

Supplemental File

Real-time PCR-based serotyping of *Streptococcus agalactiae*

Kathleen M. Breeding, Bhavana Ragipani, Kun-Uk David Lee, Martin Malik, Tara M. Randis, and Adam J. Ratner

Multiple sequence alignment

10 Sequences Aligned

Alignment Score = 0

Gaps Inserted = 2958

Conserved Identities = 1416

1a-CP000114	1	TTGAAAGAAAAAGAAAATATACAAAAGATTATTATAGCGATGATTCAAACAGTTGTGGTT	60
1b-FO393392	1	TTGAAAGAAAAAGAAAATATACAAAAGATTATTATAGCGATGATTCAAACAGTTGTGGTT	60
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	1	TTGAAAGAAAAAGAAAATATACAAAAGATTATTATAGCGATGATTCAAACAGTTGTAGTT	60
4-AF355776	1	ATGATTCAAACCGTTGTGGTT	21
5-AE009948	1	TTGAAAGAAAAAGAAAATATACAAAAGATTATTATAGCGATGATTCAAACAGTTGTGGTT	60
6-HF952106	1	TTGAAAGAAAAAGAAAATATACAAAAGATTATTATAGCGATGATTCAAACAGTTGTGGTT	60
7-AY376403	1	ATGATTCAAACAGTTGTGGTT	21
8-AY375363	1	ATGTACAATCCAGATTCCTCAAAAAAGATT-TATTATTTGTTAT-CAGATA-TCATTGCT	57
9-CGBY01000002	1	TGAAAGAAAAAGAAAATATACAAAAGATTATTATAGCGATGATTCAAACAGTTGTAGTT	59

1a-CP000114	61	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	114
1b-FO393392	61	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	114
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	61	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	114
4-AF355776	22	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCACTTTAAAAGCAAT	75
5-AE009948	61	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	114
6-HF952106	61	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	114
7-AY376403	22	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	75
8-AY375363	58	AATTTACTAACGTATGTATTATTAGCAATTTTTTATCATTATTCTTTTTTTGAAAG---T	114
9-CGBY01000002	60	TATTTTTCTGCAAGTTTGACATTAACA----TTAATTACT--CCCAATTTTAAAAGCAAT	113

1a-CP000114	115	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	169
1b-FO393392	115	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTCTATCTTTCTGATT---	169
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	115	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	169
4-AF355776	76	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	130
5-AE009948	115	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	169
6-HF952106	115	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	169
7-AY376403	76	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	130
8-AY375363	115	TCATATTTCTTAATTATTTTTATAACACTCATTGTTGTATCATCTGTTTTTATGGATGAA	174
9-CGBY01000002	114	AAAGATTTATTGTTTGTCTATTGATAC--ATTATATTGTCTTTTATCTTTCTGATT---	168

1a-CP000114	170	TTTACAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	229
1b-FO393392	170	TTTACAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	229
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	170	TTTACAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	229
4-AF355776	131	TTTACAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	190
5-AE009948	170	TTTACAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	229
6-HF952106	170	TTTATAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	229
7-AY376403	131	TTTACAGAGACTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	190
8-AY375363	175	TATACTTATATTACTAGAA--GAGGTTATTTAAAAGAACCTTAAATCATCTATTATCTATG	232
9-CGBY01000002	169	TTTACAGAGATTTTTGGAGTCGTGGCTATCTTGAAGAGTTTAAAATGGTATTGAAATACA	228

1a-CP000114	230	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCA----TTT	285
1b-FO393392	230	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCT----TTT	285
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	230	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCT----TTT	285
4-AF355776	191	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCT----TTT	246
5-AE009948	230	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCT----TTT	285
6-HF952106	230	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCT----TTT	285
7-AY376403	191	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCGTTATTTTTTATTTTTTAAAACTCA----TTT	246
8-AY375363	233	GGTTAAAGTGTATTATTTTCTT---TTCATTTCGTACTTAGCCTTGGGAAATTTAGGTTTT	289
9-CGBY01000002	229	GCTTTTACTATATTTTCATATCAAGTTCATTATTTTTTATTTTTTAAAACTCT----TTT	284

1a-CP000114	286	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTCTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTGTATCT	344
1b-FO393392	286	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTACTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTATATCT	344
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	286	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTACTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTGTATCT	344
4-AF355776	247	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTACTTTTAA--TTACTATGAATTCGATTTTATTATATCT	305
5-AE009948	286	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTACTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTATATCT	344
6-HF952106	286	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTACTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTATATCT	344
7-AY376403	247	ACAATGACACGACTTTCCTTTTTTCTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTATATCT	305
8-AY375363	290	TAAGTGATATCGCCGTTTTATCTTATTTTTTCTTATTATTATTCTTTCTTCTCAATAGTT	349
9-CGBY01000002	285	ACAACGACACGACTTTCCTTTTTTACTTTTAA--TTGCTATGAATTCGATTTTATTATATCT	343

1a-CP000114	345	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	401
1b-FO393392	345	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTGT---CGAAAATATTCTTACGTTAAGTTTTTCACGAGA	401
2-AAJO01000077	1		0
3-AL766849	345	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	401
4-AF355776	306	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	362
5-AE009948	345	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	401
6-HF952106	345	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	401

7-AY376403	306	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	362
8-AY375363	350	TATTAGTTTATACTGGTCGTATTATGCTTAAATCTATTATGAGAGGGAGAGAGGATAAGA	409
9-CGBY01000002	344	ATTGAATTCATTTTTTAAAATATTAT---CGAAAATATTCTTACGCTAAGTTTTTCACGAGA	400

1a-CP000114	402	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAGGAATA	460
1b-FO393392	402	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAGGAATA	460
2-AAJO01000077	1	GAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAAGAATA	38
3-AL766849	402	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAGGAATA	460
4-AF355776	363	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAGGAATA	421
5-AE009948	402	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAGGAATA	460
6-HF952106	402	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAAGAATA	460
7-AY376403	363	TACCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAAGAATA	421
8-AY375363	410	TAAAAAAAATTCTATTGTTAACTAAT-----TTTACAGATAACAAATCTTTTGAAA	461
9-CGBY01000002	401	TATCAAAG-TTGTTTTGATAACGAATAAGGATTCTTTATCAAAAATGACCTTTAGGAATA	459
		*** ***** * * * * ** *** *	

1a-CP000114	461	AATACGACCATAATTATATTGCTGTCTGCATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	517
1b-FO393392	461	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	517
2-AAJO01000077	39	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	95
3-AL766849	461	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	517
4-AF355776	422	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGATTCTCTG---AAAAGGATTGTT	478
5-AE009948	461	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGATTCTCTG---AAAAGGATTGTT	517
6-HF952106	461	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	517
7-AY376403	422	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	478
8-AY375363	462	AGCATTACTTCAAC---ATCATTATCAAGTTGTTGGATATGTTAGTTCAAAG--TTGTT	516
9-CGBY01000002	460	AATACGACCATAATTATATCGCTGTCTGTATCTTGGACTCCTCTG---AAAAGGATTGTT	516
		* * ** ** ** * ** * ***** * * ***** *****	

1a-CP000114	518	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	567
1b-FO393392	518	ATGATT-TGAAACATAACT--CATTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTGACT	567
2-AAJO01000077	96	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	145
3-AL766849	518	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	567
4-AF355776	479	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	528
5-AE009948	518	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	567
6-HF952106	518	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	567
7-AY376403	479	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	528
8-AY375363	517	--GATTATAGAGTAGTACCAGTATTAAGGAATGTCTCTGATATACGAAA----TTTTATT	570
9-CGBY01000002	517	ATGATT-TGAAACATAACT--CGTTAAGGA-----TAATAAACAAAGATGCTCTTACT	566
		***** * * ** ***** * *** ** ** * * * *	

1a-CP000114	568	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	627
1b-FO393392	568	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	627
2-AAJO01000077	146	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	205

3-AL766849	568	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	627
4-AF355776	529	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	588
5-AE009948	568	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	627
6-HF952106	568	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	627
7-AY376403	529	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	588
8-AY375363	571	GCTAA--TAATCAG-----GTAGATGAGATTTTTGT--AGATATTGAT--GCTTATTC	617
9-CGBY01000002	567	TCAGAGTTAACCTGCTTAACTGTTGATCAAGCTTTTTATTAACATACCCATTGAATTATTT	626
		* * *** * * ** *** * ***** * * *** ** *****	

1a-CP000114	628	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	685
1b-FO393392	628	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	685
2-AAJO01000077	206	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	263
3-AL766849	628	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	685
4-AF355776	589	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	646
5-AE009948	628	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	685
6-HF952106	628	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	685
7-AY376403	589	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	646
8-AY375363	618	TGATTATATTGAGGCAGCACGATATTTTAACTAC-TTGG--AATTCCGACAACCTATAA	673
9-CGBY01000002	627	GGTAAATACCAAAT--ACAAGATATTATTAATGACATTGAAGCAATGGGAGTGATTGTCA	684
		* *** * ** ***** * ** ** * ** *** * * * * *	

1a-CP000114	686	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	739
1b-FO393392	686	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCTAATCCAAA	739
2-AAJO01000077	264	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	317
3-AL766849	686	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	739
4-AF355776	647	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	700
5-AE009948	686	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	739
6-HF952106	686	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	739
7-AY376403	647	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	700
8-AY375363	674	ATATAACAAATTATAATACTATTATATTTATAATAGTATTTTAAAAAAATAG-----	727
9-CGBY01000002	685	ATGT--TAATGTAGAGGCACT---TAGCTTTGATAATATAGGAGAAAAGCGAATCCAAA	738
		** * ** ** * ** ** * * * ** * * * ** *	

1a-CP000114	740	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	799
1b-FO393392	740	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATGTAGTCACCTTA	799
2-AAJO01000077	318	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	377
3-AL766849	740	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	799
4-AF355776	701	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	760
5-AE009948	740	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	799
6-HF952106	740	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	799
7-AY376403	701	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	760
8-AY375363	728	-----GTAATATGTCAT-TTGTGACAACAGCAATTAATATCGTTAGTTTTAGACAATTGT	781
9-CGBY01000002	739	CTTTTGAAGGATATAGTGTTATTACATATTCTATGAAATTCTATAAATATAGTCACCTTA	798
		* * ** * * * * * * * * * * * * * * *	

1a-CP000114	800	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	859
1b-FO393392	800	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACAGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	859
2-AAJO01000077	378	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCATGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	437
3-AL766849	800	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	859
4-AF355776	761	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	820
5-AE009948	800	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	859
6-HF952106	800	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	859
7-AY376403	761	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCATGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	820
8-AY375363	782	TTTTAAAGAGAATAATAGATATTTTTATAGCAGTTATTGGTATTTTTATAACAGGAATTG	841
9-CGBY01000002	799	TAGCAAAACGATTTTTTGGATATCACGGGTGCTATTATAGGTTTGCTCATATGTGGCATTG	858

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

1a-CP000114	860	TGGCAATTTTTCTAGTTCCACAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	913
1b-FO393392	860	TGGCAATTTTTCTAGTTCCGCAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	913
2-AAJO01000077	438	TGGCAATTTTTCTAGTTCCGCAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	491
3-AL766849	860	TGGCAATTTTTCTAGTTCCACAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	913
4-AF355776	821	TGGCAATTTTTCTAGTTCCACAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	874
5-AE009948	860	TGGCAATTTTTCTAGTTCCACAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	913
6-HF952106	860	TGGCAATTTTTCTAGTTCCGCAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	913
7-AY376403	821	TGGCAATTTTTCTAGTTCCGCAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	874
8-AY375363	842	TTGCA---TTATTAATTTTTCTATCATAAAAATACAATCACCAGGACCACTTTTTTTTCA	898
9-CGBY01000002	859	TGGCAATTTTTTATAGTTCCGCAAATCAGAAAAG-ATGGT-----GGACCGGCTATCTTTT	912

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

1a-CP000114	914	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	973
1b-FO393392	914	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	973
2-AAJO01000077	492	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	551
3-AL766849	914	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	973
4-AF355776	875	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	934
5-AE009948	914	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	973
6-HF952106	914	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGGTTTTTAGATTTTATAAATTCAGATCAATGC	973
7-AY376403	875	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	934
8-AY375363	899	CGCAGAAACGTGTTGGAAAGAACGGAAAAGTATTTGAAATCTATAAATTTAGAAGTATGT	958
9-CGBY01000002	913	CTCAAAATAGAGTAGGTTCGTAATGGTAGGATTTTTAGATTCTATAAATTCAGATCAATGC	972

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

1a-CP000114	974	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	1029
1b-FO393392	974	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	1029
2-AAJO01000077	552	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	607
3-AL766849	974	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	1029
4-AF355776	935	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	990
5-AE009948	974	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	1029
6-HF952106	974	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA----AATGACAGGG	1029

7-AY376403	935	GAGTAGATGCAGAACAAATTAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA---- <td>990</td>	990
8-AY375363	959	ATATAGATGCAGAGCAGCGAAAAAAGAATTATTATCTAAAAATAATCTTAAT-ACGAAT	1017
9-CGBY01000002	973	GAATAGATGCAGAACAAATCAAGAAAGATTTATTAGTTCACAATCA---- <td>1028</td>	1028
		***** ** ** ***** * * * * * *** **	

1a-CP000114	1030	CTAATGTTTAAAGTTAGACGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1089
1b-FO393392	1030	CTAATGTTTAAAGTTAGAAGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1089
2-AAJO01000077	608	CTAATGTTTAAAGTTAGACGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	667
3-AL766849	1030	CTAATGTTTAAAGTTAGAAGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1089
4-AF355776	991	CTAATGTTTAAAGTTAGAAGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1050
5-AE009948	1030	CTAATGTTTAAAGTTAGACGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1089
6-HF952106	1030	CTAATGTTTAAAGTTAGACGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1089
7-AY376403	991	CTAATGTTTAAAGTTAGACGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1050
8-AY375363	1018	TTGATGTTTAAATGGAAAATGATCCAAGAATTTTTCCATTTGGACAAAAAATTAGAAAT	1077
9-CGBY01000002	1029	CTAATGTTTAAAGTTAGAAGATGATCCTAGAATTACTAAAATAGGAAAATTTATTTCGAAAA	1088
		* ***** * ** ***** ***** * * * * * *** ****	

1a-CP000114	1090	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1149
1b-FO393392	1090	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1149
2-AAJO01000077	668	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	727
3-AL766849	1090	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1149
4-AF355776	1051	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1110
5-AE009948	1090	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1149
6-HF952106	1090	ACAAGCATAGATGAGTTGCCACAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1149
7-AY376403	1051	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1110
8-AY375363	1078	TGGTCTATTGATGAACTTCCTCAATTTTTAAACGTTTTAAAGGAGATATGTCTGTGGTA	1137
9-CGBY01000002	1089	ACAAGCATAGATGAGTTGCCTCAATTCTATAATGTTTTAAAGGTGATATGAGTTTAGTA	1148
		** ***** * ** ***** * ** ***** ** ***** * * ***	

1a-CP000114	1150	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1206
1b-FO393392	1150	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1206
2-AAJO01000077	728	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	784
3-AL766849	1150	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1206
4-AF355776	1111	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1167
5-AE009948	1150	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1206
6-HF952106	1150	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1206
7-AY376403	1111	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1167
8-AY375363	1138	GGTACTCGTCCTCCGACCCTTGAGGAATATAAACAATATGAGTTACATCATTTTAAACGA	1197
9-CGBY01000002	1149	GGAACACGCCCTCCACAGTTGATGAATATGAAAAGTATAATTCAACGCAG---AAGCGA	1205
		** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *	

1a-CP000114	1207	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1265
1b-FO393392	1207	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1265
2-AAJO01000077	785	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	843

3-AL766849	1207	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1265
4-AF355776	1168	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1226
5-AE009948	1207	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1265
6-HF952106	1207	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1265
7-AY376403	1168	CGCCTTAGTT-TTAAGCCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1226
8-AY375363	1198	----TTAGCTGCTAAACCAGGAATTACTGGTTTATGGCAAGTTAGTGGACGAAGTGCCAT	1253
9-CGBY01000002	1206	CGCCTTAGTT-TTAAACCAGGAATCACTGGTTTGTGGCAAATATCTGGTAGAAATAATAT	1264
		**** * *** ***** ***** * *** ** *	

1a-CP000114	1266	CACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1325
1b-FO393392	1266	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTGTTTG	1325
2-AAJO01000077	844	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	903
3-AL766849	1266	CACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1325
4-AF355776	1227	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1286
5-AE009948	1266	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1325
6-HF952106	1266	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1325
7-AY376403	1227	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1286
8-AY375363	1254	TACTGACTTTGAGGAAGTTGTTTCATTGGATATGAAATATATTCAAATTGGTCATTGTC	1313
9-CGBY01000002	1265	TACTGATTTTGTATGAAATCGTAAAGTTAGATGTTCAATATATCAATGAATGGTCTATTTG	1324
		***** ***** *** * ** ** * * ***** * * ***** * *	

1a-CP000114	1326	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGTGCTAA	1385
1b-FO393392	1326	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGAGCTAA	1385
2-AAJO01000077	904	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACATTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGAGCTAA	963
3-AL766849	1326	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGTGCTAA	1385
4-AF355776	1287	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGTGCTAA	1346
5-AE009948	1326	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTTTTACTCGGGACAGGAGCTAA	1385
6-HF952106	1326	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTTTTACTCGGGACAGGAGCTAA	1385
7-AY376403	1287	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACATTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGAGCTAA	1346
8-AY375363	1314	AGAAGATATTAAGATTATTGTAAGAACATTTGTAGTAATTTTTAAAAAGAAGGAAGTAG	1373
9-CGBY01000002	1325	GTCAGATATTAAGATTATTCTCCTAACACTAAAGGTAGTCTTACTTGGGACAGGTGCTAA	1384
		***** * ***** * * * * * * * * *	

1a-CP000114	1386	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1438
1b-FO393392	1386	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1438
2-AAJO01000077	964	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1016
3-AL766849	1386	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1438
4-AF355776	1347	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1399
5-AE009948	1386	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1438
6-HF952106	1386	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1438
7-AY376403	1347	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1399
8-AY375363	1374	ATAGTGAATTATTTACTCTCTTAAATTTTAT-AAAATTTAAGAGAATGGAGGAGTTATG	1432
9-CGBY01000002	1385	GTAAAGGTAAGGTTTGAAAG---GAATATAATGAAAATTT---GTCTGGTTGGTTCAAG	1437
		** ** * *** ** * * * * * * * * *	

1a-CP000114	1439	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTGGGAAAAAGAAGATAGGTT	1498
1b-FO393392	1439	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTTGGAAAAAGAAGATAGGTT	1498
2-AAJO01000077	1017	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTGGGAAAAAGAAGATAGGTT	1076
3-AL766849	1439	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTGGGAAAAAGAAGATAGGTT	1498
4-AF355776	1400	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTTGGAAAAAGAAGATAGGTT	1459
5-AE009948	1439	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTGGGAAAAAGAAGATAGGTT	1498
6-HF952106	1439	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTGGGAAAAAGAAGATAGGTT	1498
7-AY376403	1400	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAATCCATTTGGGAAAAAGAAGATAGGTT	1459
8-AY375363	1433	AGAAGGACA----GTATATATTATTGGTTCAAAGGTATTCCGGCAAGATATGGTGGATT	1488
9-CGBY01000002	1438	TGGTGGTCATCTAGCACACTTGAACCTTTTGAACCCATTTTGGAAAAAGAAGATAGGTT	1497

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

1a-CP000114	1499	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1557
1b-FO393392	1499	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1557
2-AAJO01000077	1077	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1135
3-AL766849	1499	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1557
4-AF355776	1460	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1518
5-AE009948	1499	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1557
6-HF952106	1499	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1557
7-AY376403	1460	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1518
8-AY375363	1489	T---GAAACGTTTGGTTGAAAAAAGTACAGAAAAGCATAAAAATAAAGACATCAAATATTT	1545
9-CGBY01000002	1498	TTGGGTAACCTTTGATAAAGAAGATGCTAGGAGTATTCTAAGAGAAGAGATTGTATATC-	1556

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

1a-CP000114	1558	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1613
1b-FO393392	1558	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1613
2-AAJO01000077	1136	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1191
3-AL766849	1558	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1613
4-AF355776	1519	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1574
5-AE009948	1558	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1613
6-HF952106	1558	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1613
7-AY376403	1519	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1574
8-AY375363	1546	TGTAGCTTGTACTAGAGAGAATTCTATAAAATCTAATATAT--CAGAAAATAT--TTTTG	1601
9-CGBY01000002	1557	-ATTGCTTCTTTCCAACAAA--CCGTAATGTCAAAAACCTTGGTAAAAAATACTATTCTA	1612

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

1a-CP000114	1614	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1673
1b-FO393392	1614	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1673
2-AAJO01000077	1192	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1251
3-AL766849	1614	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1673
4-AF355776	1575	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1634
5-AE009948	1614	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1673
6-HF952106	1614	GCTTTTAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1673

7-AY376403	1575	GCTTTTAAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1634
8-AY375363	1602	AATATAATGGTGCTACTTGCTTTAATGTT-GATGTT-CCAGAT-AT-TGGTTCAGCTAAA	1657
9-CGBY01000002	1613	GCTTTTAAAGGTCCTTAGAAAAGAAAGACCAGATGTTATCATATCATCTGGTGCCGCTGTA	1672
		* * * * *	

1a-CP000114	1674	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1730
1b-FO393392	1674	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1730
2-AAJO01000077	1252	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1308
3-AL766849	1674	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1730
4-AF355776	1635	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1691
5-AE009948	1674	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTACATAGAG	1730
6-HF952106	1674	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1730
7-AY376403	1635	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1691
8-AY375363	1658	GCGGTGCTGTA-TGATATTCTGGCTTTAAGAAAGGCGATTG-----CTATTTCTAAAAAA	1711
9-CGBY01000002	1673	GCAGTACCATTCTTTTATATTGG---TAAGTTATTTGGTTGTAAGACCGTTTATATAGAG	1729
		** * * * *	

