314
Sbjct	7198	7257
Query	7315	TTTCAGCTATTTTGCAGTACATTTTATTAGTAATTCTTGGCTTATGTGGTTAATAATTAA	7374
Sbjct	7258	7317
Query	7375	TCTTGTACAAAATGGCCCCGATTTTCAGCTATGGTTAGAATGTACATCTTCTTTGCATCATT	7434
Sbjct	7318	7377
Query	7435	TTATTATGTATGGAAAAGTTATGTGCATGTTGTAGACGGTTGTAATTCATCAACTTGTAT	7494
Sbjct	7378	7437
Query	7495	GATGTGTTACAAACGTAATAGAGCAACAAGAGTCGAATGTACAACCTATTGTTAATGGTGT	7554
Sbjct	7438	7497
Query	7555	TAGAAGGTCCTTTTATGTCTATGCTAATGGAGGTAAAGGCTTTTGCAAACCTACACAATTG	7614
Sbjct	7498	7557
Query	7615	GAATTGTGTTAATTGTGATACATTCTGTGCTGGTAGTACATTTATTAGTGATGAAGTTGC	7674
Sbjct	7558	7617
Query	7675	GAGAGACTTGTCACTACAGTTTTAAAAGACCAATAAATCCTACTGACCAGTCTTCTTACAT	7734
Sbjct	7618	7677
Query	7735	CGTTGATAGTGTACAGTGAAGAATGGTTCATCCATCTTTACTTTGATAAAGCTGGTCA	7794

Sbjct	7678	7737
Query	7795	AAAGACTTATGAAAGACATTCTCTCTCATTGTTAACTTAGACAACCTGAGAGCTAA	7854
Sbjct	7738	7797
Query	7855	TAACACTAAAGGTTTCATTGCCTATTAATGTTATAGTTTTTGATGGTAAATCAAATGTGA	7914
Sbjct	7798	7857
Query	7915	AGAATCATCTGCAAAATCAGCGTCTGTTACTACAGTCAGCTTATGTGTCAACCTATACT	7974
Sbjct	7858	7917
Query	7975	GTTACTAGATCAGGCATTAGTGTCTGATGTTGGTGATAGTGC GGAAGTTGCAGTTAAAAT	8034
Sbjct	7918	7977
Query	8035	GTTTGATGCTTACGTTAATACGTTTTTCATCAACTTTTAACGTACCAATGGAAAACTCAA	8094
Sbjct	7978	8037
Query	8095	AACACTAGTTGCAACTGCAGAAGCTGAACTTGCAAAGAATGTGTCCTTAGACAATGTCTT	8154
Sbjct	8038	8097
Query	8155	ATCTACTTTTATTTTCAGCAGCTCGGCAAGGGTTTGTTGATTTCAGATGTAGAACTAAAGA	8214
Sbjct	8098	8157
Query	8215	TGTTGTTGAATGTCTTAAATTGTCACATCAATCTGACATAGAAGTTACTGGCGATAGTTG	8274
Sbjct	8158	8217
Query	8275	TAATAACTATATGCTCACCTATAACAAAAGTTGAAAACATGACACCCCGTGACCTTGGTGC	8334
Sbjct	8218	8277
Query	8335	TTGTATTGACTGTAGTGCGCGTCATATTAATGCGCAGGTAGCAAAAAGTCACAACATTGC	8394
Sbjct	8278 A.	8337
Query	8395	TTTGATATGGAACGTTAAAGATTTTCATGTCATTGTCTGAACAACCTACGAAAACAAATACG	8454
Sbjct	8338	8397
Query	8455	TAGTGCTGCTAAAAAGAATAACTTACCTTTTAAGTTGACATGTGCAACTACTAGACAAGT	8514
Sbjct	8398	8457
Query	8515	TGTTAATGTTGTAACAACAAAGATAGCACTTAAGGGTGGTAAAATTGTTAATAATTGGTT	8574
Sbjct	8458	8517
Query	8575	GAAGCAGTTAATTAAAGTTACACTTGTGTTCCTTTTTGGTTGCTGCTATTTTCTATTTAAT	8634
Sbjct	8518	8577

Query	8635	AACACCTGTTTCATGTCATGTCTAAACATACTGACTTTTTCAAGTGAAATCATAGGATACAA	8694
Sbjct	8578	8637
Query	8695	GGCTATTGATGGTGGTGTCACTCGTGACATAGCATCTACAGATACTTGTTTTGCTAACAA	8754
Sbjct	8638	8697
Query	8755	ACATGCTGATTTTGACACATGGTTTAGCCAGCGTGGTGGTAGTTATACTAATGACAAAGC	8814
Sbjct	8698	8757
Query	8815	TTGCCCATTTGATTGCTGCAGTCATAACAAGAGAAGTGGGTTTTGTCGTCCTGGTTTGCC	8874
Sbjct	8758	8817
Query	8875	TGGCACGATATTACGCACAACCTAATGGTGACTTTTTGCATTTCTTACCTAGAGTTTTTAG	8934
Sbjct	8818	8877
Query	8935	TGCAGTTGGTAACATCTGTTACACACCATCAAACTTATAGAGTACACTGACTTTGCAAC	8994
Sbjct	8878	8937
Query	8995	ATCAGCTTGTGTTTTGGCTGCTGAATGTACAATTTTTAAAGATGCTTCTGGTAAGCCAGT	9054
Sbjct	8938	8997
Query	9055	ACCATATTGTTATGATACCAATGTACTAGAAGGTTCTGTTGCTTATGAAAGTTTACGCCC	9114
Sbjct	8998	9057
Query	9115	TGACACACGTTATGTGCTCATGGATGGCTCTATTATTCAATTTCCCTAACACCTACCTTGA	9174
Sbjct	9058	9117
Query	9175	AGGTTCTGTTAGAGTGGTAACAACCTTTTGATTCTGAGTACTGTAGGCACGGCACTTGTGA	9234
Sbjct	9118	9177
Query	9235	AAGATCAGAAGCTGGTGTGTTGTGTATCTACTAGTGGTAGATGGGTACTTAACAATGATTA	9294
Sbjct	9178	9237
Query	9295	TTACAGATCTTTACCAGGAGTTTTCTGTGGTGTAGATGCTGTAAATTTACTTACTAATAT	9354
Sbjct	9238	9297
Query	9355	GTTTACACCACTAATTCAACCTATTGGTGCTTTGGACATATCAGCATCTATAGTAGCTGG	9414
Sbjct	9298	9357
Query	9415	TGGTATTGTAGCTATCGTAGTAACATGCCTTGCCTACTATTTTATGAGGTTTAGAAGAGC	9474
Sbjct	9358	9417

Query	9475	TTTTGGTGAATACAGTCATGTAGTTGCCTTTAATACTTTACTATTCCTTATGTCATTAC	9534
Sbjct	9418	9477
Query	9535	TGTACTCTGTTTAAACACCAGTTTACTCATTCTTACCTGGTGTATTCTGTTATTTACTT	9594
Sbjct	9478	9537
Query	9595	GTACTTGACATTTTATCTTACTAATGATGTTTCTTTTTTAGCACATATTCAGTGGATGGT	9654
Sbjct	9538	9597
Query	9655	TATGTTACACCTTTAGTACCTTCTGGATAACAATTGCTTATATCATTGTATTCCAC	9714
Sbjct	9598	9657
Query	9715	AAAGCATTTCTATTGGTTCTTTAGTAATTACCTAAAGAGACGTGTAGTCTTTAATGGTGT	9774
Sbjct	9658	9717
Query	9775	TTCCTTTAGTACTTTTGAAGAAGCTGCGCTGTGCACCTTTTTGTAAATAAAGAAATGTA	9834
Sbjct	9718	9777
Query	9835	TCTAAAGTTGCGTAGTGATGTGCTATTACCTCTTACGCAATATAATAGATACTTAGCTCT	9894
Sbjct	9778	9837
Query	9895	TTATAATAAGTACAAGTATTTTAGTGGAGCAATGGATACAACCTAGCTACAGAGAAGCTGC	9954
Sbjct	9838	9897
Query	9955	TTGTTGTCATCTCGCAAAGGCTCTCAATGACTTCAGTAACTCAGGTTCTGATGTTCTTTA	10014
Sbjct	9898	9957
Query	10015	CCAACCACCACAAACCTCTATCACCTCAGCTGTTTTGCAGAGTGGTTTTAGAAAAATGGC	10074
Sbjct	9958 T	10017
Query	10075	ATTCCCATCTGGTAAAGTTGAGGGTTGTATGGTACAAGTAACTTGTGGTACAACCTACACT	10134
Sbjct	10018	10077
Query	10135	TAACGGTCTTTGGCTTGATGACGTAGTTTACTGTCCAAGACATGTGATCTGCACCTCTGA	10194
Sbjct	10078	10137
Query	10195	AGACATGCTTAACCCTAATTATGAAGATTTACTCATTTCGTAAGTCTAATCATAATTTCTT	10254
Sbjct	10138	10197
Query	10255	GGTACAGGCTGGTAATGTTCAACTCAGGGTTATTGGACATTCTATGCAAAATTGTGTACT	10314
Sbjct	10198	10257
Query	10315	TAAGCTTAAGGTTGATACAGCCAATCCTAAGACACCTAAGTATAAGTTTGTTCGCATTCA	10374