1a-CP000114	1731	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1789
1b-FO393392	1731	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1789
2-AAJO01000077	1309	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1367
3-AL766849	1731	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1789
4-AF355776	1692	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1750
5-AE009948	1731	GTTTTTCGACAG-GATGGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1789
6-HF952106	1731	GTTTTTCGACAG-GATGGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1789
7-AY376403	1692	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1750
8-AY375363	1712	A-----ACAATGATGAAAATCCCATATTTTACA----TTTTAGCTTGTCGTAT---AGG	1758
9-CGBY01000002	1730	GTTTTTCGACAG-GATAGATAAACCAACTTTGACAGGAAAATTAGTGTATCCTGTAACAGA	1788
		*** * * * *	

1a-CP000114	1790	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1849
1b-FO393392	1790	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1849
2-AAJO01000077	1368	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1427
3-AL766849	1790	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1849
4-AF355776	1751	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1810
5-AE009948	1790	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1849
6-HF952106	1790	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1849
7-AY376403	1751	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1810
8-AY375363	1759	TCCTTTTATATCTAAATACGAT-----AAAAAATTCGTC-----AAATAG---GGG	1802
9-CGBY01000002	1789	TAAATTTATTGTTTCAGTGGAAGAAATGAAAAAGTTTATCCTAAGGCAATTAATTTAGG	1848
		* * * * *	

1a-CP000114	1850	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1902
1b-FO393392	1850	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1902
2-AAJO01000077	1428	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1480

3-AL766849	1850	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1902
4-AF355776	1811	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1863
5-AE009948	1850	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1902
6-HF952106	1850	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1902
7-AY376403	1811	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1863
8-AY375363	1803	GACAACTTTTCGTTAATCCAGATGGGCATGAGTGTTACGTGAAAAATGGAGTATTCCTG	1862
9-CGBY01000002	1849	AGGAATTTTTTAATGATTT---TTGTCAC-AGTGGGGACACATGAAC---AGCAGTTCAA	1901
		** **** * ** * * * ***** ** ** ** * * *	

1a-CP000114	1903	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1958
1b-FO393392	1903	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1958
2-AAJO01000077	1481	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1536
3-AL766849	1903	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1958
4-AF355776	1864	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGATGCTATTGATCAAGAAG	1919
5-AE009948	1903	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1958
6-HF952106	1903	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATCGATCAAGAAG	1958
7-AY376403	1864	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1919
8-AY375363	1863	TACGTCGCTATTGGAGAATTTCAAGAAAGCTAATGGTTAAGTATGCTA-----ACT	1913
9-CGBY01000002	1902	C-CGTC-TTATTAAAGAAGTT--GATAGATTAAAAGGGACAGGTGCTATTGATCAAGAAG	1957
		***** ***** ***** ** ** ***** * ***** *	

1a-CP000114	1959	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	2018
1b-FO393392	1959	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	2018
2-AAJO01000077	1537	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	1596
3-AL766849	1959	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	2018
4-AF355776	1920	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	1979
5-AE009948	1959	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	2018
6-HF952106	1959	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	2018
7-AY376403	1920	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	1979
8-AY375363	1914	TGCTAATTTGTGATAGTAA---AAATATTGAA-----AAGTAT----ATTCAAAAAGAC	1960
9-CGBY01000002	1958	TGTTTCATTCAAACGGGTTACTCAGACTTTGAACCTCAGAATTGTCAGTGGTCAAAATTTTC	2017
		** * *** ** * * * ***** ** * * ***** *	

1a-CP000114	2019	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2076
1b-FO393392	2019	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2076
2-AAJO01000077	1597	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	1654
3-AL766849	2019	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2076
4-AF355776	1980	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2037
5-AE009948	2019	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2076
6-HF952106	2019	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2076
7-AY376403	1980	TCTCATATGATGATATGAACTGTTACATGAGAGAAGCTGAAATCGTTATTACACATGG--	2037
8-AY375363	1961	TATAGTA----AATATG--CTCCTA----AAACAACCTA-----CATCGCCTATGGGA	2003
9-CGBY01000002	2018	TCTCATATGATGATATGAACTCTTACATGAAAGAAGCTGAGATTGTTATCACACATGG--	2075
		* * ** ***** ** * * * * * ** * *****	

1a-CP000114	2077	-CGGTCCAGCGACGTTTATGAATGCAGTTTCTAAAGGGAAAAAACTATTGTGGTTCCTA	2135
1b-FO393392	2077	-CGGCCCAGCGACGTTTATGAATGCAGTTTCTAAAGGGAAAAAACTATTGTGGTTCCTA	2135
2-AAJO01000077	1655	-CGGCCCAGCGATGTTTATGAATGCAGTTTCTAAAGGGAAAAAACTATTGTGGTTCCTA	1713
3-AL766849	2077	-CGGTCCAGCGACGTTTATGTCAGTTATTTCTTTAGGGAAATTACCAGTCGTTGTTCCCTA	2135
4-AF355776	2038	-CGGTCCAGCGACGTTTATGAATGCAGTTTCTAAAGGGAAAAAACTATTGTGGTTCCTA	2096
5-AE009948	2077	-CGGCCCAGCGACGTTTATGAATGCAGTTTCTAAAGGGAAAAAACTATTGTGGTTCCTA	2135
6-HF952106	2077	-CGGTCCAGCGACGTTTATGTCAGTTATTTCTTTAGGGAAATTACCAGTTGTTGTTCCCA	2135
7-AY376403	2038	-CGGTCCAGCGACGTTTATGAATGCAGTTTCTAAGGGGAAAAAAACCATAGTAGTTCCCA	2096
8-AY375363	2004	CTGATCTGACAAAGTCAA--AACACAATTTTAAGGACAAGGTTGTTTGAAGTTGGTTTGA	2061
9-CGBY01000002	2076	-CGGTCCAGCGACGTTTATGAATGCAGTTTCTAAAGAGAAAAAACTATTGTGGTTCCTA	2134
		* * * * *	

1a-CP000114	2136	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAGGTG-GATT-TTTTGA----	2186
1b-FO393392	2136	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAGGTG-GATT-TTTTGA----	2186
2-AAJO01000077	1714	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAGGTGGATTT-CGTTAATAAG	1769
3-AL766849	2136	-GGAGAAAGCAGTTTGGTGAACA--TATCAATGATCATCAAATACAATT-TTTTAA----	2187
4-AF355776	2097	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAGGTGGATTT-TGTTAATAAG	2152
5-AE009948	2136	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAGGTGGACTT-TGTTAATAAG	2191
6-HF952106	2136	-GGAGAAAGCAGTTTGGTGAACA--TATCAATGATCATCAAATACAATT-T-TTAA----	2186
7-AY376403	2097	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAGGTAGATTT-TGTTAATAAG	2152
8-AY375363	2062	TGATAAAAAAATTTTCAGAAAATAATTATTATTTAGTAGTTGGTAGATTTGTGCCCG----	2117
9-CGBY01000002	2135	-GACAAGAACAGTTTGGAGAGCA--TGTGAATAATCATCAAGTGGATTT-TGTTAATAAG	2190
		* * * * *	

1a-CP000114	2187	----AAGAGTTATTC--TTGAAATATGAAT-TAGAT--TATA---TTT-TGAATATCA--	2231
1b-FO393392	2187	----AAGAGTTATTC--TTGAAATATGAAT-TAGAT--TATA---TTT-TGAATATCA--	2231
2-AAJO01000077	1770	GTAAAAACAATGTATAATTTTGATATCGTTGTAGATATTGAAAGGTTACAAAATGTAGTC	1829
3-AL766849	2188	----AAAAATTGCCACCTG---TATCCCT-TGGCT--TGGA---TTG-AAGATGTAG--	2231
4-AF355776	2153	GTAAAAACAATGTATAATTTTGATATCGTTGTAGATATTGAAAGGTTACAAAATGTAGTC	2212
5-AE009948	2192	GTAAAAACAATGTATAATTTTGATATCGTTGTAGATATTGAAAGGTTACAAAATGTAGTC	2251
6-HF952106	2187	---AAAAAATTGCCACCT---GTATCCCT-TGGCT--TGGA---TTG-AAGATGTAG--	2231
7-AY376403	2153	GTCAAGTTGATCTATAATTTTGATATTATTATAGACATTGAAGGTTACAAAATCTAGTT	2212
8-AY375363	2118	---AAAATAAT-TATGAGTCAATGAT--TCGCGAAT-----TTATGAAATCTAAAT	2162
9-CGBY01000002	2191	GTAAAAACAATGTATAATTTTGATATCGTTGTAGATATTGAAAGGTTACAAAATGTAGTC	2250
		* * * * *	

1a-CP000114	2232	-GTGA-----ATTAGAGAATATTA-----TTAAGG-	2255
1b-FO393392	2232	-GTGA-----ATTAGAGAATATTA-----TTAAGG-	2255
2-AAJO01000077	1830	TATGAGGGGACGATGAATCGTCCGTTTTTAGAACTAACAGA-AGTAATTTTATTGAAGA	1888
3-AL766849	2232	-ATGG-----ACTTGCGGA-AGTG-----TTGA---	2252
4-AF355776	2213	TATGAGGGGACGATGAATCGTCCGTTTTTAGAACTAACAGA-AGTAATTTTATTGAAGA	2271
5-AE009948	2252	TATGAGGGAATGATGAATCGTCCGTTTTTAGAACTAATAGT-AGTAATTTTATTGAAGA	2310
6-HF952106	2232	-ATGG-----ACTTGCGGA-AGCG-----TTGAA--	2253

7-AY376403	2213	TATGAAGGAGCGATGAATCGTCCGTTTTTTAGAAACCAACAAT-AGTAATTTTATTAAAGA	2271
8-AY375363	2163	CAAAAAGAGAT-----CTTGTGTTGATTACTAATATTGAGC-	2198
9-CGBY01000002	2251	TATGAGGGGACGATGAATCGTCCGTTTTTTAGAACTAACAGA-AGTAATTTTATTGAAGA	2309
		* ** *	
1a-CP000114	2256	----AAAAAAATAT-----ATCTACTAGTAAAGTAATATCAC-A-AAACAA-----	2295
1b-FO393392	2256	----AAAAAAATAT-----ATCTATTAGTAAAGTAATATCAC-A-AAACAA-----	2295
2-AAJO01000077	1889	ATTTAAGGTAATATTAAAGGAGTTGTGT---GATGAAAATCAATAAAAAATAAAATTATT	1945
3-AL766849	2253	----AAAGGAATAT-----AGCTAC---AGAAAAATATCAG-GGAAATAA-----	2289
4-AF355776	2272	ATTTAAGGTAATATTAAAGGAGTTGTGT---GATGAAAATCAATAAAAACTC-----TT	2322
5-AE009948	2311	ATTTAAGGTAATATTAAAGGAGTTGTGC---GATGAAAATCAATAAAAACTC-----TT	2361
6-HF952106	2254	----AAGG-AATAT-----AGCTACA---GAAAAATATCAG-GGAAATAA-----	2289
7-AY376403	2272	ATTTAAGAAGATATTAAAGGAGTTGTGT---GATGAAAATCAATAAAAACTC-----TT	2322
8-AY375363	2199	----AAAATGTTTT-----TTATG-----AGAAATTAAAAAAGAAA-----	2231
9-CGBY01000002	2310	ATTTAAGGTAATATTAAAGGAGTTGTGC---GATGAAAATCAATAAAAACTC-----TT	2360
		** * * * * * * * **	
1a-CP000114	2296	----TGATTTTTGTTTCCTCTTTCAAAAATGAACTTTCTAAACTATTTGAAT-----	2342
1b-FO393392	2296	----TGATTTTTGTTTCCTCTTTCAAGAATGAACTTTCTAAACTATTTGAAT-----	2342
2-AAJO01000077	1946	TTTTTGAAGTAA---TTTTTATCATACTT---TTTTCTCTATTA---GCTC-----	1987
3-AL766849	2290	----TGATATGT---TTTGTCA-----TAAATTA---GAAA-----	2315
4-AF355776	2323	TATTTTATATTGCAATATTTTTAGTTAAT---TTTTTTAAATCACTAGGTTTAGGAGAGG	2379
5-AE009948	2362	TATTTTATATTGCAATATTTTTAGTTAAT---TTTTTTAAATCACTGGGTTTAGGCGAGG	2418
6-HF952106	2290	----TGATATG---TTTGTCTATAA-----ATTA---GAAA-----	2315
7-AY376403	2323	TATTTTATATTGCAATATTTTTAGTTAAT---TTTTTTAAATCACTAGGTTTAGGAGAGG	2379
8-AY375363	2232	----CAAAAT-----TTGATAA-----AGATAATCGAATT-----	2257
9-CGBY01000002	2361	TATTTTATATTGCAATATTTTTAGTTAAT---TTTTTTAAATCACTAGGTTTAGGAGAGG	2417
		* * * * * *	
1a-CP000114	2343	-AAATATATTTTGTG-----GAG---AA-----	2362
1b-FO393392	2343	-AAATATATTTTGTG-----GAG---AA-----	2362
2-AAJO01000077	1988	-TATA-----TACAG-----GTGTTTAC-----	2004
3-AL766849	2316	-AAAT-----TATAG-----GTG---AA-----	2329
4-AF355776	2380	GGAACCTCAACTTACAAAATAGTGATGTTTGTGTCATCTTCTGTGTGGAATAAAATTTT	2439
5-AE009948	2419	GAAACTCAGCTTACAAAATAGTGATGTTAGTTGCAATTTTACTGTGTGGAATAAAATTTT	2478
6-HF952106	2316	-AAAT-----TATAG-----GTG---AA-----	2329
7-AY376403	2380	AAAATTCAACTTACAAAATAGTAATGTTAGTTGCAATCTTATTGTGTGCAATAAAATTTT	2439
8-AY375363	2258	-AAAT-----TTGTTG-----GAACAGT-----	2274
9-CGBY01000002	2418	GGAACCTCAACTTACAAAATAGTGATGTTAGTTGCAATCTTCTGTGTGGAATAAAATTTT	2477
		* * * *	
1a-CP000114	2363	-----AAAAATTGAAATT-----AACTATC-----AATCC	2387
1b-FO393392	2363	-----AAAAATTGAAATT-----AACTATC-----AATCC	2387
2-AAJO01000077	2005	-----AGGGACGGAAATT-----ATCTT-----TATGA	2027

3-AL766849	2330	-----ATATGAGGAAAT-----ATCTA-----GATTT	2351
4-AF355776	2440	TATTAGATAGCCTTTATTTTGAAGAAGAAAACTCGTTATCATCTTTTATTATTTATTG	2499
5-AE009948	2479	TATTAGATAGCCTTTATTTTGAAGAAGAAAACTCGTGATCATCTTTTATTATTTATCG	2538
6-HF952106	2330	-----ATATGAGGAAAT-----ATCTA-----GATTT	2351
7-AY376403	2440	TACTCGATAGCCTTTATTTTGAAGAAGAAAACTCGTTACTATCTTCTTGTTATTTGTCG	2499
8-AY375363	2275	-----TTACAATCAGCAACT-----TCTGAGCTATATTCGTGA	2307
9-CGBY01000002	2478	TATTAGATAGCCTTTATTTTGAAGAAGAAAACTCGTTATCATCTTTTATTATTTATCG	2537
		* ** ** *	

1a-CP000114	2388	AAAGTATTTG----TTAATAGGAGGAATTTTCG-----CTTTA	2421
1b-FO393392	2388	AAAGTATTTG----TTAATAGGAGGAATTTTCG-----CTTTA	2421
2-AAJO01000077	2028	CTATCTTTTT----TTACTTTATGCTTTTTATGCATTTCTGAGGTCAATCACAATTACTT	2083
3-AL766849	2352	AGATTATTCT----TTATTTTATGCTCTTTGGG-----TACTT	2385
4-AF355776	2500	CGACCATTTTGAATTTATTCTTTGTTTCATAAGGTTACTTTTATATTAACTTTAA-TTTTT	2558
5-AE009948	2539	CGACCATTTTGAATTTATTCTTTGTTTCATAAGGTTACTTTTATATTAACTTTAA-TTTTT	2597
6-HF952106	2352	AGATTATTCT----TTATTTTATGCTCTTTGGG-----TACTT	2385
7-AY376403	2500	CGACTATTTTGAATTTATTTTTGTACATAAGGTTACTTTTATATTAACTTTAA-TTTTT	2558
8-AY375363	2308	AAATGCCTTTGCA-TACCTTCATGGTCATGAAGT-----TGGAGGGACTA	2351
9-CGBY01000002	2538	CGACTATTTTGAATTTATTCTTTGTTTCATAAAGTTACTTTTATATTAACTTTAC-TTTTT	2596
		* * * * * * *	

1a-CP000114	2422	ACCC--TATTTTCAAAGCCAATG-----CAACTTTTGTT-----	2453
1b-FO393392	2422	ACCC--TATTTTCAAAGTCAATG-----CAACTTTTGTT-----	2453
2-AAJO01000077	2084	ATTC--TAGAAAAGAA-ATAATAATTTTAATAAGTGTAACAATTCTTTTGTCTA----	2136
3-AL766849	2386	ATTT--TAGTACCAA-CCAATGG-----TATCAGTTTTTA-----	2418
4-AF355776	2559	TTTC--TAGCATTAAAGGATATCTCTCTA-----AAAAAGCTTTCTCTATAATAATAG	2610
5-AE009948	2598	TTTC--TAGCATTAAAGGACATCTCTCTA-----AAAAAGCTTTCTCTATAATAATAG	2649
6-HF952106	2386	ATTT--TAGTACCAA-CCAATG-----GTATCAGTTTTT-----	2417
7-AY376403	2559	TCCC--TAGCATTGAAGGATATCTCTCTA-----AAAAAGCTTTCTCTATAATAATAG	2610
8-AY375363	2352	ACCCATCGTTGTTAGAAGCACTGGCTTCAACGA--GTATAAATTT-----	2394
9-CGBY01000002	2597	TTTC--TAGCATTAAAGGATATCTCTCTA-----AAAAAGCTTTCTCTATAATAATAG	2648
		* * * *	

1a-CP000114	2454	-ACTTTTAGCATT-----AATAGTT-----TTACTTA-----TTTGTAGTAGTT	2491
1b-FO393392	2454	-ACTTTTAGCATT-----AATAGTT-----TTACTTA-----TTTGTAGTAGTT	2491
2-AAJO01000077	2137	AATAGTTTTTTTTCAAAGGTAATAGTTGGCTTTCTATTT-----TGATAATATT	2186
3-AL766849	2419	-ATTATTACTATT-----A-TAGTT-----CTATT-----ATT	2444
4-AF355776	2611	GATCGCGTATTTT-----GGGAGTT-----CTATTAAATCAAATTTTTGTGAAATT	2656
5-AE009948	2650	GATCGCGTATTTT-----GGGAGTT-----CTATTAAATCAAATTTTTGTGAAATT	2695
6-HF952106	2418	AATTATTACCATT-----ATAGTT-----CTATT-----ATT	2444
7-AY376403	2611	GATCGCGTATATT-----GGGAGTT-----CTATTAAATCAAATTTTTGTGAAATT	2656
8-AY375363	2395	-ATTATTAGATGT-----CAATT-----TTAATC-----GAGAAGTT	2425
9-CGBY01000002	2649	GATCGCGTATTTT-----GGGAGTT-----CTATTAAATCAAATTTTTGTGAAATT	2694
		* * * ** ** * **	

1a-CP000114	2492	A--TAATGAAAAAATGAAAT-----TTTTAAATATGGCTGAAAT---TTTTTTCATTG--	2539
1b-FO393392	2492	A--TAATGAAAAAATGAAAT-----TTTTAAATATGGCTGAAAT---TTTTTTCATTG--	2539
2-AAJO01000077	2187	A--TTAGGGAGTAGGAAGATAGCTATTGATAGGAT-TATAGATA---GTTTATTAATATG	2240
3-AL766849	2445	A--CTTTGGAAGAGTGAG-----TTTAGAATATCTATAAGCA---ATTCTTCAATAC-	2491
4-AF355776	2657	AGATTTAATAGAAATTAAATA-----TATCAATTTTTATAGGGATGGACAATTTATTCTG	2711
5-AE009948	2696	AGATTTAATAGAAATTAAGTA-----TGTCAATTTTTATAGGGATGGACAATTTATTCTG	2750
6-HF952106	2445	A--CTTTGGAAGAGTGAG-----TTTAGAATATCTATAAGCA---ATTCTTCAATAC-	2491
7-AY376403	2657	AGATTTTGTAGAAATAAAGTA-----TGTCAATTTTTATAGAGATGGACATTTCAATTCTG	2711
8-AY375363	2426	G-----GAGGAAATGG-----TGCATTATATTGGAAAAAAGATACTTTAAACGA	2469
9-CGBY01000002	2695	AGATTTAATAGAAATTAAGTA-----TGTCAATTTTTATAGGGATGGACAATTTATTCTG	2749

* * * *

1a-CP000114	2540	-----TATTT-TATATTATTTATTT---AACT-TC-----AATATT-----	2570
1b-FO393392	2540	-----TATTT-TATATGGTTTATTT---AG-TATC-----AATAGT-----	2570
2-AAJO01000077	2241	TAAGATTATTTTCATTTATAGGCGTTTTAACATTTGTAAACCTTCATATTTTAGAAAATAA	2300
3-AL766849	2492	-----TATTTCTGCTTTGGTTATTT---ATTTATT-----TAT-TT-----	2523
4-AF355776	2712	AGAAGTGACTTAGGTTTTGGTCATCCTAA-CTTTATTCAT----AATTTTTTT-----T	2759
5-AE009948	2751	AGAAGTGACTTAGGTTTTGGTCATCCTAA-CTTTATTCAT----AATTTTTTT-----TGC	2800
6-HF952106	2492	-----TATTTCTGCTTTGGTTATTT---ATTTATT-----TATTT-----	2523
7-AY376403	2712	AGAAGTGACTTAGGTTTTGGGCATCCCAA-CTTTATTCAT----AATTTTTTT-----TGC	2761
8-AY375363	2470	AG----TAATTAAGCGTTGTGAAC TG-----TTGTC-----	2496
9-CGBY01000002	2750	AGAAGTGACTTAGGTTTTGGCCATCCTAA-CTTTATTCAT----AATTTTTTT-----TGC	2799

* * * *

1a-CP000114	2571	GCTA-CATTCTTTGTTTAAA-----AATCCTGATTTTGATAGAA--	2608
1b-FO393392	2571	ATTA-AATTCGTTATTTAGA-----AGTCCAGAATTTTCATAGAG--	2608
2-AAJO01000077	2301	GCAAGTTCTCACA-TATAGATATGGTGAAGTAGTAGCAAGGTATGCATATGGATTTAATC	2359
3-AL766849	2524	GCAA-TACTC----ATTAGA-----GGTACTCAAGAGGATATAA-C	2558
4-AF355776	2760	GCAGTAAGTGTTTTTTTTATAT-----GTA-ACACTTTTTTTATAGAA	2799
5-AE009948	2801	TCTAACTATTTTCTTGTATAT-----TGTACTCAAT----TATAAAC	2838
6-HF952106	2524	GCAA-TACTCAT----TAGA-----GGTACTCAAGAGGATATAA-C	2558
7-AY376403	2762	TCTAACCTTTTTTTTGTATAT-----TGTACTCAAT----TATAAAC	2799
8-AY375363	2497	-TAGAGATTCT--ATTGAGA-----AGTTAGCAAAACAATCGAAAA	2534
9-CGBY01000002	2800	TCTAACCATTTTCTTGTATAT-----TGTACTCAAT----TATAAAC	2837

* * * *

1a-CP000114	2609	-TTTTA-----GCAGCTTTT-----	2622
1b-FO393392	2609	-TCATT-----GCTGCATTC-----	2622
2-AAJO01000077	2360	ATCCCAATACCTTACATGCCTTTTTCTTTATAATAATAATGCTATTTATCTACCGTTTCT	2419
3-AL766849	2559	GTTTCA-----GCGATTTAT-----	2573
4-AF355776	2800	AACTAAG-----ATTAATAAC-----	2815
5-AE009948	2839	GACTAAA-----GCCTGTTGT-----	2854
6-HF952106	2559	GTTTCA-----GCGATTTAT-----	2573

7-AY376403	2800	GACTGAA-----GCTTATTGT-----	2815
8-AY375363	2535	A-----ACAGGTAAGA-----	2545
9-CGBY01000002	2838	GACTAAA-----GCTTGTTGT-----	2853

1a-CP000114	2648	-----CA-----TTGGCTTTTTATCAT-----TATTATA---	2671
1b-FO393392	2648	-----CC-----TTATTATTTTACCAT-----TACTATA---	2671
2-AAJO01000077	2479	TCTATTTTCAGTTGCTAGAACAGGTTATTTTTTAGTAATATTTGCAGTAG-TATTTTACAT	2537
3-AL766849	2609	-----CT-----TTATTTTTTTATAAT-----TATTATA---	2632
4-AF355776	2865	T-----CAAGAACTGGATATTATATAGTACTCTTATTTTATACTTATTATA---	2909
5-AE009948	2904	T-----CAAGGACAGGGTATTATATCGTAATTTTATT-----TATTGTACTC	2945
6-HF952106	2608	-----GCT-----TTATTTTTTTTATAAT-----TATTATA---	2632
7-AY376403	2865	T-----CAAGAACAGGGTATTATATTGTAATTTTATT-----TATTGTACTC	2906
8-AY375363	2573	-----GATGCTTATGAGAAAGT-----TATTCTA---	2595
9-CGBY01000002	2903	T-----CAAGAACAGGGTATTATATTGTAATTTTATT-----TATTGTACTC	2944

1a-CP000114	2703	AAAAGCATTTTT--AT--TTA-----ATGGGTAAATCCTATTTTTTTTTTAGG---GGG	2747
1b-FO393392	2703	AAAATCATTTTT--GT--TTA-----ATGCAATTATTTTGTCTTGTTTAGG---ATT	2747
2-AAJQ01000077	2596	CAGTTTATTGCG---ATGTTTAGTTTGTTATTATTTTCTTTATTTTCTTTAAT---ACT	2649

3-AL766849	2662	AGGAATGTGGTA---AAGGTTA-----ACTATTTTGTGTTGTTTCCTTATAAC---AGT	2708
4-AF355776	2967	CAACTGTTCTTGTTAGCATTTACTTT--TCTTTGCTCTACTATTTTTTTTCAACTCAAAT	3023
5-AE009948	3006	CAATTTTTTTTTATTAGTATTTACCTT--TTTGAGTTCACAAATTTTTTTTAATTCAAAT	3062
6-HF952106	2662	AGGAATGTGGTA---AAGGTTA-----ACTATTTTGTGTTGTTTCCTTATAAC---AGT	2708
7-AY376403	2967	CAGTTTTTTTTTATTAGCATTTACTTT--TTTGAGTTCACAAATTTTTTTTCAATTCAAAT	3023
8-AY375363	2630	CATTAGACTCTAAAAATCAATAATTT--ATTTTTTCTTCATTGTCCTTTTATGGGGATT	2686
9-CGBY01000002	3005	CAACTTTTTTTTATTAGTATTTACCTT--TTTGAGTTCACATTTTTTTTCAATTCAAAT	3061
		** * * * *	

1a-CP000114	2748	AACAT-----ATTA--TTATTGTTTGCATAATAATATTCAAATATCAGTATTT--	2794
1b-FO393392	2748	TCTAT-----ATTA--TTATGCCATATATTTTGATGTAGAGAATGTAAGTCTTT--	2794
2-AAJO01000077	2650	CCTATTGTTTCAAAATTAGATAACCTTTTAAAGTGGTAGAATTTATTACGCGAAGCTTA--	2707
3-AL766849	2709	TTTAT-----ATT----TATTTTTTCC-----TATGCTGAAGCCAACCTTTAT--	2746
4-AF355776	3024	TTTGT---TCAAAAATTAGATAGCCTTTTGACAGGTAGGTTAAACTATGCTCATTTACAG	3080
5-AE009948	3063	TTTGT---TCAAAAATTAGATGTTCTTTTAACAGGTAGATTACACTATGCTCATTTACAA	3119
6-HF952106	2709	TTTAT-ATTT---ATT-----TTTTCCAAATG----AATTTACTACAT-----TCC--	2746
7-AY376403	3024	TTTGT---TCAAAAATTAGATAAGCTTTTGACAGGTAGGTTAAACTATGCTCATTTACAA	3080
8-AY375363	2687	GTTTT----AGGAGGTTCCCAAGTTTTCAAT-----AATTTTGCTATTGATAGTT----	2732
9-CGBY01000002	3062	TTTGT---TCAAAAATTAGATGGTCTTTTGACAGGTAGATTAAACTATGCTCATTTACAA	3118

1a-CP000114	2795	-TTGGTAGAGATTTGATT---GGGTCAG--ACTGGATTAA-----TGGTATGC	2836
1b-FO393392	2795	-TTGGAAGAAATTTAATT--GGATCAG--ATTGGATAAA-----TGGGATGC	2836
2-AAJO01000077	2708	-TCTTAACAGATTCACTTAATTTATTTGGAAATGAAATCAAC-----TATTTTATTG	2758
3-AL766849	2747	-TTGGAAGAGAATTGTTT--TCAATAG--AGTGGTTTCC-----ACATATGA	2788
4-AF355776	3081	CTTGTTAGACGGCTTAACCT---CTTTTTGGAAATAGTTTTAAGGAGACGAGTGTCTTATTT	3137
5-AE009948	3120	CTTGTTAGATGGTTTAACT---CCTTTTGGAAATAGTTTTAAGGAAACAAGTGTCTTATTT	3176
6-HF952106	2747	-TAGGAAGAGATTTATTT--TCAATTG--AATGGATTCC-----TTCTATGA	2788
7-AY376403	3081	CTTGTTAGACGGTTTGACT---CTTTTTGGAAATAGTTTTAAGGAAACAAGTGTCTTGTTT	3137
8-AY375363	2733	-CTCTAAAGTATTTATCT---TATTTTCATCTTATTTTTTA-----TGTATTATTG	2777
9-CGBY01000002	3119	CTTGTTAGACGGCTTAACT--CTTTTTGGAAATAGTTTTAAGGAGACAAGTGTCTTATTT	3175
		* * * *	

1a-CP000114	2837	ATACTCAAAGAGCAATGGGATTTT-TTGA--ATA-----TTCAAACCTTA----	2878
1b-FO393392	2837	ATACGCAGAGAGCAATGGCTTTCT-TTGA--ATA-----TTCAAATCTTA----	2878
2-AAJO01000077	2759	A-----TAGATATATTTTTATTTT-TTCATGATAACAGTTATTCTTCAACACTTGC----	2807
3-AL766849	2789	GAAT--AAGACTTGCGGCATATT-TTGA--ATA-----TGCTACACTAA-----	2827
4-AF355776	3138	GA----TAATAGCTACTCTATGTTATTGAGTATG-----TATGGTGTAGTACTTACCATG	3188
5-AE009948	3177	GA----TAATAGCTACTCTATGTTATTGAGTATG-----TATGGTGTAGTACTTACCATG	3227
6-HF952106	2789	AAGT---TAGACTTACTGCATATT-TTGA--GTA-----TTCAACACT-----	2825
7-AY376403	3138	GA----TAATAGCTACTCTATGTTATTGAGTATG-----TATGGTGTAGTCCTTACCCTG	3188
8-AY375363	2778	TTA---AACTCTTAAGAAATCCC-TTAACCATA-----ATATTTA-----	2813
9-CGBY01000002	3176	GA----TAATAGCTACTCTATGTTATTGAGTATG-----TATGGTGTAGTACTTACAATG	3226
		* * ** * *	*

1a-CP000114	2879	-----TAATTC---CTATTACAGTG-----GTAACATACTTA	2907
1b-FO393392	2879	-----TAATACCCTTAACTATCAT-----AACTAATATA	2907
2-AAJO01000077	2808	---ACTAAGTGGGAATTATTATTAC-----ATTTGGGTA	2837
3-AL766849	2828	-----TTGGTCAGTTTATTTTATT-----TTCTTATCCCA	2857
4-AF355776	3189	TTTTGTATGATAATCTATTATATCTATAGTAAAAAAGTCAATGTAGTTGAGCTCCAGATA	3248
5-AE009948	3228	TTTTGTATGATAATCTATTATATCTATAGTAAAAAGATAATCATAATTGAACTTCAACTA	3287
6-HF952106	2826	---ATTAGGTCAGTTTATTTT-----ATTCACTTA	2852
7-AY376403	3189	TTTTGTATGATAATCTATTATGTTTACAGTAAAGAAATAAGAATAGTTGAACTTCAATTA	3248
8-AY375363	2814	----GTAGATTGGTCTATTTTAT-----ATGTATTTCA	2842
9-CGBY01000002	3227	TTTTGTATGATAATCTATTATATCTATAGTAAAAAGATAATCATAATTGAACTTCAACTA	3286

1a-CP000114	2908	TATATATATAT-ATATAT-GAA----GTTA---AGAAACT---ATTCAA--TTATGAC--	2951
1b-FO393392	2908	TATATATATAT-ATATAT-TAA----GCAA---AGATATA---GCTCAG--GGATGAT--	2951
2-AAJ001000077	2838	TATGTACTT---ATATTT-TAAAACCTCTC---GAAAGTT---AGTGCA--GGATCAT--	2883
3-AL766849	2858	TACTTTTTTTTG-AAACCC-CAAAAACGTAT---GGAAAAT---ATTTTA--ATAT--C--	2903
4-AF355776	3249	CTTTTGTTTATAATGTCTATAGTATTATTTTACAGAGAGTTTTTACCCAA--GTATAGTTA	3306
5-AE009948	3288	CTCCTATTTATAATGTCTATAATATTATTTTACTGAAAAGTTTTTATCCCA--GTGTGGTAA	3345
6-HF952106	2853	TCCGATATT---AT-TTT-TAAAACAGC-----AGAGGT---A-TGGA--GAA-----	2889
7-AY376403	3249	CTGCTATTTATAATGTCTATAGTATTATTTTACAGAGAGTTTTTACCCAA--GTATAGTTA	3306
8-AY375363	2843	TTCTTTTTTATAAT-----TGGAATCTATTTGCAAGATCTACCATTACATAGGATAAT--	2895
9-CGBY01000002	3287	CTCCTATTTATAATGTCTATAATATTATTTTACTGAAAAGTTTTTATCCCA--GTGTGGTAA	3344

1a-CP000114	2952	--CATAGGTGTTGTATTAT-TA-----TTTACCTTTATTTTAC-----	2986
1b-FO393392	2952	--GATACTCGGTGCTCT-TCTC-----TCCACTATTATACTAC-----	2986
2-AAJ001000077	2884	--AATAT-TGCTGCTTTATATTTATTTGTTTCAAATTCCTTGTTATTTTACTCCGAAGAT	2940
3-AL766849	2904	--CTTAC-TGTTG-ACTATATG-----TTCATACTT-TTCTGG-----	2936
4-AF355776	3307	TGAATATTAGTTGGATGGTTTTTTGGGAAAAT--ATTTTGTGGGGGTGTAGATG-----	3357
5-AE009948	3346	TGAATATTAGTTGGCTAGTTTTTTGGTAAAAT--ATTTTGTGATGGTATCGAAC-----	3396
6-HF952106	2890	--AATAT-TTTTA--TCACACT-----ATTCCTAGTTTTTTT-----	2920
7-AY376403	3307	TGAATATTAGTTGGTTAGTTTTTTGGGAAAAT--ATTTTGTGATGGTATTGAAC-----	3357
8-AY375363	2896	---ATATCTTTCATTTTCTATG-----ATCATAAT--TTCTGG-----	2928
9-CGBY01000002	3345	TGAATATTAGTTGGCTAGTTTTTTGGTAAAAT--ATTTTGTGATGGTATCGAAC-----	3395

1a-CP000114	2987	-----CTATTGGATCGGGCTCCA-----	GGGCTGGAATAGTA	3018
1b-FO393392	2987	-----CCATCGGGTCTGGATCTA-----	GAGCTGGTATTATA	3018
2-AAJ001000077	2941	TATATACGCGAGCCATTTTTAAATATTACTTTATTTTTT-----	TATAGGTAAATATA	2992
3-AL766849	2937	-----CGCTAGAAT---ACTATT-----	GGTCTGTA-TGTTG	2964
4-AF355776	3358	-----ATTTACAACGAGAGTTCACTTGGACGGCAAATAAAAAATTAGTGTA		3402
5-AE009948	3397	-----CTATAAAAAAGGAATTTACTATTGTGAATAATATATGACATATTT		3441
6-HF952106	2921	-----GTG---CATATTTGA-----	CAGGGGCAAGAATT	2946

7-AY376403	3358	-----CAATAAAAAAGAATTTACTATTATAGACGATATATGATATATTT	3402
8-AY375363	2929	-----TTTGGCA-----ACTTTA-----ACGGTATCTTT	2952
9-CGBY01000002	3396	-----CTATAAAAAAGGAATTTACTATTGTGAATGATATATGACATATTT	3440

*

*

1a-CP000114	3019	GCTATATTGGCGCAGAT-----GTTTATTCTTCTTCTAAATACA-G--TT--	3060
1b-FO393392	3019	GTTGTGCTACTACAGGTT-----ATAATTTTATTGTTGAATACA-A--TT--	3060
2-AAJO01000077	2993	TATTTAATGAATTAGGAGAGATAAATGAGTGATAAATTTTCAAATAAAATCA-GTGTTAT	3051
3-AL766849	2965	GTTTTATTAGCTTCGCTTC-----TTTTAGATTATATCCTTTTTTAAACTA-A--TTTG	3015
4-AF355776	3403	ATTGTACCAGTATATAATT-----CGAAACAATATT-----TAATAGCTTGCGTTG-	3448
5-AE009948	3442	GCTCTGATATGGCAGGAGGTA-----AGGAAGGAAAATGATACCTAAAGTTATACATTAT	3496
6-HF952106	2947	TTTCTAATT-----TGTATGATAATTTT-----ATTA-G-GTTAT	2979
7-AY376403	3403	ATTCTGATATAGTAGGATGTG-----AGGAAACAAA-TGATACCTAAAGTTATACATTAT	3456
8-AY375363	2953	ATT-TGATAATGTAAAAGATT-----TAAGAAGAGTATCTT-----ATTATATATT--	2997
9-CGBY01000002	3441	GCTCTGATATGGCAGGAGGTA-----AGGAAGGAAAATGATACCTAAAGTTATACATTAT	3495

* *

**

1a-CP000114	3061	--GTCG-TAA-----AGAAGAAAAC-TATAAA-----	3083
1b-FO393392	3061	---GTAATAA-----AAAGACAAAC-GATAAG-----	3083
2-AAJO01000077	3052	AGTTCCTTTATATAATGTAGAGAAATATAT-TATAAATTGTATTTCTTCACTTACGAATC	3110
3-AL766849	3016	AAATTGACCA-----AGAAAAACAC-TTTTAT-----	3041
4-AF355776	3449	-ATTCAATTA-----GAAAACAAACATATAAG-----	3474
5-AE009948	3497	TGTTGGTTTGGGA-----GGAAATCCCT-TACCAGAT-----	3526
6-HF952106	2980	--TACTCTT-----AGAAATA-AT-CATTAAT-----	3003
7-AY376403	3457	TGTTGGTTTGGGA-----GGAAATCCCT-TACCTGAT-----	3486
8-AY375363	2998	-----TTAT-----GGAGTCTTAT-TATCAACT-----	3019
9-CGBY01000002	3496	TGTTGGTTTGGGA-----GGAAATCCCT-TACCAGAT-----	3525

*

1a-CP000114	3084	--ATTTTTTA---TTGTACATACTTCCGT-----TTCTACTA-GTAATAGTAAT	3125
1b-FO393392	3084	--ATTTTTTC---CTGTATTTAGTTCCGA-----TACTAATA-TTACTATTAGT	3125
2-AAJO01000077	3111	AAACTTATCAGAATATAGAAATTATTTTGATAGATGATGGTTCTACTG-ATAATAGTGGT	3169
3-AL766849	3042	--ACTTG-----GTATG-ACTTTCTT-----ATTTATCA-CCGCTTGT---	3075
4-AF355776	3475	-AATTTGGAA-ATTATTCTTGTTAATGATGGATCAACAGATGGTAGTAAAGAGTTATGTG	3532
5-AE009948	3527	-AATTTAAAGAAATATATAAAAACTTGGAGAGAACAATGTCCGGATTATGAAATTATTGA	3585
6-HF952106	3004	AAATTTA-----ACATAAAAAATTACTAAAAAAGCTG---TCTTTTTG-ATAATTATAG-	3052
7-AY376403	3487	-AATTTAAAAAAGTACATAAAAACTTGGAGAGAACAATGTCCAGATTACGAAATTATTGA	3545
8-AY375363	3020	ATACTTGGAATTTTCTATCAAGTTCCCATG-----TTTACTG-----TTGCAG-	3062
9-CGBY01000002	3526	-AATTTAAAGAAATATATAAAAACTTGGAGAGAACAATGTCCGGATTATGAAATTATTGA	3584

* **

*

1a-CP000114	3126	-----GATGTTA-----TAT----TTTGATAAC---	3144
1b-FO393392	3126	-----GATATTA-----CGT----TTTGATAAT---	3144
2-AAJO01000077	3170	AGGATATGCAAAAAATTAGCTCAAGAGGATCATCGTATTATTTA----TTTAAGGAAAGA	3225

3-AL766849	3076	-----TTT-----TCTTATAAC---	3087
4-AF355776	3533	AGGAGATAAG-AAAATCAG-----ATGAAAGAATTAAGACATTTACAAAAACA	3579
5-AE009948	3586	ATGGAATGAGCATAATTAT-----GATGTTAGTAAAAATGT----TTTTATGAGA--	3631
6-HF952106	3053	-GGATA-----ATATTA-----TTATTGGTATGTTTT----TCTTACAAA---	3087
7-AY376403	3546	ATGGAACGAACGTAATTAT-----GATGTTACCAAAAATAT----TTTTATGAGA--	3591
8-AY375363	3063	-----TTGAGGGGG--	3071
9-CGBY01000002	3585	ATGGAATGAGCATAATTAT-----GATGTTAGTAAAAATGT----TTTTATGAGA--	3630

* *

1a-CP000114	3145	-----TTACTA-TCTATATATTATCGTATAATTAAT----TTGCG-ATCCG	3184
1b-FO393392	3145	-----TTGGTG-AGCATATATAATAGAATAATCAAT----TTGCG-GTCGG	3184
2-AAJO01000077	3226	AAATGGTGGGGTTTCTAGTGCTCGAAATTTAGGGCTACAATATGC---AACAGGAAGTT	3281
3-AL766849	3088	-----ATATGG-TCAATAATTGAAAAAATAATTATG---TACAG-AAACC	3127
4-AF355776	3580	AA-TGGAGGACAATCAAGCGCAAGGAATTTAGGTATTTTATACTC---TACAGGAGATT	3634
5-AE009948	3632	-----GAAGCATATACTA-AGAAGAATTTTGCTTATGTTTCTGACTATGCAAGATTGG	3683
6-HF952106	3088	-----GTGGAGT--CTATTA-TCAA---TTA---TATAATACAC---TATAG-ATTTT	3127
7-AY376403	3592	-----GAAGCATATACTA-AGAAAAATTTTGCCCTATGTTTCTGATTATGCAAGGTTGG	3643
8-AY375363	3072	-----TTGGTG-CCACTTCTTTAGGTTTTAATGGGG-----GAATGTT	3108
9-CGBY01000002	3631	-----GAAGCATATACTA-AGAAGAATTTTGCTTATGTTTCTGACTATGCAAGATTGG	3682

* *

1a-CP000114	3185	GGAGTAGTGAATCC-----AGAT----TTTCTTTATATAAA-----GATAC--	3221
1b-FO393392	3185	GAAGTAGTGAATCT-----AGAT----TTTCTTTGTACAAG-----GATAC--	3221
2-AAJO01000077	3282	ACATTGGTTTTTGTA-----GACTCAGATGACTATATATCAAAAACAATGTATGAAAAC	3335
3-AL766849	3128	AAAGTACTATCACT-----AGGA---TGATAGTTTATCAA-----GAAAG--	3164
4-AF355776	3635	TGATTGGTTTTGTTGACAG-CGACGATACAATTGACCCTAAAA---TGTATGAAACGT	3688
5-AE009948	3684	ATATTATTTTATACTTATGGGGGGTTTC--TATCTAGATACTGA-----TGTGGAGC--	3731
6-HF952106	3128	AAAGTAGTAGTACA-----AGAT---TGACAGTCTAT-----TACGAAAG--	3164
7-AY376403	3644	ATATTATTTTACACTTATGGCGGATTC--TATCTAGACACTGA-----TGTGGAAC--	3691
8-AY375363	3109	ACACAAAAATTTCT-----ATGCGATAACTATTCT-----AACTT	3143
9-CGBY01000002	3683	ATATTATTTTATACTTATGGGGGGTTTC--TATCTAGATACTGA-----TGTGGAGC--	3730