Sbjct	10258	10317
Query	10375	ACCAGGACAGACTTTTTTCAGTGTTAGCTTGTTACAATGGTTCACCATCTGGTGTTTACCA	10434
Sbjct	10318	10377
Query	10435	ATGTGCTATGAGGCCCAATTTCACTATTAAGGGTTCATTCCCTAATGGTTCATGTGGTAG	10494
Sbjct	10378 A	10437
Query	10495	TGTTGGTTTTAACATAGATTATGACTGTGTCTCTTTTTGTTACATGCACCATATGGAATT	10554
Sbjct	10438	10497
Query	10555	ACCAACTGGAGTTCATGCTGGCACAGACTTAGAAGGTAACCTTTTATGGACCTTTTGTGTA	10614
Sbjct	10498	10557
Query	10615	CAGGCAAACAGCACAAGCAGCTGGTACGGACACAACCTATTACAGTTAATGTTTTAGCTTG	10674
Sbjct	10558	10617
Query	10675	GTTGTACGCTGCTGTTATAAATGGAGACAGGTGGTTTTCTCAATCGATTTACCACAACCTCT	10734
Sbjct	10618	10677
Query	10735	TAATGACTTTAACCTTGTGGCTATGAAGTACAATTATGAACCTCTAACACAAGACCATGT	10794
Sbjct	10678	10737
Query	10795	TGACATACTAGGACCTCTTTCTGCTCAAACCTGGAATTGCCGTTTTAGATATGTGTGCTTC	10854
Sbjct	10738	10797
Query	10855	ATTAAAAGAATTACTGCAAAATGGTATGAATGGACGTACCATATTGGGTAGTGCTTTATT	10914
Sbjct	10798	10857
Query	10915	AGAAGATGAATTTACACCTTTTGATGTTGTTAGACAATGCTCAGGTGTTACTTTCCAAAG	10974
Sbjct	10858	10917
Query	10975	TGCAGTGAAAAGAACAATCAAGGGTACACACCACTGGTTGTTACTCACAATTTTACTTC	11034
Sbjct	10918	10977
Query	11035	ACTTTTAGTTTTAGTCCAGAGTACTCAATGGTCTTTGTTCTtttttttttGTATGAAAATGC	11094
Sbjct	10978	11037
Query	11095	CTTTTTACCTTTTGCTATGGGTATTATTGCTATGTCTGCTTTTGCAATGATGTTTGTCAA	11154
Sbjct	11038	11097
Query	11155	ACATAAGCATGCATTTCTCTGTTTGTGTTTTGTTACCTTCTCTTGCCACTGTAGCTTATTT	11214
Sbjct	11098	11157

Query	11215	TAATATGGTCTATATGCCTGCTAGTTGGGTGATGCGTATTATGACATGGTTGGATATGGT	11274
Sbjct	11158	11217
Query	11275	TGATACTAGTTTGTCTGGTTTTAAGCTAAAAGACTGTGTTATGTATGCATCAGCTGTAGT	11334
Sbjct	11218 - - - - -	11268
Query	11335	GTTACTAATCCTTATGACAGCAAGAACTGTGTATGATGATGGTGCTAGGAGAGTGTGGAC	11394
Sbjct	11269	11328
Query	11395	ACTTATGAATGTCCTTGACACTCGTTTATAAAGTTTATTATGGTAATGCTTTAGATCAAGC	11454
Sbjct	11329	11388
Query	11455	CATTTCCATGTGGGCTCTTATAATCTCTGTTACTTCTAACTACTCAGGTGTAGTTACAAC	11514
Sbjct	11389	11448
Query	11515	TGTCATGTTTTTGGCCAGAGGTATTGTTTTTATGTGTGTTGAGTATTGCCCTATTTTCTT	11574
Sbjct	11449 G	11508
Query	11575	CATAACTGGTAATACACTTCAGTGTATAATGCTAGTTTATTGTTTCTTAGGCTATTTTTG	11634
Sbjct	11509	11568
Query	11635	TACTTGTTACTTTGGCCTCTTTTGTCTTACTCAACCGCTACTTTAGACTGACTCTTGGTGT	11694
Sbjct	11569	11628
Query	11695	TTATGATTACTTAGTTTCTACACAGGAGTTTAGATATATGAATTCACAGGGACTACTCCC	11754
Sbjct	11629	11688
Query	11755	ACCCAAGAATAGCATAGATGCCTTCAAACCTCAACATTAAATTGTTGGGTGTTGGTGGCAA	11814
Sbjct	11689	11748
Query	11815	ACCTTGTATCAAAGTAGCCACTGTACAGTCTAAAATGTCAGATGTAAAGTGCACATCAGT	11874
Sbjct	11749	11808
Query	11875	AGTCTTACTCTCAGTTTTGCAACAACCTCAGAGTAGAATCATCATCTAAATTGTGGGCTCA	11934
Sbjct	11809	11868
Query	11935	ATGTGTCCAGTTACACAATGACATTCTCTTAGCTAAAGATACTACTGAAGCCTTTGAAAA	11994
Sbjct	11869	11928
Query	11995	AATGGTTTCACTACTTTCTGTTTTGCTTTCATGCAGGGTGCTGTAGACATAAACAAGCT	12054
Sbjct	11929	11988

Query	12055	TTGTGAAGAAATGCTGGACAACAGGGCAACCTTACAAGCTATAGCCTCAGAGTTTAGTTC	12114
Sbjct	11989	12048
Query	12115	CCTTCCATCATATGCAGCTTTTGTACTGCTCAAGAAGCTTATGAGCAGGCTGTTGCTAA	12174
Sbjct	12049	12108
Query	12175	TGGTGATTCTGAAGTTGTTCTTAAAAAGTTGAAGAAGTCTTTGAATGTGGCTAAATCTGA	12234
Sbjct	12109	12168
Query	12235	ATTTGACCGTGATGCAGCCATGCAACGTAAGTTGGAAAAGATGGCTGATCAAGCTATGAC	12294
Sbjct	12169	12228
Query	12295	CCAAATGTATAAACAGGCTAGATCTGAGGACAAGAGGGCAAAAAGTTACTAGTGCTATGCA	12354
Sbjct	12229	12288
Query	12355	GACAATGCTTTTCACTATGCTTAGAAAGTTGGATAATGATGCACTCAACAACATTATCAA	12414
Sbjct	12289	12348
Query	12415	CAATGCAAGAGATGGTTGTGTTCCCTTGAACATAATACCTCTTACAACAGCAGCCAAACT	12474
Sbjct	12349	12408
Query	12475	AATGGTTGTCATACCAGACTATAACACATATAAAAATACGTGTGATGGTACAACATTTAC	12534
Sbjct	12409	12468
Query	12535	TTATGCATCAGCATTGTGGGAAATCCAACAGGTTGTAGATGCAGATAGTAAAATTGTTCA	12594
Sbjct	12469	12528
Query	12595	ACTTAGTGAAAATTAGTATGGACAATTCACCTAATTTAGCATGGCCTCTTATTGTAACAGC	12654
Sbjct	12529	12588
Query	12655	TTTAAGGGCCAATTCTGCTGTCAAATTACAGAATAATGAGCTTAGTCCTGTTGCACTACG	12714
Sbjct	12589	12648
Query	12715	ACAGATGTCTTGTGCTGCCGGTACTACACAACTGCTTGCACTGATGACAATGCGTTAGC	12774
Sbjct	12649	12708
Query	12775	TTACTACAACACAACAAAGGGAGGTAGGTTTGTACTTGCACTGTTATCCGATTTACAGGA	12834
Sbjct	12709	12768
Query	12835	TTTGAAATGGGCTAGATTCCCTAAGAGTGATGGAAGTGGTACTATCTATACAGAACTGGA	12894
Sbjct	12769	12828
Query	12895	ACCACCTTGTAGGTTTGTACAGACACACCTAAAGTCTAAAGTGAAGTATTTATACTT	12954