*

1a-CP000114	3222	AGTAAACATCGTTA-----TAAAT-----AATTCTT-----TATT	3251
1b-FO393392	3222	CGTACACTCAGTAA-----TTACT-----GACTCAC-----TATT	3251
2-AAJO01000077	3336	TATTAAAGAGATTA-----TTAGAAACTAATGCGGATATCGCCGAAACTGACTTTGCCTT	3390
3-AL766849	3165	TATTATTGAAGTTT-----TAAAA-----GGAAATA-----TTTT	3194
4-AF355776	3689	TACTAAATATATATGAAGATGAACAAGTAGACTGGGTGCA-----ATGTA	3733
5-AE009948	3732	TTTTAAAAAGTTTAGATCCTTTGA-----GGATTCA-----TGAGTGTT	3770
6-HF952106	3165	TATAAGAGCGATT-----TTAGA-----TGGAATTTTC-----CTT	3195
7-AY376403	3692	TTTTAAAAAGTTTAGACCTTTGA-----GAGTTCA-----TAACTGTT	3730
8-AY375363	3144	CATATATACTATTA-----TTTA-----TA	3163
9-CGBY01000002	3731	TTTTAAAAAGTTTAGATCCTTTGA-----GGATTCA-----TGAGTGTT	3769

*

*

1a-CP000114	3252	ATTTGGAGA-----AGGAGTTAAAGAGTTATGGT-TAAA	3284
1b-FO393392	3252	TCTGGGAAA-----AGGTGTAAAAGAATTGTGGT-TAAA	3284
2-AAJO01000077	3391	AATTGATAATAGATTTACGAAAAAAAAAGAGGAAAAAGATAC-AGAAAGTTCTGAA-TAAA	3448
3-AL766849	3195	ATTTGGACA-----GGGTAT--AAGGATTCCA-T-CAAG	3224
4-AF355776	3734	ATCACAAAA-----AAATTT-----ACTCTAAC---GG	3758
5-AE009948	3771	TTCTAGCAA-----GGGAGAT---TAGTTGTGATGTGAA	3801
6-HF952106	3196	ATTGGGCAA-----GGTAT-A-AGAGTTCCTC-CAGT	3225
7-AY376403	3731	TTTTAGCTA-----GGGAGTT---AAGTTATGATGTGAA	3761
8-AY375363	3164	AGTAGGAAAT-----ATGGAGT---AAGGCATAATATAGA	3195
9-CGBY01000002	3770	TTCTAGCAA-----GGGAGAT---TAGTTGTGATGTTGC	3800

*

1a-CP000114	3285	TAGTGATCT-----ACCTTTG-----GGGTCGCA-----TTCAACGTATA-	3319
1b-FO393392	3285	TAGTGATTT-----ACCATTA-----GGATCGCA-----TTCGACCTACA-	3319
2-AAJO01000077	3449	GAAGAAGCTATTAGGGAGTTTTTATCAGGAAATGTGGTTGAAAATAATCTCGTCATAAAG	3508
3-AL766849	3225	TGAAGGAAT-----ATTCTTA-----GGATCGCA-----TTCTACGTATA-	3259
4-AF355776	3759	TGTTAACTTAT-----ATTATAAT--GGACCTGAATACTATAATGTGCTTAATAAACAA	3810
5-AE009948	3802	TACAGGATT-----AATAATTGGCGCTGTAAAGGACATCACT--TTTTAAAATCAAA	3852
6-HF952106	3226	GTGGGAAT-----ATTTTTA-----GGTTCACA-----TTCATCATACA-	3259
7-AY376403	3762	TACAGGACT-----AATTATTGGTGCAATTAGAGGACAAAAAT--TTATAAAAGACAA	3812
8-AY375363	3196	TAGTTATGT-----ACTTT-----GGTTTGAA---TTCTTCCTTATA-	3229
9-CGBY01000002	3801	CACTGGATT-----AATTATTGGTGCAAGTTAGAGGACAAAAAT--TTATAAAAGATAA	3851

*

*

1a-CP000114	3320	----TAGG-----CTATTTCT-----ACAAAA-----	3337
1b-FO393392	3320	----TAGG-----TTATTTCT-----ATAAAA-----	3337
2-AAJO01000077	3509	TTATTTAAAAAACAGTTATTGCTAATCTAAAATTT-----AAAGAAGATGTGATA	3559
3-AL766849	3260	----TTAG-----TGTCTTTT-----ACAGGA-----	3277
4-AF355776	3811	GATTTCTTA-----TACGAATTTCTGAGTACAAATAAGA-----	3844
5-AE009948	3853	TATGTCTATATATGACAAAAGTGA--TTTAACTTCTC---TTAATAAGA-----	3896
6-HF952106	3260	----TTAG-----TATATTTT-----ATAGAA-----	3277
7-AY376403	3813	TATGTCGGTATACGAAGAATCTAAATTTTTTAAGTT-----TTGATAAAA-----	3856
8-AY375363	3230	----TTGA-----TTTCAAATTCAC-----GTACAG-----	3251
9-CGBY01000002	3852	TATGATGGTATATGAAAAATATAAATTTTTTAAATT-----TTGATAAAA-----	3895

*

*

1a-CP000114	3338	-----GTGGCCTGCTGGGATTAATGAA-----	3359
1b-FO393392	3338	-----CTGGCCTATTTGGACTAATAAA-----	3359
2-AAJO01000077	3560	GTTGGTGAAGATATGCTATTTTCTTTGCAGGCCTTACAAAACCTCAGATAGAGTTACAGTG	3619
3-AL766849	3278	-----CTTCTTTTATTAGGA-----	3291
4-AF355776	3845	-----TTTTTAGTTTCAGTCTGCGAG-----	3864
5-AE009948	3897	-----CATGTGTAGAGGTTACAAC-----	3915
6-HF952106	3278	-----CTTCTTTTACGGGGCT-----	3293

7-AY376403	3857	-----CATGTGTAGAAATCACGAC-----	3875
8-AY375363	3252	-----TGTATTTAATTCTAATCAT-----	3270
9-CGBY01000002	3896	-----CTTGTGTGGAAATTACGAC-----	3914

1a-CP000114	3360	-----TATAGTT--CCAGGTTTGC---TTTTAATTTT-----TACTA	3391
1b-FO393392	3360	-----TGTGATT--TTAGGTTTGT---TTCTAATTTT-----TATTA	3391
2-AAJO01000077	3620	GACACTACGAATGCGGATTATT--TTTATGTCGTACGTTCAAATTCAACTATGAATACTA	3677
3-AL766849	3292	-----ATTGTT--CTTTATTT-----TTCTGCCTTTA-----TACTT	3321
4-AF355776	3865	-----GGGTTGTTATCTAGAGATTTAGCTTTAAAAATAA-----AATT	3902
5-AE009948	3916	-----TAATTTATT--GATAAACAGAGGGCTTAAGAATAAG-----AATA	3953
6-HF952106	3294	-----GTTTCTT--TTCTT-----TTCAA-----TA	3312
7-AY376403	3876	-----CAGCTTACT--TTTAAAAAAGGACTGAAAAGTAAA-----AATA	3913
8-AY375363	3271	-----ATTTTATTG-TATAAATAA---TTGGAA-----GTTA	3298
9-CGBY01000002	3915	-----TGACTTACT--TTTAAAAAAGGATTGAAGAATAAA-----GATG	3952

* * * *

1a-CP000114	3392	ATATTGGTAGGAAAG-----CTAAAC-----AATCAGCTTT---	3422
1b-FO393392	3392	GCATTATCAAGGAAG-----CTAAAA-----AGTCAGATTT---	3422
2-AAJO01000077	3678	TTACCGAGAAGGATATCGATAATCTTTCAATACTCGAGCAGGAGTTCAAAAAAATTGATA	3737
3-AL766849	3322	TTAT--ATAAAGAAG-----CGATAT-----CAAAAA-----	3346
4-AF355776	3903	CCGTGAAGAAAAAAA-----ATAT-----GAAGATACACAG-	3933
5-AE009948	3954	TTATTCAAAAGATTG--ATGATATAACAATAT-----ATCCGAGAAATTA---	3996
6-HF952106	3313	TTAC-----TTTTTCTATAT-----AGAGAAGCTA---	3337
7-AY376403	3914	TCATACAAGTTATTG--ATGGTGTCACTATTT-----ATCCAAGACAATA---	3956
8-AY375363	3299	TTATTAAGAA-----TAAAT-----AAAAAG-----	3319
9-CGBY01000002	3953	TCATACAAGTTATAG--ATGGTGTACTATTT-----ATCCAAGACAATA---	3995

* *

1a-CP000114	3423	-----TTATTATGAGA-T-----AGTAGGAACA-----CTTATA	3450
1b-FO393392	3423	-----CTATTATGAGA-T-----AGTAGGGTCT-----GTCATA	3450
2-AAJO01000077	3738	TCCCCCAATTAAAAAG-TTATTTGGAAGCCAAATTAATTGAGAAAAGGTTAAATTTGTA	3796
3-AL766849	3347	-----ATTATAAAA-T-----CTACAGATTA-----TTTTTT	3372
4-AF355776	3934	---TTTTATTTTGATCTC-----ATAAAAAATG-----CTAATA	3964
5-AE009948	3997	--TTTTAATCCAAAGAATTTATTAACAGGTAAGGTT-----GATTGTC	4037
6-HF952106	3338	----TCAAACAAA-----CAGGATAATCTA-----CAAGCTTTTT	3369
7-AY376403	3957	--CTTTAATCCTAAAAATTTGTTGACAGGAAAGCTA-----GATTTTC	3997
8-AY375363	3320	-----CAAAGAATT-----TTA-----GTTTTTA	3338
9-CGBY01000002	3996	--TTTTAATCCTAAAAAGTATGTTGACGGGGAGGTTA-----GATTTTC	4036

* *

1a-CP000114	3451	ACTTTATTCTCA-----TTTTTTG----CACT-----	3473
1b-FO393392	3451	CTCCTATTTTCA-----TTGTTTG----CACT-----	3473
2-AAJO01000077	3797	TCTAGAGTATTAATTAGTAATAAAGCACATTTGTACAGTGATATTATTGATAGATATTTG	3856

3-AL766849	3373	TATACGTTATTA-----TGTTACA---CGCTCTT-----	3398
4-AF355776	3965	AGTTTGTATTATTATAAGCCAA-----CCTTTTTTATA--ATTACTACTAC-----	4005
5-AE009948	4038	TGACTAGTGTTACCTA-----TTCTATA-CATCATTACGAA-----	4072
6-HF952106	3370	TTTGGATTGTTA-TTA-----TTGTATA-TGGTATT-----	3398
7-AY376403	3998	TAACAAATGATACTTA-----TTCTATA-CATCATTATGAA-----	4032
8-AY375363	3339	TCCCCGCTA-TATTTA-----TTTCTTTA----ATTA-----	3365
9-CGBY01000002	4037	TAACAGATGATACATA-----CTCTATA-CACCATTATGAA-----	4071

* * * *

1a-CP000114	3474	-----TGAAGATCTTGAC-----GGAGCTAATTGGCTTATTGT	3506
1b-FO393392	3474	-----TGAAGATATTGAT-----GGCGCCAATTGGCTCATTAT	3506
2-AAJO01000077	3857	CAAGAGGTTAGACACTACAGCATAAAAAATATGATAAACTTTCTTTTCGTCGAAACATTGT	3916
3-AL766849	3399	-----TGAGGAAATAGAT-----CCTAATCATTGGAGTATTGT	3431
4-AF355776	4006	-----AGAAAAAATAGTACAACAACCTTCCTCATATAGTAGCTAT	4044
5-AE009948	4073	-----GGAAGTTGGAAAAGTTCTTCATTTATTTTCAGATTCTCTAAAGAT	4116
6-HF952106	3399	-----TGAAGAATTTGAT-----CCTAATCATTGGAGTGTGT	3431
7-AY376403	4033	-----GGAAGTTGGAAAAGCCATCTATTTTTCCTGATTTCGATGAAAAT	4076
8-AY375363	3366	-----TAGCGATAATATT---TTTTGAATACTTAACCAATAA	3399
9-CGBY01000002	4072	-----GGAAGCTGGAAAAAAGATCATTGTTCCTGATTCCCTAAAGAT	4115

*

1a-CP000114	3507	TT---T--TATTTTTACAGTGTTA-----GGAATTTTAGAAAATAA-GGATTTTTATAGT	3555
1b-FO393392	3507	TT---T--TGTCTTTACAATGTTG-----GGAGTTTTAGAAAATAA-GGATTTCTATAGT	3555
2-AAJO01000077	3917	TTGACTATAACTATTATGAAAATA-----TCACCTAAACTATATAC-ACTTTTATATAAA	3970
3-AL766849	3432	AT---TATTATTCTCA-----ACTTTTGG-----TATAGT	3458
4-AF355776	4045	CAATGGGACATAATCGA-----TATCTGTACTGAGTGTTATTATTATGCAAA	4091
5-AE009948	4117	TAGAGTAAGGCTCATAATTGATTTTTTATTTGGATATGGTACTTAT-AGAATGCTTCTAA	4175
6-HF952106	3432	-----ATTGTTAT-----TTAC-TACATTAGGTAT-A-----GTAGG	3461
7-AY376403	4077	TAGAGTAAGACTTGTAATTGATTTTATATTTGGATATGGAACATAT-AGAAGGCTGTTGC	4135
8-AY375363	3400	TAG---CGACTCCTAT-----ACTTATAGAGTTCAAGGGATA---ATTAA	3438
9-CGBY01000002	4116	TAGATTACGTCTTATAATCGATTTTGTGTTCCGGATATGGAACATAT-AGAAGGATATTGC	4174

*

1a-CP000114	3556	CAACTTAAAAGG---TGGAAAAG-----	3575
1b-FO393392	3556	CAACTTAAAAGG---TGGGAAAG-----	3575
2-AAJO01000077	3971	GTTTTTCAAAAG---CAATAAATATCGGAACGGAG-----	4002
3-AL766849	3459	GGG---AAGGG---CTAAAAAA-----	3474
4-AF355776	4092	GGATTTTAATGGATTGGAAGAAGTTGC-----	4118
5-AE009948	4176	GGTTTCTAAAGT---TAAAGAAATAGTTATTATTGTAATAGAAAGGACGAAATGTTATAT	4232
6-HF952106	3462	G-----AGAGG---GAATGA-----	3473
7-AY376403	4136	GTTTTTTTAAAGT---TAAACAGTAGTCGCTATT-----	4166
8-AY375363	3439	TTTTTTTAA-----TTATTA-----	3453
9-CGBY01000002	4175	GTTTTTTTAAAT---TAAATAGTAGCAGTTATT-----	4205

*

1a-CP000114	3576	-----	3575
1b-FO393392	3576	-----	3575
2-AAJO01000077	4003	-----	4002
3-AL766849	3475	-----	3474
4-AF355776	4119	-----	4118
5-AE009948	4233	ATTTTACTCCTACATTTAACAGAGGCTACCGATTATCCTATCTGTATGATTCTCTATGT	4292
6-HF952106	3474	-----	3473
7-AY376403	4167	-----	4166
8-AY375363	3454	-----	3453
9-CGBY01000002	4206	-----	4205

1a-CP000114	3576	-----	3575
1b-FO393392	3576	-----	3575
2-AAJO01000077	4003	-----	4002
3-AL766849	3475	-----	3474
4-AF355776	4119	-----	4118
5-AE009948	4293	AATCAGACAAATAAAAATTTTATATGGTTGATTGTTGATGATGGTTCTGAGGACAGTACT	4352
6-HF952106	3474	-----	3473
7-AY376403	4167	-----AACT-----	4170
8-AY375363	3454	-----	3453
9-CGBY01000002	4206	-----AATTT-----	4210

1a-CP000114	3576	-----	3575
1b-FO393392	3576	-----	3575
2-AAJO01000077	4003	-----	4002
3-AL766849	3475	-----	3474
4-AF355776	4119	-----	4118
5-AE009948	4353	AAGGAAATTGTAAGTAATTATATAAAAGAGAATAAAAGTTAGTATTGTATATCTGTATAAA	4412
6-HF952106	3474	-----	3473
7-AY376403	4171	---GAAAT---	4175
8-AY375363	3454	-----	3453
9-CGBY01000002	4211	---AAAAT---	4215

1a-CP000114	3576	-----	3575
1b-FO393392	3576	-----	3575
2-AAJO01000077	4003	-----	4002
3-AL766849	3475	-----	3474
4-AF355776	4119	-----	4118
5-AE009948	4413	CGTAATGGCGGTAAGCATTTCAGCCTATAATCTAGCAATGAGATATATGCAACCAAGTGAT	4472
6-HF952106	3474	-----	3473

7-AY376403	4176	-----	4175
8-AY375363	3454	-----	3453
9-CGBY01000002	4216	-----	4215

1a-CP000114	3576	-----TT	3577
1b-FO393392	3576	-----TT	3577
2-AAJO01000077	4003	-----GCTTTT	4008
3-AL766849	3475	-----TG	3476
4-AF355776	4119	-----TTTTT	4123
5-AE009948	4473	TATCATGTATGTGTAGATAGTGATGATTGGTTATTAGAAGATGCAGTTGAAATTATTTTT	4532
6-HF952106	3474	-----T	3474
7-AY376403	4176	-----ATTTTCTTT	4184
8-AY375363	3454	-----TC	3455
9-CGBY01000002	4216	-----ATTCTCTTT	4224

1a-CP000114	3578	AATG-----	3581
1b-FO393392	3578	AATG-----	3581
2-AAJO01000077	4009	ATTG-----	4012
3-AL766849	3477	AAAG-----	3480
4-AF355776	4124	CAAG-----	4127
5-AE009948	4533	AAAGATTTAGAGAGCCTAACGTTGTCTAATAGATATGTAGGCCTTGTTTATCCTCGATAT	4592
6-HF952106	3475	AAAA-----	3478
7-AY376403	4185	AAAG-----	4188
8-AY375363	3456	AATC-----	3459
9-CGBY01000002	4225	AAA-----	4227

1a-CP000114	3582	-----GAAA-----	3585
1b-FO393392	3582	-----GAAA-----	3585
2-AAJO01000077	4013	-----GAAA-----	4016
3-AL766849	3481	-----AAAA-----	3484
4-AF355776	4128	-----	4127
5-AE009948	4593	TCATTAAACCAAGGTAATAATTGGTTGAATCCCAAATATTAGAAGTTAATATTCCTGAT	4652
6-HF952106	3479	-----AAAC-----	3482
7-AY376403	4189	-----AAAT-----	4192
8-AY375363	3460	-----	3459
9-CGBY01000002	4228	-----AAAT-----	4231

1a-CP000114	3586	-----	3585
1b-FO393392	3586	-----	3585
2-AAJO01000077	4017	-----	4016

3-AL766849	3485	-----	3484
4-AF355776	4128	-----	4127
5-AE009948	4653	TTAAATATAAATATCACTTAAAAATTGAACTTGTATTGTTATTAATAATGCTTATTTA	4712
6-HF952106	3483	-----	3482
7-AY376403	4193	-----	4192
8-AY375363	3460	-----	3459
9-CGBY01000002	4232	-----	4231

1a-CP000114	3586	-----AA--CGAATA--	3593
1b-FO393392	3586	-----AA--CAAATA--	3593
2-AAJO01000077	4017	-----AGATTAG----	4023
3-AL766849	3485	-----AG--TAA-----	3489
4-AF355776	4128	-----	4127
5-AE009948	4713	GTAGATTTTCGAATTTCTTGTTCGAAGGGGAGAATTTCTTATCAGAAGAAATAATGTAT	4772
6-HF952106	3483	-----TAGTTAG----	3489
7-AY376403	4193	-----GGAGGAACAATG---	4204
8-AY375363	3460	-----GGACTA-----	3465
9-CGBY01000002	4232	-----GGAGGCACAATG---	4243

1a-CP000114	3594	-----	3593
1b-FO393392	3594	-----	3593
2-AAJO01000077	4024	-----	4023
3-AL766849	3490	-----	3489
4-AF355776	4128	-----	4127
5-AE009948	4773	ATATATTTATCAAAAAAGGGATACTTTTGTCCCCAAAATAGGAAAATCTATTGTTTTGAC	4832
6-HF952106	3490	-----	3489
7-AY376403	4205	-----AAAGTA-----	4210
8-AY375363	3466	-----	3465
9-CGBY01000002	4244	-----AAAGTA-----	4249

1a-CP000114	3594	-----	3593
1b-FO393392	3594	-----	3593
2-AAJO01000077	4024	-----	4023
3-AL766849	3490	-----	3489
4-AF355776	4128	-----	4127
5-AE009948	4833	TACTTAGAAGATGGTTTGACTTCTAATATTTTTAAATTATGGAGAAAAAATTTCAAAGGG	4892
6-HF952106	3490	-----	3489
7-AY376403	4211	-----	4210
8-AY375363	3466	-----	3465
9-CGBY01000002	4250	-----	4249

1a-CP000114	3594	--CTTGTTTCTATCA-----TTATACCTATATACAACCTC-----	3625
1b-FO393392	3594	--CTTGTTTCTATCG-----TTATACCTATATACAACCTC-----	3625
2-AAJO01000077	4024	-----TATTA-----TTATACCGGTATACAATGT-----	4047
3-AL766849	3490	-----CAGTCA-----TTATACCTATATACAACCTC-----	3514
4-AF355776	4128	-----ATTATTTGGTGCATATTCGTTAGTAGCTA-----	4156
5-AE009948	4893	ACTATTTTTTTCATTAGAAAATTCATATATGTATGTAATGTCTTTTCCTAATATATTTGAT	4952
6-HF952106	3490	-----TGTGA-----TTGTTCCAGTTTATAATTC-----	3513
7-AY376403	4211	-----TCATTAG-----TCATACCAGTTTATAATG-----	4235
8-AY375363	3466	-----TTTTCACTTGCTTTTTTGGTGATGCACAGCTTGCTT-----	3500
9-CGBY01000002	4250	-----TCATTAG-----TTATACCAGTTTATAATG-----	4274

* * * *

1a-CP000114	3626	-----	3625
1b-FO393392	3626	-----	3625
2-AAJO01000077	4048	-----	4047
3-AL766849	3515	-----	3514
4-AF355776	4157	-----	4156
5-AE009948	4953	CGCTGGTGGTCAGCTATAAAGATAAAAATGAACATACAGGCTTTGAAAATGACTACTTTA	5012
6-HF952106	3514	-----	3513
7-AY376403	4236	-----	4235
8-AY375363	3501	-----	3500
9-CGBY01000002	4275	-----	4274

1a-CP000114	3626	-----	3625
1b-FO393392	3626	-----	3625
2-AAJO01000077	4048	-----	4047
3-AL766849	3515	-----	3514
4-AF355776	4157	-----	4156
5-AE009948	5013	GGGGTAATACCTACACTAAAGAGTGAAGAGGCTGGGTGGAAAATTTTGTTGGGTTTTAGC	5072
6-HF952106	3514	-----	3513
7-AY376403	4236	-----	4235
8-AY375363	3501	-----	3500
9-CGBY01000002	4275	-----	4274

1a-CP000114	3626	-----AGAAGCA-----	3632
1b-FO393392	3626	-----GGAAGCA-----	3632
2-AAJO01000077	4048	-----TAAGA-AG-----	4054
3-AL766849	3515	-----AGAAGCA-----	3521
4-AF355776	4157	-----ATAAAATTGTA-----	4167
5-AE009948	5073	TATCTTTGGAAGGTAGCAAGGTTTTAAAAAGAGCGAGTAAAGAATGGAATTAATTTCAATA	5132
6-HF952106	3514	-----GGAGTTAG-----	3521

7-AY376403	4236	-----GGGCACCT-----	4243
8-AY375363	3501	-----TTGGAGGA-----	3508
9-CGBY01000002	4275	-----GAGCAAAT-----	4282

1a-CP000114	3633	-----TACCTTAAAGAA-TGTG-----TGCAATCCG-----TA	3659
1b-FO393392	3633	-----TATCTTAAAGAA-TGCG-----TGCAATCCG-----TC	3659
2-AAJO01000077	4055	-----TATCTTAATGAT-TGTA-----TTCAATCTG-----TT	4081
3-AL766849	3522	-----TACCTTAAAGAA-TGTG-----TGCAATCCG-----TA	3548
4-AF355776	4168	-----TATAATAAAGAT-TATA-----GAAAAACCGAAGAATTA	4200
5-AE009948	5133	ATAGTGCCTGTATATAATGGAGAAATATATATTGGGAGATGTCTAGATAGTA-----TT	5186
6-HF952106	3522	-----TGA-TTGAGAAC-TGTG-----TAGAATCTT-----TG	3547
7-AY376403	4244	-----TACATCGAAGAAACAT-----TAGAAAGTG-----TC	4270
8-AY375363	3509	-----ACAACACAGAATTAT-----ACCTA-----TA	3530
9-CGBY01000002	4283	-----CATATCAAAGAAACAT-----TAGAAAGTA-----TT	4309

*

*

1a-CP000114	3660	CTACAACAGACTCATCCATTGATAGAAGTTAT-ACTAA-----TTGATGATGGATCCAC	3712
1b-FO393392	3660	CTACAACAGACTCATTTCATTGATAGAAGTTAT-ACTGA-----TTAATGATGGATCCAC	3712
2-AAJO01000077	4082	ATAAACCAGACTTACAATAATTTAGAGATTAT-TTTAA-----TTGATGATGGTTCTAC	4134
3-AL766849	3549	CTACAACAGACTCATCCATTGATAGAAGTTAT-ACTAA-----TTGATGATGGATCCAC	3601
4-AF355776	4201	AGATAATAG-CTTATTTTTTCAAGAAAAATTT-ATTGAAAATTTTTAAAAATAGATTTAT	4258
5-AE009948	5187	CTTGAGCAAACCTTATCAGAATTTAGAGATTATCA-TAA-----TTGATGATGGCTCTAG	5239
6-HF952106	3548	CTTCAACAAACATACCCAGAAATAGAAATTTT-ATTAA-----TAGATGATGGATCTAC	3600
7-AY376403	4271	ATGGCCACAACCTTATTCAAATCTAGGAAATATTAATTG-----TTG-TGATGGCTCAAC	4323
8-AY375363	3531	ATATAAGAAGTGTA--ATTGGTTGGAATGG--AACAG-----TTGA-GATGCCTTTAT	3578
9-CGBY01000002	4310	ATAGCGCAGACCTACCCCAATTT-GGAAATATTAATCA-----TTGATGATGGGTCAAC	4362

*

*

**

*

*

1a-CP000114	3713	TGATAATAGTGGAGAAATTT---GTGATAATTTATCTCAAGAAGATAATCGCAT-ACTTG	3768
1b-FO393392	3713	TGATAATAGTGGAGAAATTT---GTGATAATTTATCTCAAAAAGACGATCGCAT-ACTTG	3768
2-AAJO01000077	4135	CGATGGTTTCAGGAGACTATT---GTGATGAAATTGCCAAAAAGATAGTCGAAT-TTTTG	4190
3-AL766849	3602	TGATAATAGTGGAGGAATTT---GTGATAATTTATCTCAGGAAGATAATCGCAT-ACTTG	3657
4-AF355776	4259	TGGTCATAGTCGAAAACCTTTC-TGTGATAGTTTCTTATTTTTTCCATTTCTAT--ACAA	4315
5-AE009948	5240	TGATCGCACAGGGGATATTT---GCGAAAAGTATTTTTTGGGAAGACAGGCGAATAAAATA	5296
6-HF952106	3601	AGATAAAAGTAGTCATATTT---GTAATAATTTTTTAAAAAGGGATAGTCGCGT-AAAAG	3656
7-AY376403	4324	TGATTACACATCAGTTATAT---GCCAAAAATACACTTCTAAAGATAAACGCGTGAAATA	4380
8-AY375363	3579	TAAGTATAATGATAAAAAATGGCTTCATTGGATTGTTAGGATATACAGTTGT-TCTACTC	3637
9-CGBY01000002	4363	TGATAATACATCAACTATAT---GTCAGAAGTATGTTTCTAAAGATAAGCGCATGAAATA	4419

*

*

*

1a-CP000114	3769	TATTTTCATAAAAAAAAT---GGAGGGGTCTCTTCGGCAAGGAACCTAGGTCTAGATAAAT	3825
1b-FO393392	3769	TATTTTCATAAAAAAAAT---GGAGGGGTATCTTCGGCAAGGAACCTAGGTCTTGATAAAT	3825
2-AAJO01000077	4191	TGTATCATAAGACAAAC---GGCGGTCTATCAGAAGCTCGAAACGTTGGAATAAAAAATA	4247

3-AL766849	3658	TATTTTCATAAAAAAAT---GGAGGGGTCTCTTCGGCAAGGAACCTAGGTCTAGATAAAT	3714
4-AF355776	4316	AATTTTATTAGAAAAATATAGAGGGAGAGTACAATGATAGAAA-----AAACTATGATAC	4370
5-AE009948	5297	TTTCT-ATCAAGAAAAC---AGAGGCCAATCAGTTGCACGTAACAACGGAGT--ACTTAG	5350
6-HF952106	3657	TCTATCATAAATACAAT---GGAGGTGTATCATCAGCAAGAAATGTGGGACTTGAGATGG	3713
7-AY376403	4381	TTTAT-ATAAAGAAAAT---GGCGGTCAATCCTCTGCTAGAAATTTAGGAGTCAAACCTAG	4436
8-AY375363	3638	TCTTTTTTTTAAAAATAT---AAAGAAAAT-AAAAAATATAAACATAAAAACTG-TAGGA	3691
9-CGBY01000002	4420	TATAT-ATAAAAAAAT---GGAGGTCAATCTTCTGCTAGAAATTTAGGCGTTAACTAT	4475
		* * * * *	

1a-CP000114	3826	CCA--CAGGAGAATTCATAACATTTGTGGATAGTGATGATTTTGTAGCAC-CGAA-TATG	3881
1b-FO393392	3826	CCA--CAGGCGAATTCATAACGTTTGTAGATAGTGATGATTTTGTAGCAC-CGAA-TATA	3881
2-AAJO01000077	4248	GTA--CCGGGAAATATATTACATTTATAGATTACAGACGATTACATCGAAAATTTA-TAT-	4303
3-AL766849	3715	CCA--CAGGAGAATTCATAACATTTGTGGATAGTGATGATTTTGTAGCAC-CGAA-TATG	3770
4-AF355776	4371	CTA---AAAAAATACATTA---TTGTTGGTT-TGGTGGTAATCCTAAGAGTGAACGTGT	4422
5-AE009948	5351	GTGTACAGGAGATTGGATTGCTTTTTTAGACAGTGATGATGTTTATCTTC-CTTA-TTCA	5408
6-HF952106	3714	CAG--AAGGTGAATTTATAACTTTTGTAGATAGCGATGATGTTGTGCGCAC-TAAA-TATG	3769
7-AY376403	4437	CTG--AAGGAGATTGGATTGCTTTCTTGGATTCCGATGACCTCTGCTCAC-C--A-TTCT	4490
8-AY375363	3692	TTA--CTAGTGATTATCCCA--TTATTGATGTCGGCAACTGTTGAGAAC-----TAT-	3739
9-CGBY01000002	4476	CTA--CAAGTAATTGGATAGCTTTCTTAGATTCTGATGATCTTTGTTTCGC-C--A-TTTT	4529
		* * * * *	

1a-CP000114	3882	ATTGAAATAATGTTA-AAAAATTTAAT-CACTGAGAATGCTGATAT-----	3925
1b-FO393392	3882	ATTGAAATAATGTTA-AAAAATTTAAT-CACTGAGGATGCTGATAT-----	3925
2-AAJO01000077	4304	ATTGAAACTTTTATAC-AACAGTTTAAT-TGAGTATAAGGCTGATATTGCTATTGTTAATA	4361
3-AL766849	3771	ATTGAAATAATGTTA-AAAAATTTAAT-CACTGAGAATGCTGATAT-----	3814
4-AF355776	4423	ATTAAAA--TGTAT--CAAATCA--TGGGAAAAATATTGTCCAG-----	4460
5-AE009948	5409	ATTGAGGTTATGTAC--AACATACAGAAAGCTACCAATGCCGATATT-----	5453
6-HF952106	3770	ATTGAAATTATGCTG-AATAATTTGTT-AACGGAGAACGCAGATAT-----	3813
7-AY376403	4491	ATATAGAATATTTAGTAAGAGTGCAGAGTGAAACTGGTGCTGATTTG-----	4537
8-AY375363	3740	ATCGTAA--ATGTAA-----ATTTTAT-----ATTTATGCCAATTT-----	3773
9-CGBY01000002	4530	ATATAGAATGTCTAGTGAGAATTCAACATGAAACTGGTGCTGACCTT-----	4576
		** *	

1a-CP000114	3926	---AGCA-----GAAGTAG---ATTTTG-ATATTTTGAATGA-----G	3956
1b-FO393392	3926	---AGCA-----GAAGTAG---ATTTTG-ATATTTTGAATGA-----G	3956
2-AAJO01000077	4362	AATATCATTTAAAGGATAACGAGAAAATTGTTTCAATTTGGCAAATTCCAAAGAACTTTTTA	4421
3-AL766849	3815	---AGCA-----GAAGTAG---ATTTTG-ATATTTTGAATGA-----G	3845
4-AF355776	4461	---ATTAC-----GAAATTATTGAATGGA-ATGAACAAAAT-----	4492
5-AE009948	5454	---GTTTT-----AACTAGT--ATTGGTAACTTCAACAATA-----	5484
6-HF952106	3814	---ATCA-----GAAATTG---ATTTTCG-AAGTTTCAGATGATTTTT--	3848
7-AY376403	4538	---GTGAT-----AACTGGA--ATCGAAGACCGCCCCAAC-----	4567
8-AY375363	3774	---GTTT-----TTGT--GTTCTAAACTCTCTTAAAAG-----	3801
9-CGBY01000002	4577	---GTAAT-----AACTGGA--ATTGAGGATCACCTTGT-----	4606
		* *	

1a-CP000114	3957	AGAGATT--ATAGAAAGAAGA----AAAGACGAAAC-TTTTATAAAG-----TCTTTTAA	4003
1b-FO393392	3957	AGAGATT--ATAGAAAGAAAA----AAAGACGAAAC-TTTTATAAGG-----TCTTTTAA	4003
2-AAJO01000077	4422	GGGTATTTGATACTAAATGATTTTATAGAGAGTATGTATAGTAGAGAGAATAATTTTATTA	4481
3-AL766849	3846	AGAGATT--ATAGAAAGAAGA----AAAGACGAAAC-TTTTATAAAG-----TTTTTTAA	3892
4-AF355776	4493	-----TATGATGTCAAT----AAAATTACATATACTAGACAAG-----CTTATAA	4533
5-AE009948	5485	-----CTTACAATACTAGT----ATTAATTCACAGTATTTAAAA-----GAGATTA	5526
6-HF952106	3849	-----ATAAAAGAAAAA----AAAGAAAAGGT-TACTATAGAG-----TTTTTTCA	3888
7-AY376403	4568	-----CATAGAATGGAAA-----AACTTACATGTGATAAGT-----CAACTTA	4605
8-AY375363	3802	-----ATTAGAACACAAT-----TTAAACGTATAAGGATATA--ACTTTATTA	3842
9-CGBY01000002	4607	-----TACAGAACGGCAA-----AACTTTCATTTGATAAAC-----TATCTTA	4644

*

* *

1a-CP000114	4004	A-----ACAAT-----AACTC---TTTAAAAGAATTTTTATC-----	4033
1b-FO393392	4004	A-----ACAAT-----AATTC---TTTAAAAGAATTTTTATC-----	4033
2-AAJO01000077	4482	GTACCCTGACAATGGCGCAGC-TAAAATTATATCGTAAGGAACCTTTCTCTGATATAGAA	4540
3-AL766849	3893	G-----AATAAT-----AACTC---TTTGAAAGAATTTTTATC-----	3922
4-AF355776	4534	AGAAGGAAAGTATGCTTTTCGTGTCTGATTATGCTAGATTGGATATTATTT-----	4583
5-AE009948	5527	AA-----CTTTAT-----ACTT---TAGAGGTGGCGTTGGA-----	5554
6-HF952106	3889	A-----ACAAT-----AAGTC---TCTCAAAGAATTTTTTTC-----	3918
7-AY376403	4606	-----CTCAAC-----ACTCAGTGTGGAAGCGACATTAAAC-----	4635
8-AY375363	3843	T-----GCAA-----AATC---TAGTAAGTATTATTCTACCT-----	3871
9-CGBY01000002	4645	-----CTCAGT-----ACTCAGTGTGGAAGAGACACTAAT-----	4674

*

*

1a-CP000114	4034	-----AGGCA-ATAGAGTGGAAA-----ATATTGT-----	4057
1b-FO393392	4034	-----AGGTA-ATAGAGTGGAAA-----ATATTGT-----	4057
2-AAJO01000077	4541	TTTCCCATTGGGAA-AAAATATGAAGA-----TTCTTTTACAACCTTATAAGACATAC	4591
3-AL766849	3923	-----AGGTA-ATAGAGTGGAAA-----ATATTGT-----	3946
4-AF355776	4584	-----ATCAATATGGTGGGAT-----ATATTTAGA-----	4608
5-AE009948	5555	-----AGAAATGTATTATGGGAAAACCTTATGGAGTTTCCC-----C	5590
6-HF952106	3919	-----AGGAA-ATAAAGTAGAAA-----ATGTTGT-----	3942
7-AY376403	4636	-----AGAAATGTACTATGATAA--CTACGGTATTTCTC-----C	4668
8-AY375363	3872	-----GTTTATAATGTAGAAA-----ATTAT-----	3892
9-CGBY01000002	4675	-----AGAAATGTATTATGATAA--CTATGGTATTTCTC-----C	4707

*

*

**

1a-CP000114	4058	-TTGTACAAAAT-----TATATAAAAAAAGTATAATT-----GGCAACTTGAGGTT	4102
1b-FO393392	4058	-TTGTACAAAAT-----TATATAAAAAAAGTATAATT-----GGTAACTTGAGGTT	4102
2-AAJO01000077	4592	ATTGAAGCTAATAGGATTGTTTTTGTTAATAGACCATTAT-----ATGCCTATCGATT	4644
3-AL766849	3947	-TTGTACAAAAT-----TATATAAAAAAAGTATAATT-----GGTAACTTGAGGTT	3991
4-AF355776	4609	--TACAGATGTTGA-----ACTTATAAACCTATTGAC-----GACCTTTTAAATTG	4653
5-AE009948	5591	GTTAGCAAAATTA-----TATCCGAGAAGTAATTTATT-----GAGTAATCCATATC	5637
6-HF952106	3943	-TTGGGGGAAAT-----TATATAAAAAAAGCATTATT-----GGGGATTTACGATT	3987

3-AL766849	4110	TCCGC--AATGAATCAGAAATTC AACGAAAAC TCA-----TTAGAT---TTTATAAC--	4156
4-AF355776	4790	TGTGTGGCAATTACCACAGATTTACTAACAGAGCAAG-GGCTTAAGT----ACATAAATA	4844
5-AE009948	5754	ACT-----AGGACAAAATTC AATGAGAGAATG-----TTG-----TATTT---	5788
6-HF952106	4106	TCTA--TAATGAATCAACAATTTAATAAAAAATACA-----TTAGAC---TTCATTG--A	4152
7-AY376403	4832	ACT-----AGGCAGTCATATAGGGGAGAACATG-----TTA-----TATTA---	4866
8-AY375363	4040	-----AATGGTGGTCTATCTGATGCGCG-----TAA-----TGTAGG--	4071
9-CGBY01000002	4871	ACC-----AGACAGTCATACAAAGAGAATATG-----TTA-----TATTA---	4905

* *

*

*

1a-CP000114	4268	AATTTTTTAATGAAGTAAGTAGTTTGGTTCCTGCCAAATT--GGCTAATTATGTTGAAGCG	4325
1b-FO393392	4268	AATTTTTTAATGAAATAAGCAGTATTGTTTCCTGCAAAATT--AGCTAATTATGTTGAAGCG	4325
2-AAJO01000077	4873	TATTTTAAATGAAC TTCCTTTAAAAAGCGAATAAAATTAGGAATTATTAGGTTCTTACC	4932
3-AL766849	4157	AATTTTTTAATGAAGTAAGTAGTTTGGTTCCTGCCAAATT--GGCTAATTATGTTGAAGCG	4214
4-AF355776	4845	AAATTCAAGTAATAAACGGTATTTTAATTTATCC---TCCAAGTTATTTTTGTCCAGTAA	4901
5-AE009948	5789	---TTTTGAGGCAATT-----CAAATAATATTGTAT--TTATAAATCTAAA	5830
6-HF952106	4153	TATTTTTTAATGAGATTCATCAGGATAGTCCGACAGAATT--GTTTAATTATGTGGAAGCG	4210
7-AY376403	4867	---TTTTGATGCAATG-----CAACATAATAGAGACT--TTATTCTTGAACG	4908
8-AY375363	4072	---TTTAGAAG-----CAGCAAAAGGGGACTATATTATTTTTGTAGA	4110
9-CGBY01000002	4906	---TTTTGAAGCAATG-----CAACATAATAGAGATT--TTATCCTTGAACA	4947

**

**

1a-CP000114	4326	AAATTTTTTAAGAG--AAAAGATAAAGT-GTCTCCGAAAAATGTT-----TGAATTAG	4374
1b-FO393392	4326	AAATTTTTTAAGAG--AAAAGGTAAAGT-GTCTCCGAAAAATGTT-----TGAATTAG	4374
2-AAJO01000077	4933	ATTTATTAAACGGTTAAAATACCAATTTATTGAAAGTAGATGATATGCAACATATATTAG	4992
3-AL766849	4215	AAATTTTTTAAGAG--AAAAGATAAAGT-GTCTCCGAAAAATGTT-----TGAATTAG	4263
4-AF355776	4902	ATATGTT-----AACAAATAAAAT-AAATATAAAAGAGGAA-----ACATTAA	4943
5-AE009948	5831	TTTTCC-----ACATAATAC-ATCTTTAATCTCTGCTG-----TAATATA-	5869
6-HF952106	4211	AAGT-TTGTACGAGAAAAA-ATCAAGT-GTTTAAGGAAAATGTT-----TGAATTAG	4259
7-AY376403	4909	TTATTC-----AGACAAAGA-AC---TAATCGATGCTT-----TAAATTA-	4944
8-AY375363	4111	TAGC-----GATGATTTTCAT-----ATCTCC-----TAACTTAG	4139
9-CGBY01000002	4948	TTATTC-----AGATAAAGA-AC---TAATTGATGCTT-----TAAATTA-	4983

*

**

1a-CP000114	4375	-----GTAGTAATATTGACAATAAAATCAAAGTACAACG	4408
1b-FO393392	4375	-----GTAGTAATATTGACAGTAAAATCAAATTACAACG	4408
2-AAJO01000077	4993	CAATTATTAGTTATAAAATGACACATGCATTAAAATGTACCGTAGATTTATTGAAAAATG	5052
3-AL766849	4264	-----GTAGTAATATTGATAATAAAATCAAAGTACAACG	4297
4-AF355776	4944	C-----GATTACCATTATGGACGAAATTGGGGAGGAGAA	4978
5-AE009948	5870	-----TAATGAAG-TATTTGGTGGGAATAGATATAT	5898
6-HF952106	4260	GAG-----AAATAGCTGATG---AAAATTTAC-----GTTTACAGA-----G	4293
7-AY376403	4945	-----TAAAACTG-TAATTGGAGGAATGTGGATCG	4973
8-AY375363	4140	-----TTTCTCATCTCATGGCATGTCTGGAAAATTATG	4172
9-CGBY01000002	4984	-----TAAAACTG-TAATTGGAGGAATGTGGATCG	5012