Sbjct	12829	12888
Query	12955	TATTAAAGGATTAAACAACCTAAATAGAGGTATGGTACTTGGTAGTTTAGCTGCCACAGT	13014
Sbjct	12889	12948
Query	13015	ACGTCTACAAGCTGGTAATGCAACAGAAGTGCCTGCCAATTCAACTGTATTATCTTTCTG	13074
Sbjct	12949	13008
Query	13075	TGCTTTTGCTGTAGATGCTGCTAAAGCTTACAAAGATTATCTAGCTAGTGGGGGACAACC	13134
Sbjct	13009	13068
Query	13135	AATCACTAATTGTGTTAAGATGTTGTGTACACACACTGGTACTGGTCAGGCAATAACAGT	13194
Sbjct	13069	13128
Query	13195	TACACCGGAAGCCAATATGGATCAAGAATCCTTTGGTGGTGCATCGTGTGTCTGTACTG	13254
Sbjct	13129	C	13188
Query	13255	CCGTTGCCACATAGATCATCCAAATCCTAAAGGATTTTGTGACTTAAAAGGTAAGTATGT	13314
Sbjct	13189	13248
Query	13315	ACAAATACCTACAACCTGTGCTAATGACCCTGTGGGTTTTACACTTAAAAACACAGTCTG	13374
Sbjct	13249	13308
Query	13375	TACCGTCTGCGGTATGTGGAAAGGTTATGGCTGTAGTTGTGATCAACTCCGCGAACCCAT	13434
Sbjct	13309	13368
Query	13435	GCTTCAGTCAGCTGATGCACAATCGTTTTTAAACGGGTTTGCGGTGTAAGTGCAGCCCGT	13494
Sbjct	13369	13428
Query	13495	CTTACACCGTGCGGCACAGGCACTAGTACTGATGTCGTATACAGGGCTTTTGACATCTAC	13554
Sbjct	13429	13488
Query	13555	AATGATAAAGTAGCTGGTTTTGCTAAATTCCTAAAACTAATTGTTGTCGCTTCCAAGAA	13614
Sbjct	13489	13548
Query	13615	AAGGACGAAGATGACAATTTAATTGATTCTTACTTTGTAGTTAAGAGACACACTTTCTCT	13674
Sbjct	13549	13608
Query	13675	AACTACCAACATGAAGAAACAATTTATAATTTACTTAAGGATTGTCCAGCTGTTGCTAAA	13734
Sbjct	13609	13668
Query	13735	CATGACTTCTTTAAGTTTAGAATAGACGGTGACATGGTACCACATATATCACGTCAACGT	13794
Sbjct	13669	13728

Query	13795	CTTACTAAATACACAATGGCAGACCTCGTCTATGCTTTAAGGCATTTTGATGAAGGTAAT	13854
Sbjct	13729	13788
Query	13855	TGTGACACATTAAAAGAAATACTTGTACATACAATTGTTGTGATGATGATTATTTCAAT	13914
Sbjct	13789	13848
Query	13915	AAAAAGGACTGGTATGATTTTGTAGAAAACCCAGATATATTACGCGTATACGCCAACTTA	13974
Sbjct	13849	13908
Query	13975	GGTGAACGTGTACGCCAAGCTTTGTTAAAAACAGTACAATTCTGTGATGCCATGCGAAAT	14034
Sbjct	13909	13968
Query	14035	GCTGGTATTGTTGGTGTACTGACATTAGATAATCAAGATCTCAATGGTAACTGGTATGAT	14094
Sbjct	13969	14028
Query	14095	TTCGGTGATTTTCATACAAACCACGCCAGGTAGTGGAGTTCCTGTTGTAGATTCTTATTAT	14154
Sbjct	14029	14088
Query	14155	TCATTGTTAATGCCTATATTAACCTTGACCAGGGCTTTAACTGCAGAGTCACATGTTGAC	14214
Sbjct	14089	14148
Query	14215	ACTGACTTAACAAAGCCTTACATTAAGTGGGATTTGTTAAAAATATGACTTCACGGAAGAG	14274
Sbjct	14149	14208
Query	14275	AGGTAAAACTCTTTGACCGTTATTTTAAATATTGGGATCAGACATACCACCCAAATTGT	14334
Sbjct	14209	14268
Query	14335	GTAACTGTTTGGATGACAGATGCATTCTGCATTGTGCAAACCTTAAATGTTTTATTCTCT	14394
Sbjct	14269	14328
Query	14395	ACAGTGTTCCACCTACAAGTTTTGGACCACTAGTGAGAAAAATATTTGTTGATGGTGTT	14454
Sbjct	14329 T	14388
Query	14455	CCATTTGTAGTTTCAACTGGATAACCACTTCAGAGAGCTAGGTGTTGTACATAATCAGGAT	14514
Sbjct	14389	14448
Query	14515	GTAACTTACATAGCTCTAGACTTAGTTTTAAGGAATTACTTGTGTATGCTGCTGACCCT	14574
Sbjct	14449	14508
Query	14575	GCTATGCACGCTGCTTCTGGTAATCTATTACTAGATAAACGCACTACGTGCTTTTCAGTA	14634
Sbjct	14509	14568

Query	14635	GCTGCACTTACTAACAATGTTGCTTTTCAAACGTCAAACCCGGTAATTTTAACAAAGAC	14694
Sbjct	14569	14628
Query	14695	TTCTATGACTTTGCTGTGTCTAAGGGTTCTTTAAGGAAGGAAGTTCTGTTGAATTAAAA	14754
Sbjct	14629	14688
Query	14755	CACTTCTTCTTTGCTCAGGATGGTAATGCTGCTATCAGCGATTATGACTACTATCGTTAT	14814
Sbjct	14689	14748
Query	14815	AATCTACCAACAATGTGTGATATCAGACAACACTACTATTTGTAGTTGAAGTTGTTGATAAG	14874
Sbjct	14749	14808
Query	14875	TACTTTGATTGTTACGATGGTGGCTGTATTAATGCTAACCAAGTCATCGTCAACAACCTA	14934
Sbjct	14809	14868
Query	14935	GACAAATCAGCTGGTTTTCCATTTAATAAATGGGGTAAGGCTAGACTTTATTATGATTCA	14994
Sbjct	14869	14928
Query	14995	ATGAGTTATGAGGATCAAGATGCACTTTTCGCATATACAAAACGTAATGTCATCCCTACT	15054
Sbjct	14929	14988
Query	15055	ATAACTCAAATGAATCTTAAGTATGCCATTAGTGCAAAGAATAGAGCTCGCACCGTAGCT	15114
Sbjct	14989	15048
Query	15115	GGTGTCTCTATCTGTAGTACTATGACCAATAGACAGTTTCATCAAAAATTATTGAAATCA	15174
Sbjct	15049	15108
Query	15175	ATAGCCGCCACTAGAGGAGCTACTGTAGTAATTGGAACAAGCAAATTCTATGGTGGTTGG	15234
Sbjct	15109	15168
Query	15235	CACAACATGTTAAAAACTGTTTATAGTGATGTAGAAAACCCCTCACCTTATGGGTTGGGAT	15294
Sbjct	15169 T	15228
Query	15295	TATCCTAAATGTGATAGAGCCATGCCTAACATGCTTAGAATTATGGCCTCACTTGTTCTT	15354
Sbjct	15229	15288
Query	15355	GCTCGCAAACATACAACGTGTTGTAGCTTGTACACCGTTTCTATAGATTAGCTAATGAG	15414
Sbjct	15289	15348
Query	15415	TGTGCTCAAGTATTGAGTGAAATGGTCATGTGTGGCGTTTCACTATATGTTAAACCAGGT	15474
Sbjct	15349	15408
Query	15475	GGAACCTCATCAGGAGATGCCACAACCTGCTTATGCTAATAGTGTTTTAAACATTTGTCAA	15534