1a-CP000114	4409	AGA--GATTTT-----TTTCAA--GAC---ATTAAATCATA--CCCGTT	4444
1b-FO393392	4409	AGA--GATTTT-----TTTCAA--GAT---GTTAAATTATA--CCCTTT	4444
2-AAJO01000077	5053	ATATGGATATAGTTATACACGTTGATGCCAAAAGTGAT---ATAAAACAATA--TG-ATT	5106
3-AL766849	4298	AGA--GATTTT-----TTTCAA--GAC---ATTAAATCATA--CCCGTT	4333
4-AF355776	4979	AAAAAATA-----ATTGATTTAGGTAGAATAAAGTTAGGGGTTTCATT	5021
5-AE009948	5899	GTGGGAAGATG-----ATTGATTTTAAAT-TATATGATACAG--TTGATT	5940
6-HF952106	4294	ATATAAATTT-----TGGCAA---GAT---ATTAAATCATA--T----T	4325
7-AY376403	4974	TTAATAAGCTT-----CTAGAAGTTGATA-AATACGATTATA--TTAATT	5015
8-AY375363	4173	AAGCGGATCTT-----GCAATTTGTGATCCAGTTCATTTTTTA-----TT	4211
9-CGBY01000002	5013	TTAATAAGCTT-----TTAGAAGGAGATA-AGTACGATTATA--TTAATT	5054

*

*

*

1a-CP000114	4445	CTATAA-----AGCGGTAAA-----	4459
1b-FO393392	4445	CTATAA-----AGCGGTAAA-----	4459
2-AAJO01000077	5107	CGATAAAAGAATTTGTAACCTTTCACAGAAGAAAGATAGATGTTTCGTTGGGGACACTATT	5166
3-AL766849	4334	CTATAA-----AGCGGTAAA-----	4348
4-AF355776	5022	TACTAC-----TAGATAAG-----	5035
5-AE009948	5941	ATTACA-----GAAAAAAA-----	5954
6-HF952106	4326	CAATA-----TGCAA-----AGCAATAAG-----	4344
7-AY376403	5016	CTTTGA-----GAAGTGAA-----	5029
8-AY375363	4212	TGG-----GAGGTAATC-----	4223
9-CGBY01000002	5055	CTTTGA-----GAAGTGAA-----	5068

*

1a-CP000114	4460	-----ATACTT-----ATC--ATTAAAGGGATTATT	4483
1b-FO393392	4460	-----GTACTT-----ATC--ATTAAAGGGATTATT	4483
2-AAJO01000077	5167	CTCAGATTTTAGCTATGTTAGTTCTTTTAAATATATGAAGTCCAAAGAAAAATATCATT	5226
3-AL766849	4349	-----ATACTT-----ATC--ATTAAAGGGATTATT	4372
4-AF355776	5036	-----ATATTTGGAT-----ATGGAACGTACAGAA	5060
5-AE009948	5955	-----T-----ATAGAAAATATTTTA	5970
6-HF952106	4345	-----GTTCTT-----ATCTAAA-AAACATATCTGT	4369
7-AY376403	5030	-----T-----ATAGAAAATATTACA	5045
8-AY375363	4224	-----AAGAGACACACGAGA	4238
9-CGBY01000002	5069	-----T-----ATAGAAAATATTATA	5084

*

*

*

1a-CP000114	4484	AAGCTTTTAT--TTAATGAAAT---GTTACCTAACTATATGTTATGGCATATAGAAGA	4538
1b-FO393392	4484	GAGTATTTAC--TTAATGAAAT---GTTACCCATCTTGTATATAAAATTATATGACAGG	4538
2-AAJO01000077	5227	ATATTTCTATTATTAGTGAAAGCGACATCCCATTAACAAAGGTAAGAAAT-TAATACT	5285
3-AL766849	4373	AAGCTTTTAT--TTAATGAAAT---GTTACCTAACTATATGTTATGGCATATAGAAGA	4427
4-AF355776	5061	ATATT-----TTAAAGGCAG-----TAAAAAATAGTAAGGTAT-CAAAGGT	5101
5-AE009948	5971	AGACTATTCTCTTTAATAATAG--GATTAGTGTGAAGGAGAAGGTAAATATATATTATT	6028
6-HF952106	4370	ACGTT--ATATTTGATGAAAT--ATTTTCCGT-ACGTATATATAAAGATGTATAATAAA	4423

7-AY376403	5046	AGAGTATATTATTTTAATAAACG--TGTGACAATAAAAGAAAAAATAAAATATCTGTCATT	5103
8-AY375363	4239	AAAAT---ATTTTTTAAAAACA-----TTCAAACATTCATTTATTAACAAATGAAGAAGC	4290
9-CGBY01000002	5085	AGAGTATATTATTTTAATAAGCG--AGTTACAATTAAAGAAAAAATAAAATATTTTTCATT	5142

**

*

1a-CP000114	4539	TTTCAAAAACAGTA-GCTGG--AGAAATTGGGAAAGAGAATTTATAACT-TCATGA-T--	4591
1b-FO393392	4539	TTTCAAAAACAGTA-AGTAATCAAAAATT---AAATTAACCTCAATTACC-TTTTAAAT--	4591
2-AAJO01000077	5286	TTTTTAACCTTCATAAAGGTAAAGAATTCATAGGTATGGTTTCTAACG--AGCAAAT--	5341
3-AL766849	4428	TTTCAAAAACAGTA-GCTGG--AGAAATTGGGAAAGAGAATTTATAACT-TCATGA-T--	4480
4-AF355776	5102	AACCTGATTATTCATTTAAAT-AGTAATCTT----GTCAACTAATAATT--TATAGGA--	5152
5-AE009948	6029	TATTTCTCTATAAGATATTT-CACTATTGT-AAGAAAAATATATAATT----TGAGGTT	6082
6-HF952106	4424	TTTCAA-----AGCAATAACTAAGTCATA-----CAAT---ACTAGGA--	4459
7-AY376403	5104	TATTTCTCAATGA-ACCTGT-TTTTATTCTTAAGAAAGATTTACAACCTATAGTGAGG--	5159
8-AY375363	4291	GATTTG-----TGAACTTTT-----TTATCAAAAAACATTTTTAGTT-----	4327
9-CGBY01000002	5143	TATTTCGTCAATGA-ATTTAT-TTTTATTTTTTAAAAAATTTTATAACTATAATGGGA--	5198

1a-CP000114	4592	AAAGAAAATTGAAAAGGATTTAAT-AAGTGTAATTGTACCTATTT-----	4635
1b-FO393392	4592	TATAGGAGTTGAAAATGAATTA---TAGTATCATTATGTCGGTAT-----	4633
2-AAJO01000077	5342	GAGTGATTTTGAGTATGATAAACTCAAGTATAACTATCCTGATTTTTGTTTTCTAAAAG	5401
3-AL766849	4481	AAAGAAAATTGAAAAGGATTTAAT-AAGTGTAATTGTACCTATTT-----	4524
4-AF355776	5153	-AGTAATAATGGAAAATATTTTAATTAGTATAATTATTCCGATAT-----	5196
5-AE009948	6083	ATCAAGGAATGGATAAAGTT-----AGTATCATTATCCCAGTTT-----	6121
6-HF952106	4460	GGATAATTTGAAGTAT-----AGTGTCATCATGTCAATTT-----	4494
7-AY376403	5160	GATAAATTATGAAAAAGATC-----AGTGTTATTATCCCCGTTT-----	5198
8-AY375363	4328	--TCGGCTTGGGGAAAAGTT-----TATAAAAGTCTATTTTTT-----	4363
9-CGBY01000002	5199	GATAAATTATGAAGATGATT-----AGTATCATTATCCCAGTTT-----	5237

*

* * *

* *

1a-CP000114	4636	----ATAATG-----TTGAAGATTAT-----TTAGTTGAATGTATAG-----AA	4670
1b-FO393392	4634	----ATAATGAG-----CCTTTAAATTAT-----GTGAGAGATTTCAGTAG-----AA	4671
2-AAJO01000077	5402	AGGAATATTTAAAAAATTTATAGAGGTACCAAAGTTTATAGGTTCTTTAA-AAATGCAA	5460
3-AL766849	4525	----ATAATG-----TTGAAGATTAT-----TTAGTTGAATGTATAG-----AA	4559
4-AF355776	5197	----ATAATG-----TAGAAAAATTC-----TTAGAGGAATGTATTG-----AT	5231
5-AE009948	6122	----ATAACG-----TTCAATCTTTC-----CTAAACGAGTGTATAG-----AA	6156
6-HF952106	4495	----ATAATGAA-----CCATTGAAGTAC-----ATTAAATCTTCAATAGATTCAA	4536
7-AY376403	5199	----ACAATG-----TTCAATCTTTT-----CTAAATGAATGTATAG-----AT	5233
8-AY375363	4364	---GATAAT-----ATTAGGTTTCCAA-----AA	4384
9-CGBY01000002	5238	----ATAATG-----TTCAATCTTTC-----CTAAACGAGTGCATAG-----AA	5272

* *

*

*

1a-CP000114	4671	AGCCTTATTGT-T-----CAAA-----CATATCGAAA----	4696
1b-FO393392	4672	T-CTATATTAAAT-----CAAA-----CGCTTACTGA----	4697
2-AAJO01000077	5461	GGTATTATTCCCTACCTCCTCTTCGTAAGGGAAGTCAGTGGTTTACTATTTCAAGAGAGT	5520

3-AL766849	4560	AGCCTTATTGT-T-----CAAA-----CATATCGAAA----	4585
4-AF355776	5232	AGTGTTTTTAAA-----TCAA-----CTTATAAAAA----	5257
5-AE009948	6157	AGTGTTTTTAGC-----TCAA-----CTTATTCAA-----	6182
6-HF952106	4537	--TTTTAT-----CACAA-----ACATTAAAAAACT	4560
7-AY376403	5234	AGTGTTTTGGC-----TCAA-----CGTATTCAA-----	5259
8-AY375363	4385	GGT-----AAG-----TTATTTGAAGA----	4401
9-CGBY01000002	5273	AGTATTTTAGC-----TCAA-----CTTATTCAA-----	5298

* * * *

1a-CP000114	4697	-TATTGAAAT-AT-TATTGATTAAT--GATGG----TTCGAC-----GGATAATTGTG	4740
1b-FO393392	4698	-TTTTGAGTT-CA-TAATTGTCATT--GATAA----TCCAAGTA----GAGGTGATT-TA	4743
2-AAJO01000077	5521	TTACTGACTGGAT-TATTGGATATTTAGATAAACACCCAGATTATCAG-GAGGCTTTTTTG	5578
3-AL766849	4586	-TATTGAAAT-AT-TATTGATTAAT--GATGG----TTCGAC-----GGATAATTGTG	4629
4-AF355776	5258	-TATAGAAAT-AC-TGTTAGTAGAT--GATGG----TTCAAC-----GGATAATTCCAG	5301
5-AE009948	6183	-TTTAGAAATTAT-T-CTAGTTAAC--GATGG----CTCTAC-----AGATAATTCCG	6226
6-HF952106	4561	TT---GAATTTAT-TATTGTG-ATT--GATAA---CCCTGA---CAGAGAAGATGTATA	4606
7-AY376403	5260	-TTTAGAAATTAT-T-TTAGTTGAT--GATGG----CTCTAC-----GGATACTTCTG	5303
8-AY375363	4402	-TAGCGCAGTAATGCATTTATTATT---TGA-----GAAAAGCAATA	4439
9-CGBY01000002	5299	-TTTAGAAATTAT-T-CTAGTTAAC--GATGG----CTCTAC-----AGATAATTCCG	5342

* * * *

1a-CP000114	4741	CGACA-----ATTGCCAA-AGAATTTTCTGAAA-----	4767
1b-FO393392	4744	AAGCA-----ATTCTTAACAGAATATTCAGTTG-----	4771
2-AAJO01000077	5579	TCATAGCTATTGTGGAGATGAATTATTTTTTCAAACATTACTAGCTATCTCTCCATTTCA	5638
3-AL766849	4630	CGACA-----ATTGCCAA-AGAATTTTCTGAAA-----	4656
4-AF355776	5302	GAAT-----TATCTGTGATAATTATAGCCTG-----	5327
5-AE009948	6227	GGG-----ATATCTGTGATTATTATTTCAGAA-----	6252
6-HF952106	4607	TGATA-----TTTTGCAAACATATCTAGCAA-----	4632
7-AY376403	5304	GGG-----ATATCTGTGACTATTATTCAAAA-----	5329
8-AY375363	4440	AGAT-----TGTTTATTTCGAAT----GCAA-----	4460
9-CGBY01000002	5343	GGG-----ATATCTGCGATTATTATTTCGGAA-----	5368

* *

1a-CP000114	4768	-----GAGATTGTAGAGTTA----TCTATATAGAAA-AGTCGAATGG-----TGGG	4808
1b-FO393392	4772	-----TAGATAATAGAATAAAAAAT-CTTGCTTAATGA-AGA-AAATAT-----TGGT	4815
2-AAJO01000077	5639	AGAAAGGGTGATG-AATAATAAAGATGACTGTCTCATGGGAGGGAGATATATTATTGGG	5697
3-AL766849	4657	-----GAGATTGTAGAGTTA----TCTATATAGAAA-AGTCGAATGG-----TGGG	4697
4-AF355776	5328	-----AAAGATAAACGAATCA----GGGTATTTTCATAAGAAT--AATGGA-----GGT	5369
5-AE009948	6253	-----ATAGATGGGCGTATA---TTCGTTTTTTCACAAAAAT--AATGG-----TGGT	6294
6-HF952106	4633	-----GCGATGCAAGAGTAAAGT-ATTATCAAATGAGAG--AAATAT-----GGG	4675
7-AY376403	5330	-----AAAGATAGACGTATA---TTAGTTTTTTCATAAGAAT--AATGG-----TGGC	5371
8-AY375363	4461	-----AACTGTACGCATA-----TGT-TCATAGGAAA--GATAG-----TATT	4495
9-CGBY01000002	5369	-----ATAGATGGGCGTATA---TTCGTTTTTTCACAAAAA--AATGG-----TGGT	5410

* * * *

1a-CP000114	4809	-----TTGTCTAGAGCTAGAG-----AACTATGGAATTTATCATTCAAAGG	4848
1b-FO393392	4816	-----TTAGCATCAAGTTTG-----AACAAAGCGGTGAAAATTTCTGAGG	4855
2-AAJ001000077	5698	AGGCTGATAAGACATCACCTTGCGATTTATTTGCTGAAAAAGTGTTAGAATATAGGAAAG	5757
3-AL766849	4698	-----TTGTCTAGAGCTAGAG-----AACTATGGAATTTATCATTCAAAGG	4737
4-AF355776	5370	-----TTATCCGATGCTCGG-----AATTTTGGTGTAGTAAATGCTGAAG	5409
5-AE009948	6295	-----TTATCAGATGCTCGT-----AATTATGGAATTAGTAGAGCTACTG	6334
6-HF952106	4676	A-----TTAGCTTATAGTTTA-----AACAAAGCTATAAAATATTC-----	4711
7-AY376403	5372	-----TTATCTGATGCCAGA-----AAAAAAGAAAATAGTAGAGCTACTG	5411
8-AY375363	4496	A-----CTACTAGTCAATTTT---CTGAACGTGATTTAGACATTTTAGATA	4538
9-CGBY01000002	5411	-----TTATCAGATGCTCGT-----AATTATGGAATTAGTAGAGCTACTG	5450

1a-CP000114	4849	-----GAAAATAC-TTAACT--TTTG--TTG-ATTCAGA-----TGATAAAGTTTCCT--	4890
1b-FO393392	4856	-----GAGAATA---TATTT--TTAGAATGG-ATGCTGA-----TGATA---TTTCATAT	4896
2-AAJO01000077	5758	AAGCTGAGAGTGC-TTTATTCTTTAGAAAAAGTATCTGAAGAAAGCGAT----TTTGATGT	5812
3-AL766849	4738	-----GAAAATAC-TTAACT--TTTG--TTG-ATTCAGA-----TGATAAAGTTTCCT--	4779
4-AF355776	5410	-----GGCGGTATATTTCTTTTATTG-----ATTCAGA-----CGATTAT-ATTGATA-	5451
5-AE009948	6335	-----GCGATTATATTTATTTACTTG-----ATTCGGA-----TGATT A---TCTATA-	6374
6-HF952106	4712	-AGTTGGAAAT---TATATT-TTTAGAATGG-ATGCGGA-----CGATA---TTTCATAT	4757
7-AY376403	5412	-----GAGATTATATTTATTTACTTG-----ACTCTGA-----TGATT A---TTTATA-	5451
8-AY375363	4539	-----TAAGTATCAAA-----ATTTTGA---AGCGATACAAGTCTTTCC	4574
9-CGBY01000002	5451	-----GCGATTATATTTATTTACTTG-----ATTCGGA-----TGATT A---TCTATA-	5490

1a-CP000114	4891	CTGATTACAT-----AGCGAA--TTTGTATAATGCTATTCAAAAACATGA-----TTC	4936
1b-FO393392	4897	CCAAGTAGATTTGAT-AAGCAA--TTCGTTTTATG-----GAGGAAAA-----TTC	4940
2-AAJO01000077	5813	TTATATGCATCTATT-AAATAA ACTTTAAATTAAGGA----GAAAATATTGAACTTTT	5866
3-AL766849	4780	CTGATTACAT-----AGCGAA--TTTGTATAATGCTATTCAAAAACATGA-----TTC	4825
4-AF355776	5452	AAAATTATATTAGAA-AAATGTATTATTGTTTAAGTA-----ATCATAAAG-----T	5497
5-AE009948	6375	TAAAGAAGATGCAATCGAGAGAA---TGGTTGAATTT-----AGCGAGAAA-----	6417
6-HF952106	4758	CCAGAAAGATTTGAA-AAGCAA--TTAACTTTATGG-----AAAAGTATC-----	4800
7-AY376403	5452	TAAAGAAGATGCAATTGAGGAAA---TGGTTGGATGT-----AGTAAGGGA-----	5494
8-AY375363	4575	CTAAA--ATTTATC-AGGCAG---CTATTT CATAT-----AAAATT-----T	4610
9-CGBY01000002	5491	TAAAGAAGATGCGTTTCGAGAGAA---TGGTTGAATTT-----AGCGAGAAA-----	5533

1a-CP000114	4937	GTCTATAGCTA-----TCGGTGGCTATT-TAGA-----ATTTTATGAAAG--ACATA	4980
1b-FO393392	4941	AT-TGGATTTC-----TCAGCAACTCTAATAGA-----AT----TGATAG--ACCAA	4980
2-AAJ001000077	5867	ATTTATTGTTCCATATTTTGGAAAAATTTAATAGTTATTTTCAGTTATTTTTTAA--ACTCA	5924
3-AL766849	4826	GTCTATAGCTA-----TCGGTGGCTATT-TAGA-----ATTTTATGAAAG--ACATA	4869
4-AF355776	5498	AGATATGGTTA-----TCTGCAATTATTTGAGT-----GTTTATAATAATGACTTG	5543
5-AE009948	6418	---TATAATTC-----AGAAATTGTTTTAGG-----GTGTTATGTTGA--A-AAA	6456
6-HF952106	4801	ATTTAGACTTC-----TCAGCAACTTTAATAGA-----AGTTATGGATGA--AGATG	4845

7-AY376403	5495	---TATGATTC-----AGATATTGTTTTAGC-----ATGTTATGTTGA--A-AGA	5533
8-AY375363	4611	CTGCGTGTTTT-----AGAGTTATCTTGAA-----TGCTCCAA--ACATA	4648
9-CGBY01000002	5534	---TATAATTC-----AGAAATTGTCTTAGG-----GTGTTATGTTGA--A-AAA	5572
		* * *	
			*

3-AL766849	4957	--CAATT-----TTTATTACTG-----CATGGGGAA--AATTATTCCA---	4990
4-AF355776	5632	TTACAAC-----AGCCTGGGG-----AAGTTTAA-----	5655
5-AE009948	6554	ATAGAGC-----TATTTTTACTG-----TAGCACATAATAAATTATA-----	6590
6-HF952106	4932	TCACATC-----CCACTTGGTG-----TGTTAAAAGAGCAGTATTT-----	4967
7-AY376403	5631	ATAAAGC-----TATTTTTACTG-----TAGCACATAATAAATTATA-----	5667
8-AY375363	4709	----ATT-----TTATTTAATA-----AAAAAACTCGAA--	4733
9-CGBY01000002	5670	ATAGAGC-----TATTTTTACTG-----TAGCACATAATAAATTATA-----	5706

* * *

1a-CP000114	5102	--TAAATCT---AT---AT--TCAATGATTTAGAA-----TTTGCATTAAATA	5139
1b-FO393392	5109	--TAAGTTA---ATGGGAT--ATAGAGATTTAGTA-----CCTGT-----TG	5143
2-AAJO01000077	6157	ATTGTGACTTAGATATTATCTTTGGTGATTTAGATGGATTTTTACATCCCATACTAAATA	6216
3-AL766849	4991	--TAAATCT---AT---AT--TCAATGATTTAGAA-----TTTGCATTAAATA	5028
4-AF355776	5656	--TAAGAAC-AGAT--ATCGCTAAGAAAGTAACA-----TTTCCAATTGGTA	5697
5-AE009948	6591	--TAAGAGA-GAATT--ATTTTCTACGCTGTGCTA-----TCCAGTA---GGGA	6631
6-HF952106	4968	-TTAAGGCT-AGATG-----GATATAGAAACATTGTT---CCTGCA-----G	5004
7-AY376403	5668	--TAAGAGA-GAATT--ATTTTCTACAATGTGTTA-----CCCAGTA---GGAA	5708
8-AY375363	4734	--TAAAAAC-----TAAATTAGCA-----	4750
9-CGBY01000002	5707	--TAAGAGA-GAATT--ATTTTCTACGCTGTGCTA-----TCCAGTA---GGGA	5747