Sbjct	15409	15468
Query	15535	GCTGTCACGGCCAATGTTAATGCACTTTTATCTACTGATGGTAACAAAATTGCCGATAAG	15594
Sbjct	15469	15528
Query	15595	TATGTCCGCAATTTACAACACAGACTTTATGAGTGTCTCTATAGAAATAGAGATGTTGAC	15654
Sbjct	15529	15588
Query	15655	ACAGACTTTGTGAATGAGTTTTACGCATATTTGCGTAAACATTTCTCAATGATGATACTC	15714
Sbjct	15589	15648
Query	15715	TCTGACGATGCTGTTGTGTGTTTCAATAGCACTTATGCATCTCAAGGTCTAGTGGCTAGC	15774
Sbjct	15649	15708
Query	15775	ATAAAGAACTTTAAGTCAGTTCTTTATTATCAAACAATGTTTTTATGTCTGAAGCAAAA	15834
Sbjct	15709	15768
Query	15835	TGTTGGACTGAGACTGACCTTACTAAAGGACCTCATGAATTTTGCTCTCAACATACAATG	15894
Sbjct	15769	15828
Query	15895	CTAGTTAAACAGGGTGATGATTATGTGTACCTTCCTTACCCAGATCCATCAAGAATCCTA	15954
Sbjct	15829	15888
Query	15955	GGGGCCGGCTGTTTTGTAGATGATATCGTAAAAACAGATGGTACACTTATGATTGAACGG	16014
Sbjct	15889	15948
Query	16015	TTCGTGTCTTTAGCTATAGATGCTTACCCACTTACTAAACATCCTAATCAGGAGTATGCT	16074
Sbjct	15949	16008
Query	16075	GATGTCTTTCATTTGTACTTACAATACATAAGAAAGCTACATGATGAGTTAACAGGACAC	16134
Sbjct	16009	16068
Query	16135	ATGTTAGACATGTATTCTGTTATGCTTACTAATGATAACACTTCAAGGTATTGGGAACCT	16194
Sbjct	16069	16128
Query	16195	GAGTTTTATGAGGCTATGTACACACCGCATAACAGTCTTACAGGCTGTTGGGGCTTGTGTT	16254
Sbjct	16129	16188
Query	16255	CTTTGCAATTCACAGACTTCATTAAGATGTGGTGCTTGCATACGTAGACCATTCTTATGT	16314
Sbjct	16189	16248
Query	16315	TGTAAATGCTGTTACGACCATGTCATATCAACATCACATAAATTAGTCTTGTCTGTTAAT	16374
Sbjct	16249	16308

Query	16375	CCGTATGTTTGCAATGCTCCAGGTTGTGATGTCACAGATGTGACTCAACTTTACTTAGGA	16434
Sbjct	16309	16368
Query	16435	GGTATGAGCTATTATTGTAAATCACATAAACCACCCATTAGTTTCCATTGTGTGCTAAT	16494
Sbjct	16369	16428
Query	16495	GGACAAGTTTTTGGTTTATATAAAAAATACATGTGTTGGTAGCGATAATGTTACTGACTTT	16554
Sbjct	16429	16488
Query	16555	AATGCAATTGCAACATGTGACTGGACAAATGCTGGTGATTACATTTTAGCTAACACCTGT	16614
Sbjct	16489	16548
Query	16615	ACTGAAAGACTCAAGCTTTTTGCAGCAGAAACGCTCAAAGCTACTGAGGAGACATTTAAA	16674
Sbjct	16549	16608
Query	16675	CTGTCTTATGGTATTGCTACTGTACGTGAAGTGCTGTCTGACAGAGAATTACATCTTTCA	16734
Sbjct	16609	16668
Query	16735	TGGGAAGTTGGTAAACCTAGACCACCACTTAACCGAAATTATGTCTTTACTGGTTATCGT	16794
Sbjct	16669	16728
Query	16795	GTAACATAAAACAGTAAAGTACAAATAGGAGAGTACACCTTTGAAAAAGGTGACTATGGT	16854
Sbjct	16729	16788
Query	16855	GATGCTGTTGTTTACCGAGGTACAACAACCTTACAAATTAATGTTGGTGATTATTTTGTG	16914
Sbjct	16789	16848
Query	16915	CTGACATCACATACAGTAATGCCATTAAGTGCACCTACACTAGTGCCACAAGAGCACTAT	16974
Sbjct	16849	16908
Query	16975	GTTAGAATTACTGGCTTATACCCAACACTCAATATCTCAGATGAGTTTTCTAGCAATGTT	17034
Sbjct	16909	16968
Query	17035	GCAAATTATCAAAAGGTTGGTATGCAAAAGTATTCTACACTCCAGGGACCACCTGGTACT	17094
Sbjct	16969	17028
Query	17095	GGTAAGAGTCATTTTGCTATTGGCCTAGCTCTCTACTACCCTTCTGCTCGCATAGTGTAT	17154
Sbjct	17029	17088
Query	17155	ACAGCTTGCTCTCATGCCGCTGTTGATGCACTATGTGAGAAGGCATTAATAATTTGCCT	17214
Sbjct	17089	17148

Query	17215	ATAGATAAAATGTAGTAGAATTATACCTGCACGTGCTCGTGTAGAGTGTTTTGATAAAATTC	17274
Sbjct	17149	17208
Query	17275	AAAGTGAATTCAACATTAGAACAGTATGTCTTTTGTACTGTAAATGCATTGCCTGAGACG	17334
Sbjct	17209	17268
Query	17335	ACAGCAGATATAGTTGTCTTTGATGAAATTTCAATGGCCACAAATTATGATTTGAGTGTT	17394
Sbjct	17269	17328
Query	17395	GTCAATGCCAGATTACGTGCTAAGCACTATGTGTACATTGGCGACCCTGCTCAATTACCT	17454
Sbjct	17329	17388
Query	17455	GCACCACGCACATTGCTAACTAAGGGCACACTAGAACCAGAATATTTCAATTCAGTGTGT	17514
Sbjct	17389	17448
Query	17515	AGACTTATGAAAACCTATAGGTCCAGACATGTTCCCTCGGAACTTGTCGGCGTTGTCCTGCT	17574
Sbjct	17449	17508
Query	17575	GAAATTGTTGACACTGTGAGTGCTTTGGTTTATGATAATAAGCTTAAAGCACATAAAGAC	17634
Sbjct	17509	17568
Query	17635	AAATCAGCTCAATGCTTTAAAATGTTTTATAAGGGTGTTATCACGCATGATGTTTCATCT	17694
Sbjct	17569	17628
Query	17695	GCAATTAACAGGCCACAAATAGGCGTGGTAAGAGAATTCCTTACACGTAACCCTGCTTGG	17754
Sbjct	17629	17688
Query	17755	AGAAAAGCTGTCTTTATTTACCTTATAATTCACAGAATGCTGTAGCCTCAAAGATTTTG	17814
Sbjct	17689	17748
Query	17815	GGACTACCAACTCAAACCTGTTGATTCATCACAGGGCTCAGAATATGACTATGTCATATTC	17874
Sbjct	17749	17808
Query	17875	ACTCAAACCACTGAAACAGCTCACTCTTGTAATGTAAACAGATTTAATGTTGCTATTACC	17934
Sbjct	17809	17868
Query	17935	AGAGCAAAAAGTAGGCATACTTTGCATAATGTCTGATAGAGACCTTTATGACAAGTTGCAA	17994
Sbjct	17869	17928
Query	17995	TTTACAAGTCTTGAAATTCACGTAGGAATGTGGCAACTTTACAAGCTGAAAATGTAACA	18054
Sbjct	17929	17988
Query	18055	GGACTCTTTAAAGATTGTAGTAAGGTAATCACTGGGTTACATCCTACACAGGCACCTACA	18114

Sbjct	17989	18048
Query	18115	CACCTCAGTGTGACACTAAATTCAAACCTGAAGGTTTATGTGTTGACATACCTGGCATA	18174
Sbjct	18049 G	18108
Query	18175	CCTAAGGACATGACCTATAGAAGACTCATCTCTATGATGGGTTTTAAAATGAATTATCAA	18234
Sbjct	18109	18168
Query	18235	GTTAATGGTTACCCTAACATGTTTATCACCCGCGAAGAAGCTATAAGACATGTACGTGCA	18294
Sbjct	18169	18228
Query	18295	TGGATTGGCTTCGATGTTCGAGGGGTGTCATGCTACTAGAGAAGCTGTTGGTACCAATTTA	18354
Sbjct	18229	18288
Query	18355	CCTTTACAGCTAGGTTTTCTACAGGTGTTAACCTAGTTGCTGTACCTACAGTTATGTT	18414
Sbjct	18289	18348
Query	18415	GATACACCTAATAATACAGATTTTTCCAGAGTTAGTGCTAAACCACCGCCTGGAGATCAA	18474
Sbjct	18349	18408
Query	18475	TTTAAACACCTCATACCACTTATGTACAAAGGACTTCCTTGGAAATGTAGTGCGTATAAAG	18534
Sbjct	18409	18468
Query	18535	ATTGTACAAATGTTAAGTGACACACTTAAAAATCTCTCTGACAGAGTCGTATTTGTCTTA	18594
Sbjct	18469	18528
Query	18595	TGGGCACATGGCTTTGAGTTGACATCTATGAAGTATTTTGTGAAAATAGGACCTGAGCGC	18654
Sbjct	18529	18588
Query	18655	ACCTGTTGTCTATGTGATAGACGTGCCACATGCTTTTCCACTGCTTCAGACACTTATGCC	18714
Sbjct	18589	18648
Query	18715	TGTTGGCATCATTCTATTGGATTTGATTACGTCTATAATCCGTTTATGATTGATGTTCAA	18774
Sbjct	18649	18708
Query	18775	CAATGGGGTTTTACAGGTAACCTACAAAGCAACCATGATCTGTATTGTCAAGTCCATGGT	18834
Sbjct	18709	18768
Query	18835	AATGCACATGTAGCTAGTTGTGATGCAATCATGACTAGGTGTCTAGCTGTCCACGAGTGC	18894
Sbjct	18769	18828
Query	18895	TTTGTTAAGCGTGTGACTGGACTATTGAATATCCTATAATTGGTGATGAACTGAAGATT	18954
Sbjct	18829	18888

Query	18955	AATGCGGCTTGTAGAAAGGTTCAACACATGGTTGTTAAAGCTGCATTATTAGCAGACAAA	19014
Sbjct	18889	18948
Query	19015	TTCCCAGTTCTTCACGACATTGGTAACCCTAAAGCTATTAAGTGTGTACCTCAAGCTGAT	19074
Sbjct	18949	19008
Query	19075	GTAGAATGGAAGTTCCTATGATGCACAGCCTTGTAGTGACAAAGCTTATAAAATAGAAGAA	19134
Sbjct	19009	19068
Query	19135	TTATTCTATTCTTATGCCACACATTCTGACAAATTCACAGATGGTGTATGCCTATTTTGG	19194
Sbjct	19069	19128
Query	19195	AATTGCAATGTCGATAGATATCCTGCTAATTCATTGTTTGTAGATTTGACACTAGAGTG	19254
Sbjct	19129	19188
Query	19255	CTATCTAACCTTAACTTGCCTGGTTGTGATGGTGGCAGTTTGTATGTAAATAAACATGCA	19314
Sbjct	19189	19248
Query	19315	TTCCACACACCAGCTTTTGATAAAAAGTGCTTTTGTTAATTTAAAACAATTACCATTTTTC	19374
Sbjct	19249	19308
Query	19375	TATTACTCTGACAGTCCATGTGAGTCTCATGGAAAACAAGTAGTGTCAGATATAGATTAT	19434
Sbjct	19309	19368
Query	19435	GTACCACTAAAGTCTGCTACGTGTATAACACGTTGCAATTTAGGTGGTGTCTGTGTAGA	19494
Sbjct	19369	19428
Query	19495	CATCATGCTAATGAGTACAGATTGTATCTCGATGCTTATAACATGATGATCTCAGCTGGC	19554
Sbjct	19429	19488
Query	19555	TTTAGCTTGTGGGTTTACAAACAATTTGATACTTATAACCTCTGGAACACTTTTACAAGA	19614
Sbjct	19489	19548
Query	19615	CTTCAGAGTTTAGAAAATGTGGCTTTTAATGTTGTAAATAAGGGACACTTTGATGGACAA	19674
Sbjct	19549	19608
Query	19675	CAGGGTGAAGTACCAGTTTCTATCATTAATAACACTGTTTACACAAAAGTTGATGGTGTT	19734
Sbjct	19609	19668
Query	19735	GATGTAGAATTGTTTGAAAATAAAACAACATTACCTGTTAATGTAGCATTGAGCTTTGG	19794
Sbjct	19669	19728

Query	19795	GCTAAGCGCAACATTAACCAGTACCAGAGGTGAAAATACTCAATAATTTGGGTGTGGAC	19854
Sbjct	19729	19788
Query	19855	ATTGCTGCTAATACTGTGATCTGGGACTACAAAAGAGATGCTCCAGCACATATATCTACT	19914
Sbjct	19789	19848
Query	19915	ATTGGTGTGTTTCTATGACTGACATAGCCAAGAAACCAACTGAAACGATTTGTGCACCA	19974
Sbjct	19849	19908
Query	19975	CTCACTGTCTTTTTTGATGGTAGAGTTGATGGTCAAGTAGACTTATTTAGAAATGCCCGT	20034
Sbjct	19909	19968
Query	20035	AATGGTGTCTTATTACAGAAGGTAGTGTTAAAGGTTTACAACCATCTGTAGGTCCCAA	20094
Sbjct	19969	20028
Query	20095	CAAGCTAGTCTTAATGGAGTCACATTAATTGGAGAAGCCGTAAAAACACAGTTCAATTAT	20154
Sbjct	20029	20088
Query	20155	TATAAGAAAGTTGATGGTGTGTCCAACAATTACCTGAAACTTACTTTACTCAGAGTAGA	20214
Sbjct	20089	20148
Query	20215	AATTTACAAGAATTTAAACCCAGGAGTCAAATGGAAATTGATTTCTTAGAATTAGCTATG	20274
Sbjct	20149	20208
Query	20275	GATGAATTCATTGAACGGTATAAATTAGAAGGCTATGCCTTCGAACATATCGTTTATGGA	20334
Sbjct	20209	20268
Query	20335	GATTTTAGTCATAGTCAGTTAGGTGGTTTACATCTACTGATTGGACTAGCTAAACGTTTT	20394
Sbjct	20269	20328
Query	20395	AAGGAATCACCTTTTGAATTAGAAGATTTTATTCCATATGGACAGTACAGTTAAAACTAT	20454
Sbjct	20329	20388
Query	20455	TTCATAACAGATGCGCAAACAGGTTTCATCTAAGTGTGTGTGTTCTGTTATTGATTTATTA	20514
Sbjct	20389	20448
Query	20515	CTTGATGATTTTGTGAAATAATAAAATCCCAAGATTTATCTGTAGTTTCTAAGGTTGTC	20574
Sbjct	20449	20508
Query	20575	AAAGTGA CTATTGACTATACAGAAATTCATTTATGCTTTGGTGTAAAGATGGCCATGTA	20634
Sbjct	20509	20568
Query	20635	GAAACATTTTACCCAAAATTACAATCTAGTCAAGCGTGGCAACCGGGTGTGCTATGCCT	20694

Sbjct	20569	20628
Query	20695	AATCTTTACAAAATGCAAAGAATGCTATTAGAAAAGTGTGACCTTCAAAATTATGGTGAT	20754
Sbjct	20629	20688
Query	20755	AGTGCAACATTACCTAAAGGCATAATGATGAATGTCGCAAAATATACTCAACTGTGTCAA	20814
Sbjct	20689	20748
Query	20815	TATTTAAACACATTAACATTAGCTGTACCCTATAATATGAGAGTTATACATTTTGGTGCT	20874
Sbjct	20749	20808
Query	20875	GGTTCTGATAAAGGAGTTGCACCAGGTACAGCTGTTTTAAGACAGTGGTTGCCTACGGGT	20934
Sbjct	20809	20868
Query	20935	ACGCTGCTTGTTCGATTTCAGATCTTAATGACTTTGTCTCTGATGCAGATTCAACTTTGATT	20994
Sbjct	20869	20928
Query	20995	GGTGATTGTGCAACTGTACATACAGCTAATAAATGGGATCTCATTATTAGTGATATGTAC	21054
Sbjct	20929	20988
Query	21055	GACCCTAAGACTAAAAATGTTACAAAAGAAAATGACTCTAAAGAGGGTTTTTTCACTTAC	21114
Sbjct	20989	21048
Query	21115	ATTTGTGGGTTTATACAACAAAAGCTAGCTCTTGGAGGTTCCGTGGCTATAAAGATAACA	21174
Sbjct	21049	21108
Query	21175	GAACATTCTTGGAAATGCTGATCTTTATAAGCTCATGGGACACTTCGCATGGTGGACAGCC	21234
Sbjct	21109	21168
Query	21235	TTTGTTACTAATGTGAATGCGTCATCATCTGAAGCATTTTTAATTGGATGTAATTATCTT	21294
Sbjct	21169	21228
Query	21295	GGCAAACCACGCGAACAATAAGATGGTTATGTCATGCATGCAAAATACATATTTTGGAGG	21354
Sbjct	21229	21288
Query	21355	AATACAAATCCAATTCAGTTGTCTTCCTATTCTTTATTTGACATGAGTAAATTTCCCTT	21414
Sbjct	21289	21348
Query	21415	AAATTAAGGGGTACTGCTGTTATGTCTTTAAAAGAAGGTCAAATCAATGATATGATTTTA	21474
Sbjct	21349	21408
Query	21475	TCTCTTCTTAGTAAAGGTAGACTTATAATTAGAGAAAACAACAGAGTTGTTATTTCTAGT	21534
Sbjct	21409	21468