* *

1a-CP000114	5140	AGTATCATGAGGATGAATTCTTTAACTATAA-AGCATAC-----TTAAAAGCTAATTCTA	5193
1b-FO393392	5144	AAGATTATGA-----TTTTGCAATAA-GAGGAGC-----TCT--GGCTGATTTCA	5185
2-AAJO01000077	6217	AAGGCTTTGATAA--AATTTTTGAGCTAGGTCATTGTACGATTATTAAGAATGAATCACG	6274
3-AL766849	5029	AGTATCATGAGGATGAATTCTTTAACTATAA-AGCATAC-----TTAAAAGCTAATTCTA	5082
4-AF355776	5698	AACTACACGAGGATGAATTTACAACCTTATAA-ATATTAC-----TTATATTTCAGATAAAA	5751
5-AE009948	6632	AGTTACACGAAGATGAATTTTTAACCTATAA-ATTATAT-----TTGAAAGCCAAAAATA	6685
6-HF952106	5005	AGGATTATGAT-----TTTTTACTAAGGTTAGCGT-----TGTCAGGAATTAAATGTG	5052
7-AY376403	5709	AACTACACGAAGATGAATTTCTAAGTTTATAA-ATTATAT-----TTGAAAGCAAAAAATA	5762
8-AY375363	4751	-----TTAATTTCAATTGTTTTAT-----TTA--AACCGTTTATA	4783
9-CGBY01000002	5748	AATTACACGAAGATGAATTTTTAACCTATAA-ATTATAT-----TTGAAAGCCAAAAATA	5801

*

1a-CP000114	5194	TAA---CATACATAGACAAGCCTCTCTATCATTATCG--TATACGAGTA-----	5237
1b-FO393392	5186	AAATCGGCTTACTCAATAAAGTACTTTTA-CAGTATAGATTAAACGAGAA-----	5234
2-AAJO01000077	6275	AAT-----AAATCGAATGTTTCCTTTCTACAGTTAATG--GGGTGAAAATAGGACAAAA	6325
3-AL766849	5083	TAA---CATACATAGACAAGCCTCTCTATCATTATCG--TATACGAGTA-----	5126
4-AF355776	5752	TAG-----CCTTTGTACCAGAACCAC-TATATTTTTTA-----	5782
5-AE009948	6686	TAA-----TTTTCTTTAGATATAATACTTATGCATA-----	6716
6-HF952106	5053	GTT-----TAATCG-----GTGATA-----	5067
7-AY376403	5763	TAA-----TTTTCTTTGATATAACACTTATGTATA-----	5793
8-AY375363	4784	AAA-----TTTATTTATA-----	4796
9-CGBY01000002	5802	TAA-----TTTTCTTTAGATATAATACTTATGCATA-----	5832

1a-CP000114	5238	-----GGTAGTATCATGAAT-AATAG--TGATAA-	5263
1b-FO393392	5235	-----TGGAATATCACAAACCAATAA--GTTTAAG	5262
2-AAJO01000077	6326	AGCTCTAAGTTCTTCCAAAATCGAAGTTTTTGGATGAGGCATATGTTAATAG--TATTAA-	6382
3-AL766849	5127	-----GGTAGTATCATGAAT-AATAG--TGATAA-	5152
4-AF355776	5783	-----TAGAAGGAGAGAG-GCTAGTATAATGAG	5809
5-AE009948	6717	-----TCGTATTAGAGAA-AATAGCATAATGAC	6743
6-HF952106	5068	-----TATTGCTTAGATATAGG--AGTAA--TGCTAA-	5095
7-AY376403	5794	-----TCGTATTAGAGAA-GACAGTATAATGAC	5820
8-AY375363	4797	-----CACACGTCGATAG-ATGGAAAT	4817
9-CGBY01000002	5833	-----TCGTATTAGAAAA-AATAGCATAATGAC	5859

* * *

1a-CP000114	5264	TGTTATAATTGCTAGAAAGAACTTGATGTTTTATCA-GCATTAGACGAGCGAATA-AAA	5321
1b-FO393392	5263	CAATATATTTACTCA-----GCTATTTTACAA-GATTTTATAAA-GAA-A-AAT	5308
2-AAJO01000077	6383	TAATATATTTATTGAAAATAATTGTAATAACTTTTTGTACAGTTTAGGAGCAGACATAGA	6442
3-AL766849	5153	TGTTATAATTGCTAGAAAGAACTTGATGTTTTATCA-GCATTAGACGAGCGAATA-AAA	5210
4-AF355776	5810	TTCTTCTTACAGTAAAAGAAATTTAGATTCTTTAGAA-GCTTATGAAGAACGGATTAAAA	5868
5-AE009948	6744	TGGTTCCTACAATATTTAAAGGCTACATGCTGTAGAA-GCACTTAAGGAAAGAATTTA--	6800
6-HF952106	5096	TGGTAT-TTCAC--AACTAATCAATATAA-----ACAGTATA----TATACGCAGC	5140
7-AY376403	5821	TGGTTCTTACAATGTTTAAAGATTACATGCTATAGAA-GCACTCCAGGAAAGAATTCA--	5877
8-AY375363	4818	AGGTTTATAAAATAAAAGAAAG---GTTGGTTTATAAAGCGTTT-----A	4859
9-CGBY01000002	5860	TGGTTCCTACAATATTTAAAGGCTACATGCTGTAGAA-GCACTTAAGGAAAGAATTTA--	5916

* *

1a-CP000114	5322	CTTATAACAAGTTTACGTAAGTATTCCGTTTTTTTACAAAAA-----ACAGAAATATTT	5375
1b-FO393392	5309	CTTATATTGATATCACAAAAAT-TACTAATTACTTTCAAGAGTATGTGATAAAGAAACGC	5367
2-AAJO01000077	6443	CATTTGGAAGAATAATTTTTATATT---ACTTCTTTCAAGAA-----TAAAAAAGATT	6492
3-AL766849	5211	CTTATAACAAGTTTACGTAAGTATTCTGTTTTTTTACAAAAA-----ACAGAAATATTT	5264
4-AF355776	5869	TATTGGAaaaaaATA-----ATATATCTATATC----AGAAACTGT--GTACATATACCT	5917
5-AE009948	6801	TTTATTAGAAAAGTATCCAGAC-TTAGTATTTT-----AAAG-----TGAGAGAGCTT	6847
6-HF952106	5141	TAT-----ACTTCAGGATT---GGTTC----AAAAA-----TGGACAAA---	5172
7-AY376403	5878	TTTATTAAAAGAGTACCCAGAG-TTAGTATTTT-----AAAG-----TGAAAAAGCTT	5924
8-AY375363	4860	TTTCTGA-----GTATT---CTAT-----AAAG-----TAGATGAGGT-	4889
9-CGBY01000002	5917	TTTATTAGAAAAGTATCCAGAC-TTAGTATTTT-----AAAG-----TGAGAGAGCTT	5963

* * *

1a-CP000114	5376	T----ATGTCAATCA-----ATATTTTA----GGACTAAAAAATTT---TTAA----	5412
1b-FO393392	5368	T----ATACTCAGCA-----AGAGCTC-----TCTAAATATTTTGAGCTAA----	5404
2-AAJO01000077	6493	TTGTAGTATCAGACGCTCCCAGCATATTTTACTATGAACAAGGACACTTATATGAGTTTC	6552
3-AL766849	5265	T----ATGTCAATCA-----ATATTTTA----GGACTAAAAAATTT---TTAA----	5301
4-AF355776	5918	T----AGTTTAATTCT-----ATATCATA-----TATACAGAATTCGT-----	5951
5-AE009948	6848	T-----AATTA-----AACTATG-----GAAGTAAATTT-----	6872
6-HF952106	5173	-----TGTTAAATGT---AGACTATATTCCTATTTATCTTGAAAGCTATATAAAT---	5219

7-AY376403	5925	T-----AATTA-----AACTATG-----GAAGTAACTT-----	5949
8-AY375363	4890	-----AACTA-----GGAATATG-----AATTT-----	4907
9-CGBY01000002	5964	T-----AATTA-----AACTATG-----GAAGTAAATTT-----	5988

*

1a-CP000114	5413	---AACA---ACAATCTGTAATGTTTAA-AGAAGATAACTATATCGATGCTT-----	5457
1b-FO393392	5405	---AAT-----CTACCCCTAGTATTACT-ATTAGAAAACCTATATATTTGTTT-----	5447
2-AAJO01000077	6553	ACCAATA---TAAGTCTGTAGTAAGAAGGAGTGAGTATTTATATATTCATCTTCAACAA	6608
3-AL766849	5302	---AACA---ACAATCTGTAATATTTTAA-AGAAGATAATTATATCGATGCTT-----	5346
4-AF355776	5952	--AAATATCCTGAGGTATGCAATAAACAA-----GAATTATT-----	5986
5-AE009948	6873	---GATA---GAGTTATATAAAAATAA-----TTTTTTATA-----	6901
6-HF952106	5220	AGCAATA-----AATTTTGT--CAAAAA-----CACTTA-----	5246
7-AY376403	5950	---GACA---GAGTTATACAAAATGA-----TTTTTTATA-----	5978
8-AY375363	4908	---AATA-----ATGTGTAGAACTCCC-----	4926
9-CGBY01000002	5989	---GATA---GAGTTATATAAAAATAA-----TTTTTTATA-----	6017

*

1a-CP000114	5458	ATAGA-AT-----GTATGGACGGTTA--CTTAGAAAAGTGAAGTTAGTTGATAAATT	5506
1b-FO393392	5448	ATATTTAT-----ACTTTAAGTCTCC--CTTGGTTA--GAAGGTTATTAATAAAT-	5493
2-AAJO01000077	6609	AGAAAAATGAAAGTTGATTTAGATGCTAG--GTCTACAACCTATCTGATATTACCAAAT-	6665
3-AL766849	5347	ATAGA-AT-----GTATGGACGGTTA--CTTAGAAAAGTGAAGTTAGTTGATAAATT	5395
4-AF355776	5987	GGATAAGT-----TTAATAACTATTATTTAAAGTATAAAAA-TATTTTAGGAT-	6033
5-AE009948	6902	--AGGAAT-----TTCATACTCTGAAAACCTGAATATAAAAAAACTATTTTTGATT-	6949
6-HF952106	5247	-AAAAAAT-----ACCTAGACTTTAA--ATTTAGTAGTAGTCT--TATTGCTAAAA-	5292
7-AY376403	5979	--AGGAAT-----TTTATACTCTAAGGAATGAATATCAGAGAACCTATTCTTGATT-	6026
8-AY375363	4927	-----CTTCAGACTATAATTGCTGAACG-----GATTATTGAGATGT-	4963
9-CGBY01000002	6018	--AGGAAT-----TTCATACTCTGAAAACCTGAATATAAAAAAACTATTTTTGATT-	6065

*

**

1a-CP000114	5507	AAAACCTTATAAAAAA-TAGGTTTTTCTAGAAATGGCTGTTTAATAGTTG--TAATGTGAG	5563
1b-FO393392	5494	GATATTAATA-----TTTTAGTACTGA-----AATTGTTT--GGAGGAGAG	5532
2-AAJO01000077	6666	-AAGTTCGTAGAATA-TA-GAATAGCTACAAATTGCTTGTTAACACTTAAAGAATTTAAA	6722
3-AL766849	5396	AAAACCTTATAAAAAA-TAGGTTTTTCTAGAAATGGCTGTTTAATAGTTG--TAATGTGAG	5452
4-AF355776	6034	-----TAAAAAA-----TAGACTAAA-----AATTATTAC----ATTAAA	6064
5-AE009948	6950	-----TTATAAAAAAACACGTATGCTACTAAAAA---TAAAGTATTA-----TTTAAA	6995
6-HF952106	5293	-AAGTCTTTTGGGGA---GGATTTTTTAT-----TTTTCAAATATCCT-----TTTGCA	5336
7-AY376403	6027	-----TTATAGAAAAACAAGGTGTGCTACTAAAAG---TAAAATATTC-----TTTAAA	6072
8-AY375363	4964	----TTCCCAATGAA-----TCATTTGAAG-----TTATTTGTTAT----TTTGAG	5001
9-CGBY01000002	6066	----TTATAAAAAAACACGTATGCTACTAAAAA---TAAAGTATTA-----TTTAAA	6111

*

*

1a-CP000114	5564	TGACCACGAATTGTTGG-----ATAACTATCAAAA-----AGACTAATTTAGGG	5607
1b-FO393392	5533	AAA-----CAAAG-----TGACTAAT-----A	5549
2-AAJO01000077	6723	CGGTTTATTAGTTTTTGAAAATATAGCTTTCAAAAATACCGCCTATATACTAAATTACAA	6782

3-AL766849	5453	TGACCACGAATTGTTGG-----ATAACTATCAAAA-----AGACTAATTTAGGG	5496
4-AF355776	6065	GAATTTAGGCATACC-----TTATCAAAGATA-----TAAACATAAACTTTGAA	6108
5-AE009948	6996	GTATTGTGTAGTGTC-----ATTTTAAAA-----TATTAAATTGTAA	7031
6-HF952106	5337	CG-TCGATTAAT-----AATTCAAGATTTTAA-----TATTTACAAAATAAAAA	5379
7-AY376403	6073	ATATTGCATATTGT-----ATTTTAAAA-----TATTAAATTATAA	6108
8-AY375363	5002	TCAAGAAATAAAAA-----CAAGC-----ATATTATTCAACAA	5035
9-CGBY01000002	6112	GTATTGTGTAGTGTC-----ATTTTAAAA-----TATTAAATTGTAA	6147
		* * * *	

1a-CP000114	5635	TCATACTTTATACCATCTACTGATTACTATA-ATAAAGTT----AAAAGATAAAGAAAAT	5689
1b-FO393392	5566	TCATACTCTTTATCATTTATTGATTTGTTTATATAAAG-----AAGAGATATATTCAAA	5619
2-AAJO01000077	6843	TTACACTTTTATATCACCTATTGATATCTTTATGTAAG-----AGAGAT---TTATAT	6891
3-AL766849	5524	TCATACTTTTATACCATCTACTGATTACTATA-ATAAAGTT----AAAAGATAAAGAAAAT	5578
4-AF355776	6147	CCATACAGTATATCATCTCCTTATTACAATTATCAAAATATCTATAATGAGGGAACAGAG	6206
5-AE009948	7070	TCATACTTTTATACCATTTACTGATTACTATA-ATAAAGTT----AAAAGATAAAGAAAAT	7124
6-HF952106	5427	TCATACTTTTATACCATTTATTAATTTGTTTATATAA-----AGAAACAGATTACAC	5477
7-AY376403	6147	TCATACTTTTATATCATCTACTGATTACTATA-ATAAAGCT----AAAAGATAAAGAAAAC	6201
8-AY375363	5056	CTATA-----TACCGA--AATAGTATTTAAAAATAGGGGCTC---AGGAGATAT-----	5098
9-CGBY01000002	6186	TCATACTTTTATACCATCTACTGATTACTATA-ATAAAGTT----AAAAGATAAAGAAAAT	6240

1a-CP000114	5742	TATTA-AATGATCAGGGAATAAGAACTGAATCATTTAAAGAGTTTGCTTATCGGGAGCAG	5800
1b-FO393392	5673	AATTA-AA--ATCAAA-AACAATAA-----ATATACATATTTTA-----GAAGAAT	5714
2-AAJ001000077	6947	GAATA-GAAAAGTTGTTTCCAGAAAT-----ACCTGTATTGATTG-TAGATGATAGTGA	6998
3-AL766849	5631	TATTA-AATGATCAGGGAATAAGAACTGAATCATTTAAAGAGTTTGCTTATCGGGAGCAG	5689
4-AF355776	6264	TACCA-ATAAAGAAGGTA-----TTCTATGTTTTA-----AA	6294
5-AE009948	7177	CATTA-AATGAACAGGGAATAAGGACGGAAGCAGTTAAAGAGTTTGCTTATCGGGAGCAG	7235
6-HF952106	5534	-AGTT-AAAAAGT-GTAGGGGCTAAC-----GTTTATATTT-----TGACAGAGT	5575
7-AY376403	6254	TATTA-AATAATCAGGGAATAAAAACTGAATTATTTAAAGAGCTAGATTATCGGGAACAG	6312
8-AY375363	5137	TATTACGATAAA-----ATCTATATTG-----	5158
9-CGBY01000002	6293	CATTA-AATGAACAGGGAATAAGGACGGAAGCATTTAAAGAGTTTGCTTATCGGGAGCAG	6351

1a-CP000114	5801	TTAC-AAAATAAAAAATATTGAAGAAGTGATGGAGCTTGTAGATTTCAGACTTAAATCACTA	5859
1b-FO393392	5715	CTA--GTGGTGAAAGTGAAGAGTTATTATCAGTACTTAAAGATGCTGGTCTAAGTTATAG	5772
2-AAJ001000077	6999	TTACAGTAAGAAATAT-AAATTGTTTTATCCGAAGCGAATAAAACAAGAATTGTTTAGTA	7057
3-AL766849	5690	TTAC-AAAATAAAAAATATTGAAGAAGTGATGGAGCTTGTAGATTTCAGACTTAAATCACTA	5748
4-AF355776	6295	TTA----GATGAAACTTCGAGTACTCCAATA---CTGTAGATACAATAACAATTGACTT	6347
5-AE009948	7236	TTAC-AAAGTAAAAATATTGAAGAAGTGATGGAGCTTGTAGATTTCAGACTTAAATCACTA	7294
6-HF952106	5576	CAGC--TAAGGAAAATGAAGGAGTTATATTAAAACTTAAAAAAATTGGT-TTAAGGAACA	5632
7-AY376403	6313	TTAC-AAAATAAAAAACGTTGAAGAAGTGATGAACCTTGTAGATTTCATATTTAAACACTA	6371
8-AY375363	5159	CTAACATAACAAATGTTTTG-----TTTCATACAATATTATCAGCTTCTA	5203
9-CGBY01000002	6352	TTAC-AAAGTAAAAATATTGAAGAAGTGATGGAGCTTGTAGATTTCAGACTTAAATCACTA	6410

1a-CP000114	5860	C---TTTGAGAGAGTAGATACACAAGTCTATCTATTTAATGATG--ATACTT--TAATAG	5912
1b-FO393392	5773	CAAGTTTGATAG--TAATTGT-----TTTATT--TTTAATGATGCAACGCCTATTGGGAG	5823
2-AAJ001000077	7058	TAA-CCAACGGCAATAAAATA-----CATATT--TACAATGACTATACGCA-ATTAGGAT	7108
3-AL766849	5749	C---TTTGAGAGAGTAGATACACAAGTCTATCTATTTAATGATG--ATACTT--TAATAG	5801
4-AF355776	6348	AA--TTATAGAACTAATGGAATA-TATATTTATTTAATGATG--ATACTAG--TGTAG	6400
5-AE009948	7295	C---TTTGAGAGAGTAGATACACAAGTCTATCTATTTAATGATG--ATACTT--TAATAG	7347
6-HF952106	5633	CAA-ACGGCAGGAGTAATTGT-----TTTATT--TTTAATGATGCAACGCCTATTGGGAG	5684
7-AY376403	6372	C---TTTGAGAGAGTAAATACACAAGTCTACCTATTTAATGATG--ATACCT--TAATGG	6424
8-AY375363	5204	CT--TTTAATAAAATT-----TTTACT--TTTGATGATGG---ACTTGCTAATAT	5246
9-CGBY01000002	6411	C---TTTGAGAGAGTAGATACACAAGTCTATCTATTTAATGATG--ATACTT--TAATAG	6463

1a-CP000114	5913	GTCGCTATATGGTGTATTTAGGTAAGAAATTATCATCTAATTGAAGATGGTTATAACT---	5969
1b-FO393392	5824	GACACTA-ATAAAGCAT---GGTATTTATTATAATCTAATTGAAGATGGTTTAAATT---	5876
2-AAJ001000077	7109	ATTTTTTTCATAGGAAT---GCTATTCCTACCATTTAATGGAAGATGGATATAATA---	7162
3-AL766849	5802	GTCGCTATATGGTGTATTTAGGTAAGAAATTATCATCTAATTGAAGATGGTTATAACT---	5858
4-AF355776	6401	CTCGGCAAATTGTACGCGCTCAGAAGAATTATCATCTAATTGAAGATGGTTATAACT---	6457
5-AE009948	7348	GTCGCTATATGGTGTATTTGGGTAAGAAATTATCATCTAATTGAAGATGGTTATAACT---	7404
6-HF952106	5685	GACTCTAATA-AAGTAT---GGTATTTATTATAATCTAATTGAAGATGGTTTAAATT---	5737

[illegible]

3-AL766849	6025	ACTACCGAGAAAAAAATTATTTGATAGTCTTAACAAAGAACAAAAATCACTG-ATTTTCA	6083
4-AF355776	6624	ACTACCGAGAAAAAAATTATTTGATAGTCTTAACAAAGAACAAAAATCACTG-ATTTTCA	6682
5-AE009948	7571	ACTACCGAGAAAAAAATTATTTGATAGTCTTAACAAAGAGCAAAAAATCACTG-ATTTTCA	7629
6-HF952106	5901	AGTCCCTAGGAAGGAACTTTTTGATAATGCAACAGAATATCAAAAAGAAATG-GCAATAA	5959
7-AY376403	6648	ACTACCGAGAAAAGAATTATTTGATAGTCTTACCCAAGAACAAAAGTCTCTG-ATTTTCA	6706
8-AY375363	5466	AATTTGTATAGGTCAACCACTATATAGCGATGATT--TAATGAATATACATT-ATTTCAA	5522
9-CGBY01000002	6687	ACTACCGAGAAAAAAATTATTTGATAGTCTTAACAAAGAGCAAAAAATCACTG-ATTTTCA	6745

* * * * *

1a-CP000114	6195	AAATATTTTAAACAAAACCATTAACTAT-----AACTCCAAAGTCAGTATTATTGTTGA	6248
1b-FO393392	6099	ATATTTTTTGGAGTTAACCGAGTGATTGTT-----AAATCTCCAG-CAGTTTTTAATATTGA	6152
2-AAJO01000077	7388	AGATTTTTTGACATAGCCTCAATAGATATTGAAATAGCTTCTCCATCTGCTCTAATATTAA	7447
3-AL766849	6084	AAATATTTTAAACAAAACCATTAACTAT-----AACTCCAAAGTCAGTATTATTGTTGA	6137
4-AF355776	6683	AAATATTTTAAACAAAACCATTAACTAT-----AACTCCAAAGTCAGTATTATTGTTGA	6736
5-AE009948	7630	AAATATTTTAAACAAAACCATTAACTAT-----AACTCCAAAGTCAGTATTATTGTTGA	7683
6-HF952106	5960	ATCTTTTTTGG---AGC---AGTAAAAGTTAGTATTAATTCACCTTCAGTACTGATATTAA	6013
7-AY376403	6707	AACTTTTTTAAGATGAAACCGATAACTAT-----AGCTCCAAAGTCAGTATTGTTATTAA	6760
8-AY375363	5523	TAATATT-----ATTCTATAAATATG-----ATATTGAGTATTATT--TCC	5560
9-CGBY01000002	6746	AAATATTTTAAACAAAACCATTAACTAT-----AACTCCAAAGTCAGTATTATTGTTGA	6799