Query	21535	GATGTTCTTGTTAACAACCTAAACGAACAATGTTTGTGTTTTCTTGTTTTATTGCCACTAGT	21594
Sbjct	21469	21528
Query	21595	CTCTAGTCAGTGTGTTAATCTTACAACCAGAACTCAATTACCCCTGCATACACTAATTC	21654
Sbjct	21529	21588
Query	21655	TTTCACACGTGGTGTGTTTATTACCCTGACAAAAGTTTTTCAGATCCTCAGTTTTACATTCAAC	21714
Sbjct	21589	21648
Query	21715	TCAGGACTTGTTCTTACCTTTCTTTTCCAATGTTACTTGGTTCCATGCTATAACATGTCTC	21774
Sbjct	21649-.-.----	21702
Query	21775	TGGGACCAATGGTACTAAGAGGTTTGATAACCCTGTCCTACCATTTAATGATGGTGTGTTA	21834
Sbjct	21703	21762
Query	21835	TTTTGCTTCCACTGAGAAGTCTAACATAATAAGAGGCTGGATTTTTGGTACTACTTTAGA	21894
Sbjct	21763 T	21822
Query	21895	TTCGAAGACCCAGTCCCTACTTATTGTTAATAACGCTACTAATGTTGTTATTAAAGTCTG	21954
Sbjct	21823	21882
Query	21955	TGAATTTCAATTTTGTAATGATCCATTTTGGGTGTTTATTACCACAAAAACAACAAAAG	22014
Sbjct	21883-----	21933
Query	22015	TTGGATGGAAAAGTGAGTTCAGAGTTTATTCTAGTGCGAATAATTGCACCTTTTGAATATGT	22074
Sbjct	21934	21993
Query	22075	CTCTCAGCCTTTTCTTATGGACCTTGAAGGAAAACAGGGTAATTTCAAAAATCTTAGGGA	22134
Sbjct	21994	22053
Query	22135	ATTTGTGTTAAGAATATTGATGGTTATTTTAAAATATATTCTAAGCACACGCCTATTA-	22193
Sbjct	22054 T	22113
Query	22194	ATTTAGTG--C--GT-GATCTCCCTCAGGGTTTTTCGGCTTTAGAACCATTGGTAGATTT	22248
Sbjct	22114	.G.GC...AG.CA.AA	22173
Query	22249	GCCAATAGGTATTAACATCACTAGGTTTCAAACCTTACTTGCTTTACATAGAAGTTATTT	22308
Sbjct	22174	22233
Query	22309	GACTCCTGGTGATTCTTCTTCAGGTGGACAGCTGGTGTGCAGCTTATTATGTGGGTTA	22368
Sbjct	22234	22293

Query	22369	TCTTCAACCTAGGACTTTTCTATTAAAAATATAATGAAAATGGAACCATTACAGATGCTGT	22428
Sbjct	22294	22353
Query	22429	AGACTGTGCACTTGACCCTCTCTCAGAAACAAAGTGTACGTTGAAATCCTTCACTGTAGA	22488
Sbjct	22354	22413
Query	22489	AAAAGGAATCTATCAAACCTTCTAACTTTAGAGTCCAACCAACAGAATCTATTGTTAGATT	22548
Sbjct	22414	22473
Query	22549	TCCTAATATTACAACTTGTGCCCTTTTGGTGAAGTTTTTAACGCCACCAGATTTGCATC	22608
Sbjct	22474 A	22533
Query	22609	TGTTTATGCTTGGAACAGGAAGAGAATCAGCAACTGTGTTGCTGATTATTCTGTCTATA	22668
Sbjct	22534	22593
Query	22669	TAATTCCGCATCATTTTCCACTTTTAAGTGTATGGAGTGTCTCCTACTAAATTAAATGA	22728
Sbjct	22594 CT C T	22653
Query	22729	TCTCTGCTTTACTAATGTCTATGCAGATTCATTTGTAATTAGAGGTGATGAAGTCAGACA	22788
Sbjct	22654	22713
Query	22789	AATCGCTCCAGGGCAAACCTGGAAAGATTGCTGATTATAATTATAAATTACCAGATGATTT	22848
Sbjct	22714 T	22773
Query	22849	TACAGGCTGCGTTATAGCTTGAATCTAACAATCTTGATTCTAAGGTTGGTGGTAATTA	22908
Sbjct	22774 G A	22833
Query	22909	TAATTACCTGTATAGATTGTTTAGGAAGTCTAATCTCAAACCTTTTGAGAGAGATATTC	22968
Sbjct	22834	22893
Query	22969	AACTGAAATCTATCAGGCCGGTAGCACACCTTGTAATGGTGTGAAGGTTTAAATTGTTA	23028
Sbjct	22894 A .. A C	22953
Query	23029	CTTTCCTTTACAATCATATGGTTTCCAACCCACTAATGGTGTGGTTACCAACCATACAG	23088
Sbjct	22954 G A G T C	23013
Query	23089	AGTAGTAGTACTTTCTTTTGAACCTTCTACATGCACCAGCAACTGTTTGTGGACCTAAAAA	23148
Sbjct	23014	23073
Query	23149	GTCTACTAATTTGGTTAAAAACAAATGTGTCAATTTCAACTTCAATGGTTTAAACAGGCAC	23208
Sbjct	23074 A	23133
Query	23209	AGGTGTTCTTACTGAGTCTAACAAAAAGTTTCTGCCTTTCCAACAATTTGGCAGAGACAT	23268

Sbjct	23134	23193
Query	23269	TGCTGACACTACTGATGCTGTCCGTGATCCACAGACACTTGAGATTCTTGACATTACACC	23328
Sbjct	23194	23253
Query	23329	ATGTTCTTTTGGTGGTGTGTCAGTGTATAACACCAGGAACAAATACTTCTAACCAGGTTGC	23388
Sbjct	23254	23313
Query	23389	TGTTCTTTATCAGGATGTTAACTGCACAGAAGTCCCTGTTGCTATTCATGCAGATCAACT	23448
Sbjct	23314 G	23373
Query	23449	TACTCCTACTTGGCGTGTATTCTACAGGTTCTAATGTTTTTCAAACACGTGCAGGCTG	23508
Sbjct	23374	23433
Query	23509	TTTAATAGGGGCTGAACATGTCAACAACCTCATATGAGTGTGACATACCCATTGGTGCAGG	23568
Sbjct	23434 T	23493
Query	23569	TATATGCGCTAGTTATCAGACTCAGACTAATTCTCCTCGGCGGGCACGTAGTGTAGCTAG	23628
Sbjct	23494 G A	23553
Query	23629	TCAATCCATCATTGCCTACACTATGTCACCTTGGTGCAGAAAATTCAGTTGCTTACTCTAA	23688
Sbjct	23554	23613
Query	23689	TAACTCTATTGCCATACCCACAAATTTTACTATTAGTGTTACCACAGAAATTCTACCAGT	23748
Sbjct	23614	23673
Query	23749	GTCTATGACCAAGACATCAGTAGATTGTACAATGTACATTTGTGGTGATTCAACTGAATG	23808
Sbjct	23674	23733
Query	23809	CAGCAATCTTTTGTGCAATATGGCAGTTTTTGTACACAATTAAACCGTGCTTTAACTGG	23868
Sbjct	23734 A	23793
Query	23869	AATAGCTGTTGAACAAGACAAAAACACCCAAGAAGTTTTTGCACAAGTCAAACAAATTTA	23928
Sbjct	23794	23853
Query	23929	CAAACACCACCAATTAAAGATTTTGGTGGTTTTAATTTTTTCACAAATATTACCAGATCC	23988
Sbjct	23854 T	23913
Query	23989	ATCAAAACCAAGCAAGAGGTCATTTATTGAAGATCTACTTTTCAACAAAGTGACACTTGC	24048
Sbjct	23914	23973
Query	24049	AGATGCTGGCTTCATCAAACAATATGGTGATTGCCTTGGTGATATTGCTGCTAGAGACCT	24108
Sbjct	23974	24033

Query	24109	CATTTGTGCACAAAAGTTTAAACGGCCTTACTGTTTTGCCACCTTGTCTCACAGATGAAAT	24168
Sbjct	24034 A	24093
Query	24169	GATTGCTCAATACACTTCTGCACTGTTAGCGGGTACAATCACTTCTGGTTGGACCTTTGG	24228
Sbjct	24094	24153
Query	24229	TGCAGGTGCTGCATTACAAATACCATTTGCTATGCAAATGGCTTATAGGTTTAAATGGTAT	24288
Sbjct	24154	24213
Query	24289	TGGAGTTACACAGAATGTTCTCTATGAGAACC AAAAATTGATTGCCAACCAATTTAATAG	24348
Sbjct	24214	24273
Query	24349	TGCTATTGGCAA AATTC AAGACTCACTTCTTCCACAGCAAGTGCAC TTGGAAA CT TCA	24408
Sbjct	24274	24333
Query	24409	AGATGTGGTCAACCAA AATGCACAAGCTTTAAACACGCTTGTTAAACA ACTTAGCTCCAA	24468
Sbjct	24334 T	24393
Query	24469	TTTTGGTGCAATTTCAAGTGTTTTAAATGATATCCTTTCACGTCTTGACAAAGTTGAGGC	24528
Sbjct	24394	A T	24453
Query	24529	TGAAGTGCAA AATGATAGGTTGATCACAGGCAGACTTCAAAGTTTGCAGACATATGTGAC	24588
Sbjct	24454	24513
Query	24589	TCAACAATTAATTAGAGCTGCAGAAATCAGAGCTTCTGCTAATCTTGCTGCTACTAAAAT	24648
Sbjct	24514	24573
Query	24649	GTCAGAGTGTGTACTTGGACAATCAAAAAGAGTTGATTTTTGTGGAAAGGGCTATCATCT	24708
Sbjct	24574	24633
Query	24709	TATGTCCTTCCCTCAGTCAGCACCTCATGGTGTAGTCTTCTTGCATGTGACTTATGTCCC	24768
Sbjct	24634	24693
Query	24769	TGCACAAGAAAAGAACTTCACA ACTGCTCCTGCCATTTGTCATGATGGAAAAGCACACTT	24828
Sbjct	24694	24753
Query	24829	TCCTCGTGAAGGTGTCTTTGTTTTCAAATGGCACACACTGGTTTGTAACACAAAGGAATTT	24888
Sbjct	24754	24813
Query	24889	TTATGAACCACAAATCATTACTACAGACAACACATTTGTGTCTGGTAACTGTGATGTTGT	24948
Sbjct	24814	24873

Query	24949	AATAGGAATTGTCAACAACACAGTTTATGATCCTTTGCAACCTGAATTAGACTCATTCAA	25008
Sbjct	24874 T	24933
Query	25009	GGAGGAGTTAGATAAATATTTTAAGAATCATACATCACCAGATGTTGATTTAGGTGACAT	25068
Sbjct	24934	24993
Query	25069	CTCTGGCATTAAATGCTTCAGTTGTAAACATTCAAAAAGAAATTGACCGCCTCAATGAGGT	25128
Sbjct	24994	25053
Query	25129	TGCCAAGAATTTAAATGAATCTCTCATCGATCTCCAAGAACTTGAAAAGTATGAGCAGTA	25188
Sbjct	25054	25113
Query	25189	TATAAAATGGCCATGGTACATTTGGCTAGGTTTTATAGCTGGCTTGATTGCCATAGTAAT	25248
Sbjct	25114	25173
Query	25249	GGTGACAATTATGCTTTGCTGTATGACCAGTTGCTGTAGTTGTCTCAAGGGCTGTTGTTC	25308
Sbjct	25174	25233
Query	25309	TTGTGGATCCTGCTGCAAATTTGATGAAGACGACTCTGAGCCAGTGCTCAAAGGAGTCAA	25368
Sbjct	25234	25293
Query	25369	ATTACATTACACATAAACGAACTTATGGATTTGTTTATGAGAATCTTCACAATTGGAACT	25428
Sbjct	25294	25353
Query	25429	GTAACCTTTGAAGCAAGGTGAAATCAAGGATGCTACTCCTTCAGATTTTGTTCGCGCTACT	25488
Sbjct	25354	25413
Query	25489	GCAACGATACCGATACAAGCCTCACTCCCTTTTCGGATGGCTTATTGTTGGCGTTGCACTT	25548
Sbjct	25414	25473
Query	25549	CTTGCTGTTTTTCAGAGCGCTTCCAAAATCATAACCCTCAAAAAGAGATGGCAACTAGCA	25608
Sbjct	25474 T	25533
Query	25609	CTCTCCAAGGGTGTTCACTTTGTTTGCAACTTGCTGTTGTTGTTGTAAACAGTTTACTCA	25668
Sbjct	25534	25593
Query	25669	CACCTTTTGCTCGTTGCTGCTGGCCTTGAAGCCCCTTTTCTCTATCTTTATGCTTTAGTC	25728
Sbjct	25594	25653
Query	25729	TACTTCTTGCAGAGTATAAACTTTGTAAGAATAATAATGAGGCTTTGGCTTTGCTGGAAA	25788
Sbjct	25654	25713
Query	25789	TGCCGTTCCAAAACCCATTACTTTATGATGCCAACTATTTTCTTTGCTGGCATACTAAT	25848

Sbjct	25714	25773
Query	25849	TGTTACGACTATTGTATACCTTACAATAGTGTAACCTTCAATTGTCATTACTTCAGGT	25908
Sbjct	25774	25833
Query	25909	GATGGCACAACAAGTCCTATTTCTGAACATGACTACCAGATTGGTGGTTATACTGAAAAA	25968
Sbjct	25834	25893
Query	25969	TGGGAATCTGGAGTAAAAGACTGTGTTGTATTACACAGTTACTTCACTTCAGACTATTAC	26028
Sbjct	25894	25953
Query	26029	CAGCTGTACTCAACTCAATTGAGTACAGACACTGGTGTGTAACATGTTACCTTCTTCATC	26088
Sbjct	25954	26013
Query	26089	TACAATAAAATTGTTGATGAGCCTGAAGAACATGTCCAAATTCACACAATCGACGGTTCA	26148
Sbjct	26014	26073
Query	26149	TCCGGAGTTGTTAATCCAGTAATGGAACCAATTTATGATGAACCGACGACGACTACTAGC	26208
Sbjct	26074	26133
Query	26209	GTGCCTTTGTAAGCACAAGCTGATGAGTACGAACTTATGTACTCATTTCGTTTCGGAAGAG	26268
Sbjct	26134	26193
Query	26269	ACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTTCTTTTTCTTGCTTTCGTGGTATTCTTGCTA	26328
Sbjct	26194	.T	26253
Query	26329	GTTACACTAGCCATCCTTACTGCGCTTCGATTGTGTGCGTACTGCTGCAATATTGTTAAC	26388
Sbjct	26254	26313
Query	26389	GTGAGTCTTGTAACCTTCTTTTTACGTTTACTCTCGTGTTAAAAATCTGAATTCTTCT	26448
Sbjct	26314	26373
Query	26449	AGAGTTCCTGATCTTCTGGTCTAAACGAACTAAATATTATATTAGTTTTTCTGTTTGGAA	26508
Sbjct	26374	26433
Query	26509	CTTTAATTTTAGCCATGGCAGATTCCAACGGTACTATTACCGTTGAAGAGCTTAAAAAGC	26568
Sbjct	26434 G	26493
Query	26569	TCCTTGAACAATGGAACCTAGTAATAGGTTTCCTATTCCCTTACATGGATTTGTCTTCTAC	26628
Sbjct	26494 N	26553
Query	26629	AATTTGCCTATGCCAACAGGAATAGGTTTTTGTATATAATTAAGTTAATTTTCTCTGGC	26688
Sbjct	26554	26613

Query	26689	TGTTATGGCCAGTAACTTTAGCTTGTTTTGTGCTTGCTGCTGTTTACAGAATAAATTGGA	26748
Sbjct	26614 A	26673
Query	26749	TCACCGGTGGAATTGCTATCGCAATGGCTTGTCTTGTAGGCTTGATGTGGCTCAGCTACT	26808
Sbjct	26674	26733
Query	26809	TCATTGCTTCTTTCAGACTGTTTGCGCGTACGCGTTCATGTGGTCATTCAATCCAGAAA	26868
Sbjct	26734	26793
Query	26869	CTAACATTCTTCTCAACGTGCCACTCCATGGCACTATTCTGACCAGACCGCTTCTAGAAA	26928
Sbjct	26794	26853
Query	26929	GTGAACTCGTAATCGGAGCTGTGATCCTTCGTGGACATCTTCGTATTGCTGGACACCATC	26988
Sbjct	26854	26913
Query	26989	TAGGACGCTGTGACATCAAGGACCTGCCTAAAGAAATCACTGTTGCTACATCACGAACGC	27048
Sbjct	26914	26973
Query	27049	TTTCTTATTACAAATTGGGAGCTTCGCAGCGTGTAGCAGGTGACTCAGGTTTTGCTGCAT	27108
Sbjct	26974	27033
Query	27109	ACAGTCGCTACAGGATTGGCAACTATAAATTAACACAGACCATTCCAGTAGCAGTGACA	27168
Sbjct	27034	27093
Query	27169	ATATTGCTTTGCTTGTACAGTAAGTGACAACAGATGTTTCATCTCGTTGACTTTCAGGTT	27228
Sbjct	27094	27153
Query	27229	ACTATAGCAGAGATATTACTAATTATTATGAGGACTTTTAAAGTTTCCATTTGGAATCTT	27288
Sbjct	27154 C	27213
Query	27289	GATTACATCATAAACCTCATAATTAATAATTTATCTAAGTCACTAACTGAGAATAAATAT	27348
Sbjct	27214	27273
Query	27349	TCTCAATTAGATGAAGAGCAACCAATGGAGATTGATTAAACGAACATGAAAATTATTCTT	27408
Sbjct	27274	27333
Query	27409	TTCTTGGCACTGATAACACTCGCTACTTGTGAGCTTTATCACTACCAAGAGTGTGTTAGA	27468
Sbjct	27334	27393
Query	27469	GGTACAACAGTACTTTTAAAAGAACCTTGCTCTTCTGGAACATACGAGGGCAATTCACCA	27528
Sbjct	27394	27453

Query	27529	TTTCATCCTCTAGCTGATAACAAATTTGCACTGACTTGCTTTAGCACTCAATTTGCTTTT	27588
Sbjct	27454	27513
Query	27589	GCTTGTCTGACGGCGTAAAACACGTCTATCAGTTACGTGCCAGATCAGTTTCACCTAAA	27648
Sbjct	27514	27573
Query	27649	CTGTTTCATCAGACAAGAGGAAGTTCAAGAACTTTACTCTCCAATTTTCTTATTGTTGCG	27708
Sbjct	27574	27633
Query	27709	GCAATAGTGTTTATAACACTTTGCTTCACACTCAAAGAAAGACAGAATGATTGAACTTT	27768
Sbjct	27634	27693
Query	27769	CATTAATTGACTTCTATTTGTGCTTTTTAGCCTTTCTGCTATTCCCTTGTTTTAATTATGC	27828
Sbjct	27694 T	27753
Query	27829	TTATTATCTTTTGGTTCTCACTTGAAGATCATAATGAACTTGTCCACGCCTAAA	27888
Sbjct	27754	27813
Query	27889	CGAACATGAAATTTCTTGTTTTCTTAGGAATCATCACAACCTGTAGCTGCATTTACCAAG	27948
Sbjct	27814	27873
Query	27949	AATGTAGTTTACAGTCATGTACTCAACATCAACCATATGTAGTTGATGACCCGTGTCTTA	28008
Sbjct	27874	27933
Query	28009	TTCACCTTCTATTCTAAATGGTATATTAGAGTAGGAGCTAGAAAATCAGCACCTTTAATTG	28068
Sbjct	27934	27993
Query	28069	AATTGTGCGTGGATGAGGCTGGTTCTAAATCACCCATTCAGTACATCGATATCGGTAATT	28128
Sbjct	27994	28053
Query	28129	ATACAGTTTCCTGTTTACCTTTTACAATTAATTGCCAGGAACCTAAATTGGGTAGTCTTG	28188
Sbjct	28054	28113
Query	28189	TAGTGCGTTGTTCGTTCTATGAAGACTTTTTAGAGTATCATGACGTTTCGTGTTGTTTTAG	28248
Sbjct	28114	28173
Query	28249	ATTTTCATCTAAACGAACAACTAAAAATGTCTGATAATGGACCCCAAATCAGCGAAATGC	28308
Sbjct	28174 T	28233
			62
Query	28309	ACCCCGCATTACGTTTGGTGGACCCTCAGATTCAACTGGCAGTAACCAGAATGGAGAACG	28368
Sbjct	28234	.. T-----	28286
Query	28369	CAGTGGGGCGCGATCAAACAACGTCGGCCCCAAGGTTTACCCAATAATACTGCGTCTTG	28428

Sbjct	28287	--	28344
Query	28429	G TTCACCGCTCTCACTCAACATGGCAAGGAAGACCTTAAATTCCTCGAGGACAAGGCGT	28488
Sbjct	28345	28404
Query	28489	TCCAATTAACACCAATAGCAGTCCAGATGACCAAATTGGCTACTACCGAAGAGCTACCAG	28548
Sbjct	28405	28464
Query	28549	ACGAATTCGTGGTGGTGACGGTAAAATGAAAGATCTCAGTCCAAGATGGTATTTCTACTA	28608
Sbjct	28465	28524
Query	28609	CCTAGGAACTGGGCCAGAAGCTGGACTTCCCTATGGTGCTAACAAAGACGGCATCATATG	28668
Sbjct	28525	28584
Query	28669	GGTTGCAACTGAGGGAGCCTTGAATACACCAAAGATCACATTGGCACCCGCAATCCTGC	28728
Sbjct	28585	28644
Query	28729	TAACAATGCTGCAATCGTGCTACAACCTCCTCAAGGAACAACATTGCCAAAAGGCTTCTA	28788
Sbjct	28645	28704
Query	28789	CGCAGAAGGGAGCAGAGGCGGCAGTCAAGCCTCTTCTCGTTCCATCACGTAGTCGCAA	28848
Sbjct	28705	28764
Query	28849	CAGTTCAAGAAATTCAACTCCAGGCAGCAGTAGGGAACTTCTCCTGCTAGAATGGCTGG	28908
Sbjct	28765AAC	28824
Query	28909	CAATGGCGGTGATGCTGCTCTTGCTTTGCTGCTGCTTGACAGATTGAACCAGCTTGAGAG	28968
Sbjct	28825	28884
Query	28969	CAAATGTCTGGTAAAGGCCAACAAACAAGGCCAAACTGTCACTAAGAAATCTGCTGC	29028
Sbjct	28885	28944
Query	29029	TGAGGCTTCTAAGAAGCCTCGGCCAAAAACGTACTGCCACTAAAGCATAACAATGTAACACA	29088
Sbjct	28945	29004
Query	29089	AGCTTTCGGCAGACGTGGTCCAGAACAACCCAAGGAAATTTTGGGGACCAGGAACTAAT	29148
Sbjct	29005	29064
Query	29149	CAGACAAGGAACTGATTACAAACATTGGCCGCAAATTGCACAATTTGCCCCAGCGCTTC	29208
Sbjct	29065	29124
Query	29209	AGCGTTCTTCGGAATGTCGCGCATTGGCATGGAAGTCACACCTTCGGGAACGTGGTTGAC	29268
Sbjct	29125	29184

Query	29269	CTACACAGGTGCCATCAAATTGGATGACAAAGATCCAAATTTCAAAGATCAAGTCATTTT	29328
Sbjct	29185	29244
Query	29329	GCTGAATAAGCATATTGACGCATACAAAACATTCCCACCAACAGAGCCTAAAAAGGACAA	29388
Sbjct	29245	29304
Query	29389	AAAGAAGAAGGCTGATGAAACTCAAGCCTTACCGCAGAGACAGAAGAAACAGCAAACACTGT	29448
Sbjct	29305	29364
Query	29449	GACTCTTCTTCCTGCTGCAGATTTGGATGATTTCTCAAACAATTGCAACAATCCATGAG	29508
Sbjct	29365	29424
Query	29509	CAGTGCTGACTCAACTCAGGCCTAAACTCATGCAGACCACACAAGGCAGATGGGCTATAT	29568
Sbjct	29425	29484
Query	29569	AAACGTTTTTCGCTTTTCCGTTTACGATATATAGTCTACTCTTGTGCAGAATGAATTCTCG	29628
Sbjct	29485	29544
Query	29629	TAACTACATAGCACAAAGTAGATGTAGTTAACTTTAATCTCACATAGCAATCTTTAATCAG	29688
Sbjct	29545	29604
Query	29689	TGTGTAACATTAGGGAGGACTTGAAAGAGCCACCACATTTTCACCGAGGCCACGCGGAGT	29748
Sbjct	29605	29664
Query	29749	ACGATCGAGTGACAGTGAACAATGCTAGGGAGAGCTGCCTATATGGAAGAGCCCTAATG	29808
Sbjct	29665	29724
Query	29809	TGTAATAATTAATTTTAGTAGTGCTATC	29835
Sbjct	29725	29751