* * * * *

1a-CP000114	6249	CACAGCCACTTGACAAGATAAATGGGTATAAAACACCTA-CAGAGAGGTTTCAAAGTATT	6307
1b-FO393392	6153	CACAACCATTAGCGTATGATAAATGGGTATAAAACACCGA-CAGAGAGGTTTCAAAGTATT	6211
2-AAJO01000077	7448	CTCAACCTTTA-----GAGGAACATTTTAAAAGTCA-----AGA---GGAAATATA	7490
3-AL766849	6138	CACAGCCACTTGACAAGATAAATGGGTATAAAACACCTA-CAGAGAGGTTTCAAAGTATT	6196
4-AF355776	6737	CACAGCCACTTGACAAGATAAATGTTATAAAACACCTA-CAGAGAGGTTTCAAAGTATT	6795
5-AE009948	7684	CACAGCCACTTGACAAGATAAATGTTATAAAACACCTA-CAGAGAGGTTTCAAAGTATT	7742
6-HF952106	6014	CGCAGCCTTTATCTAAAGATAAAGAATTTATGAGTTATAACAATAAGAT--AGAAACGTC	6071
7-AY376403	6761	CGCAGCCACTTGACAGGATAAATGGGTATAAAACAGCTA-CAGAAAGGTTTCAAAGTATT	6819
8-AY375363	5561	CACATCCAC-----GGGAAACCTTT-----AGGATTGACAATAT-	5594
9-CGBY01000002	6800	CACAGCCACTTGACAAGATAAATGTTATAAAACACCTA-CAGAGAGGTTTCAAAGTATT	6858

* * * * *

1a-CP000114	6308	C-AAGAGCAATACGATTATTTTGACGATATTGTCCAGGAATATAGAACGTTAGGGTACAA	6366
1b-FO393392	6212	C-AAGAGCAATACGATTATTTTGACGATATTGTCCAGGAATATAGAACATTAGGGTACAA	6270
2-AAJO01000077	7491	CCAA-----TTTTACAAAAGCATAGTGGAAGAATATATTGATAAAGGTTACCA	7538
3-AL766849	6197	C-AAGAGCAATACGATTATTTTGACGATATTGTCCAGGAATATAGAACGTTAGGGTACAA	6255
4-AF355776	6796	C-AAGAGCAATACGATTATTTTGACGATATTGTCCAGGAATATAGAACGTTAGGGTATAA	6854
5-AE009948	7743	C-AAGAGCAATACGATTATTTTGACGATATTGTCCAGGAATATAGAACGTTAGGGTACAA	7801
6-HF952106	6072	CGAAGAACAATTTAATTTTTTATAAATCAATAGTCGACGAATATATAAATAAAGGATACAA	6131
7-AY376403	6820	C-AGGAGCAATACGATTATTTTGAGGGGATTGTCCACGACTATAGAGAACGAGGGTACAA	6878
8-AY375363	5595	-----TATTT-----ATATTGAGACACAATGTATTTTTGAAGAATATGT	5633
9-CGBY01000002	6859	C-AAGAGCAATACGATTATTTTGACGATATTGTCCAGGAATATAGAACGTTAGGGTACAA	6917

* * * * *

1a-CP000114	6367	TGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATGTAGT-AGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGC	6425
1b-FO393392	6271	TGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATATAGT-GGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGT	6329
2-AAJO01000077	7539	CATATATATTAAAAGTTCACCCTAGAGATAACAT-TGACTACTCTAATCTCAATGCAACAG	7597
3-AL766849	6256	TGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATGTAGT-AGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGC	6314
4-AF355776	6855	CGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATGTAGT-AGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGC	6913
5-AE009948	7802	TGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATGTAGT-AGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGC	7860
6-HF952106	6132	TGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATGTAGT-AGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGC	6190
7-AY376403	6879	TATTTATTTTAAAAGTTCACCCTAGAGATGCAGT-AGATTATTCCAAATTGCCAGTGGAGT	6937
8-AY375363	5634	TGTC-----AATTTACTTAAGGAATTTTCTGAGATTAATCTTTATACTTGTTTCAGT	5685
9-CGBY01000002	6918	TGTTTATTTTAAAAGTTCATCCTAGAGATGTAGT-AGATTATTCCAAATTGCCGGTAGAGC	6976

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

1a-CP000114	6426	TAT-TACCATCAAATGTTCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----CAACAG-GTC-	6476
1b-FO393392	6330	TAT-TACCATCAAATATCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----TAATAG-GTC-	6380
2-AAJO01000077	7598	TAA-TACAAAGGAACATCCCTATAGAA-TT-AT----TTGATTTCC---TAGAGA-ATAT	7646
3-AL766849	6315	TAT-TACCATCAAATGTTCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----CAACAG-GTC-	6365
4-AF355776	6914	TAT-TACCATCAAATATCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----TAACAG-GTC-	6964
5-AE009948	7861	TAT-TACCATCAAATATCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----TAACAG-GAC-	7911
6-HF952106	6191	TAT-TACCATCAAATGTTCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----TAACAG-GTC-	6241
7-AY376403	6938	TAC-TACCATCAAATATCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----TGACAG-GTC-	6988
8-AY375363	5686	TCCGCAGCGTTGAATGTC---ATAGATATTGATGGAATCAACGTTTTTATAATAAAGTC-	5741
9-CGBY01000002	6977	TAT-TACTATCAAATATCCCTATGGAAATT-ATAGAGTTGATGT-----TAACAG-GTC-	7027

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

1a-CP000114	6477	--GGTTCGAATGTGGGATAACACATTCGTCCACTGCGCTGGATTCTTTAACTTGTGTTGA	6534
1b-FO393392	6381	--GGTTCGAATTTGGGATAACACATTCGTCCACTGTGCTGGATTTTTTAACTTGTGTTGA	6438
2-AAJO01000077	7647	AAAATTTGATGTTGGGATTACATATTTTTTCCACGGCATTAGATTTTTTAAATTGTGTTAA	7706
3-AL766849	6366	--GGTTCGAATGTGGGATAACACATTCGTCCACTGCGCTGGATTCTTTAACTTGTGTTGA	6423
4-AF355776	6965	--GGTTCGAATGTGGGATAACACATTCGTCCACCGCGCTGGATTTTTTAACTTGTGTTGA	7022
5-AE009948	7912	--GGTTCGAATTTGGGATAACACATTCGTCCACCGCGCTGGATTTTTTAACTTGTGTTGA	7969
6-HF952106	6242	--GGTTCGAATGTGGGATAACACATTCGTCTACTGCGCTGGACTTTTTTAACTTGTGTTGA	6299
7-AY376403	6989	--GTTTCGAGGTTGGGATAACGCACTCATCCACTGCACTGGATTTTTTAACTTGTGTTGA	7046
8-AY375363	5742	---AGCGGAATTTGAAGAAGAGCAATCGATT--TTTAATGAGTT--TAAACTTACTTTTG	5794
9-CGBY01000002	7028	--GGTTCGAATTTGGGATAACACATTCGTCCACCGCGCTGGATTTTTTAACTTGTGTTGA	7085

* * * * * * * * * * *

1a-CP000114	6535	TAAAAAAATAACTTTAGTAGATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	6594
1b-FO393392	6439	TAAAAAAATAACTTTAGTAGATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	6498
2-AAJO01000077	7707	TAAAAAAATTTTCTTATACAATATTAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	7766
3-AL766849	6424	TAAAAAAATAACTTTAGTAGATCTGAAGGATATTAAATGA	6463
4-AF355776	7023	TAAAAAAATAACTTTAGTGGATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAAAAATTACTTCAA	7082
5-AE009948	7970	TAAAAAAATAACTTTAGTAGATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	8029
6-HF952106	6300	TAAAAAAATAACTTTAGTAGATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	6359

7-AY376403	7047	TAGAAAAATAATTTTAGTGAATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	7106
8-AY375363	5795	T---ATGATATGTTCAAAAG----GAGGGA----GGATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	5843
9-CGBY01000002	7086	TGAAAAAATAACTTTAGTAGATCTGAAGGATATTAAATGAATACTAAGAAATTACTTCAA	7145
		* * ** * * * *** ****	

1a-CP000114	6595	TCTGGTTTTATTTATACACTCGGGAATTTATTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	6654
1b-FO393392	6499	TCTGGTTTTATTTATACAATCGGGAATTTGTTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	6558
2-AAJO01000077	7767	TCTGGTTTTATTTATACACTCGGGAATTTATTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	7826
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7083	TCTGGTTTTATTTATACACTCGGGAATTTATTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	7142
5-AE009948	8030	TCTGGTTTTATTTATACACTCGGGAATTTATTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	8089
6-HF952106	6360	TCTGGTTTTATTTATACAATCGGGAATTTGTTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	6419
7-AY376403	7107	TCTGGTTTTATTTATACAATTGGAAATTTATTGGTGCAAGGGCTAGCCTTTATCACACTT	7166
8-AY375363	5844	TCTGGTTTTATTTATACAATCGGGAATTTGTTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	5903
9-CGBY01000002	7146	TCTGGTTTTATTTATACACTCGGGAATTTATTGGTGCAAGGATTAGCCTTTATCACACTT	7205

1a-CP000114	6655	CCCATCTATACTCGGGTTATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTCGCT	6714
1b-FO393392	6559	CCTATCTATACTCGGGTTATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTTGCT	6618
2-AAJO01000077	7827	CCCATCTACACTCGGGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTCGCT	7886
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7143	CCCATCTACACTCGAGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTTGCT	7202
5-AE009948	8090	CCCATCTACACTCGAGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTTGCT	8149
6-HF952106	6420	CCCATCTACACTCGGGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTCGCT	6479
7-AY376403	7167	CCTATTTACACTCGGGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGTCAATATAGTTTATATGTGGCT	7226
8-AY375363	5904	CCCATCTACACTCGGGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATATCGCT	5963
9-CGBY01000002	7206	CCCATCTACACTCGAGTCATCTCAACAGAAGTTTATGGCCAATATAGTTTATATGTTGCT	7265

1a-CP000114	6715	TGGATGAATATTATTATGCTTTTTATTGGCCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCAGCC	6774
1b-FO393392	6619	TGGATGAATATTATTATGCTTTTTATTGGACTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCAGCT	6678
2-AAJO01000077	7887	TGGATGAATATTATTATGCTTTTTATTGGCCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCAGCC	7946
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7203	TGGATGGGAATTATTACTCTGTTTATTGGTCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCGGCT	7262
5-AE009948	8150	TGGATGGGAATTATTACTCTGTTTATTGGTCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCGGCT	8209
6-HF952106	6480	TGGATGAATATTATTATGCTTTTTATTGGCCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCAGCC	6539
7-AY376403	7227	TGGATGGGGATCATTGCACCTTTTTATTGGTCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCAGCC	7286
8-AY375363	5964	TGGATGAATATTATTATGCTTTTTATTGGCCTTCAGACGAGCGGTTCTTTAAGTTCAGCC	6023
9-CGBY01000002	7266	TGGATGGGAATTATTACTCTGTTTATTGGTCTTCAGACAAGCGGTTCTTTAAGTTCGGCT	7325

1a-CP000114	6775	CGGGTCAAATACGGAGAAGAATTTAAAAGCTATTCTAGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	6834
1b-FO393392	6679	CGGGTCAAATATGGAGAAGAATTTAAAAGCTATTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	6738
2-AAJO01000077	7947	CGGGTCAAATACGGAGAAGAATTTAAAAGCTATTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	8006

3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7263	CGAGTCAAATATGGAGAAGAGTTTTAAAGCTACTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	7322
5-AE009948	8210	CGAGTCAAATATGGAGAAGAGTTTTAAAGCTACTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	8269
6-HF952106	6540	CGGGTCAAATACGGAGAAGAATTTAAAGCTATTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	6599
7-AY376403	7287	CGGGTCAAATATGGAGAAGAGTTTTAAAGCTATTCTGGAAGTGCCTTTTCCGTAGGTAAT	7346
8-AY375363	6024	CGGGTCAAATACGGAGAAGAATTTAAAGCTATTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	6083
9-CGBY01000002	7326	CGAGTCAAATATGGAGAAGAGTTTTAAAGCTACTCTGGGAGTGCCTTTTCTGTAGGTAAT	7385

1a-CP000114	6835	ATATGGTTTCTTATTATACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	6894
1b-FO393392	6739	ATATGGTTTCTTATTGTACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	6798
2-AAJO01000077	8007	ATATGGTTTCTTATTATACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	8066
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7323	ATATGGTTTCTTATTGTACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	7382
5-AE009948	8270	ATATGGTTTCTTATTGTACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	8329
6-HF952106	6600	ATATGGTTTCTTATTGTACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	6659
7-AY376403	7347	ATATGGTTTCTTATTGTACTTTTGGTAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTTGGCACCATTA	7406
8-AY375363	6084	ATATGGTTTCTTATTGTACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	6143
9-CGBY01000002	7386	GTATGGTTTCTTATTGTACTTTTGATAGCTTTTCTATTTAGAAGTTTTCTTGCACCATTA	7445

1a-CP000114	6895	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAGCTATGTG	6954
1b-FO393392	6799	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAGCTATGTG	6858
2-AAJO01000077	8067	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAGCTATGTG	8126
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7383	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAACTATGTG	7442
5-AE009948	8330	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAACTATGTG	8389
6-HF952106	6660	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAACTATGTG	6719
7-AY376403	7407	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGATATGTCAGAGTTATGCTAACTATGTT	7466
8-AY375363	6144	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAACTATGTG	6203
9-CGBY01000002	7446	GTTGGTTTTTCTGAATCTATTTTTTTTATTAATGGTGTGTCAAAGTTACGCTAACTATGTG	7505

1a-CP000114	6955	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGTTTGGCTAATTTAATATTA	7014
1b-FO393392	6859	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGTTTGGCTAATTTAATATTA	6918
2-AAJO01000077	8127	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGTTTGGCTAATTTAATATTA	8186
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7443	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGCTTGGCTAATTTAATACTA	7502
5-AE009948	8390	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGCTTGGCTAATTTAATACTA	8449
6-HF952106	6720	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGCTTGGCTAATTTAATACTA	6779
7-AY376403	7467	GTAACCTTTCTTTGGCCAATATTTTATACAGCAACAGAGGAGTTTTGCAAATTTAATACTA	7526
8-AY375363	6204	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGCTTGGCTAATTTAATACTA	6263
9-CGBY01000002	7506	GTGACTTTCTTTGGTCAGTATTTTATACAACAACAGAGGAGCTTGGCTAATTTAATACTA	7565

1a-CP000114	7015	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	7074
1b-FO393392	6919	TCCTTAGCCAATGCAATTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	6978
2-AAJO01000077	8187	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	8246
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7503	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	7562
5-AE009948	8450	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	8509
6-HF952106	6780	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	6839
7-AY376403	7527	TCCTTAACTAATGCTGTTTCATCTGTTGCATTATCACTATTTTTTGATTTTTTCATTGGTCT	7586
8-AY375363	6264	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	6323
9-CGBY01000002	7566	TCCTTAGCCAATGCAGTTTCATCTGTTGCACTATCTCTATTTTTTAATTTTTTCATTGGTCC	7625

1a-CP000114	7075	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	7134
1b-FO393392	6979	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	7038
2-AAJO01000077	8247	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	8306
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7563	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	7622
5-AE009948	8510	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	8569
6-HF952106	6840	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	6899
7-AY376403	7587	GATGATTTTCTGTCTAGGGTTTTTGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAGTTGCAATAGTT	7646
8-AY375363	6324	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	6383
9-CGBY01000002	7626	GATGACTTTTTATCTAGGGTTTTTGGAGCTTTTGTTCCTACTATAATAACTGGAATAGTT	7685

1a-CP000114	7135	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	7194
1b-FO393392	7039	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	7098
2-AAJO01000077	8307	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	8366
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7623	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	7682
5-AE009948	8570	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	8629
6-HF952106	6900	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	6959
7-AY376403	7647	GCCTTCGGTTATATTTATTATCATAGTAAATCTTTTTACAATTCTAAGTATTTTCGGTTC	7706
8-AY375363	6384	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGCAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	6443
9-CGBY01000002	7686	GCCTTTGCTTATATTTATTATCATAGTAAATCTTTTTACAATCCTAAGTATTTTCGGTTC	7745

1a-CP000114	7195	ATTGTCACTGTGTCTGTTCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACACCAGTTGTTGGGGCAA	7254
1b-FO393392	7099	ATTGTCACTGTGTCTGTTCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACACCAGTTGTTGGGGCAA	7158
2-AAJO01000077	8367	ATTGTCACTGTGTCTATTCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACATCAGTTATTAAATCAA	8426
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7683	ATTGTCACTGTGTCTATTCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACATCAGTTATTAAATCAA	7742
5-AE009948	8630	ATTGTCACTGTGTCTATTCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACATCAGTTATTAAATCAA	8689
6-HF952106	6960	ATTGTCACTGTGTCTATTCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACATCAGTTATTAAATCAA	7019

7-AY376403	7707	ATTATAACAGTATCTGTTCCCTTTGATTTTTTCATTTGTTAGGACATCAATTATTAAACCAA	7766
8-AY375363	6444	ATTGTCACTGTGTCTGTTCCCTTTGATTTTTCCATTTGTTAGGACACCAGTTGTTGGGGCAA	6503
9-CGBY01000002	7746	ATTGTCACTGTGTCTATTCCCTTTGATTTTTTCATTTATTAGGACATCAGTTATTAAATCAA	7805

1a-CP000114	7255	TTAGATAGAATTATGCTAGCTCGTTTTATACAATACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	7314
1b-FO393392	7159	TTAGATAGGATTATGCTAGCTCGTTTTATATAGTACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	7218
2-AAJO01000077	8427	TTAGATAGGATTATGCTAGTTTCGCTTATATAGTACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	8486
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7743	TTAGATAGGATTATGCTAGCTCGCTTATATAGTACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	7802
5-AE009948	8690	TTAGATAGGATTATGCTAGCTCGCTTATATAGTACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	8749
6-HF952106	7020	TTAGATAGGATTATGCTAGCTCGCTTATATAGTACTAAAGAAGTTGCAATATATAGTTTC	7079
7-AY376403	7767	CTAGATAGAATCATGCTAGCTCGTTTTATATAATACTAAAGAAGTCGCAATGTATAGTTTT	7826
8-AY375363	6504	TTAGATAGAATTATGCTAGCTCGTTTTATATAATACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	6563
9-CGBY01000002	7806	TTAGATAGGATTATGCTAGCTCGCTTATATAGTACTAAAGAAGTTGCAATGTATAGTTTC	7865

1a-CP000114	7315	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	7374
1b-FO393392	7219	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	7278
2-AAJO01000077	8487	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	8546
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7803	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	7862
5-AE009948	8750	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	8809
6-HF952106	7080	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	7139
7-AY376403	7827	GGCTATTCACTTGGGATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGCATTAAATATGGCTTGGATT	7886
8-AY375363	6564	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	6623
9-CGBY01000002	7866	GGTTATTTCGCTTGGAATGATTATTCAGATTGTTTTGAATAGTATTAATATGGCTTGGATT	7925

1a-CP000114	7375	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	7434
1b-FO393392	7279	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAGAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	7338
2-AAJO01000077	8547	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	8606
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7863	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATGTTAGCCGT	7922
5-AE009948	8810	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	8869
6-HF952106	7140	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	7199
7-AY376403	7887	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGCAAAATTACTACAGCTTCCAACCTTATATTAGCCGT	7946
8-AY375363	6624	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	6683
9-CGBY01000002	7926	CCATGGTTTTTTTGATGCTAGAAAAGAAAAATTACTGCAACTTTCAACTTATATTAGCCGT	7985

1a-CP000114	7435	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	7494
1b-FO393392	7339	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	7398
2-AAJO01000077	8607	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	8666

3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7923	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	7982
5-AE009948	8870	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	8929
6-HF952106	7200	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	7259
7-AY376403	7947	TATCTGTACTTAGGAGTTTTCTTAACCTTAGGCTATTTGACTATTTCCCTGAATTAGCT	8006
8-AY375363	6684	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTGACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	6743
9-CGBY01000002	7986	TATCTCTATTTAGGAGTTTTCTTAACATTAGGTTATTTAACTGTTTTTCCTGAGTTAGCT	8045

1a-CP000114	7495	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	7554
1b-FO393392	7399	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	7458
2-AAJO01000077	8667	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	8726
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	7983	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	8042
5-AE009948	8930	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	8989
6-HF952106	7260	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	7319
7-AY376403	8007	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATCTCTTTAATTATTGTC	8066
8-AY375363	6744	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	6803
9-CGBY01000002	8046	CAAATAATGGGAGGAGACAAGTATAGTAGTAGTGTTC AATTTATTTCTTTAATTATTGTC	8105

1a-CP000114	7555	AGCTACTTTTTAGTTTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	7614
1b-FO393392	7459	AGCTATTTTTTAGTCTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	7518
2-AAJO01000077	8727	AGCTACTTTTTAGTCTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	8786
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8043	AGTTATTTTTTAGTCTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	8102
5-AE009948	8990	AGCTATTTTTTAGTCTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	9049
6-HF952106	7320	AGCTATTTTTTAGTCTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	7379
7-AY376403	8067	AGCTATTTTTTGGTCTTTCTATATACATTCCTGTAAATATCCAATTTTCTATGCTAAT	8126
8-AY375363	6804	AGCTACTTTTTAGTTTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCTAAT	6863
9-CGBY01000002	8106	AGCTACTTTTTAGTCTTTCTCTATACATTTCTGTAAATATCCAATTCTTCTATGCCAAT	8165

1a-CP000114	7615	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	7674
1b-FO393392	7519	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	7578
2-AAJO01000077	8787	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	8846
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8103	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	8162
5-AE009948	9050	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	9109
6-HF952106	7380	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	7439
7-AY376403	8127	ACGACATGGATTCCCTATTGGAACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAATCTT	8186
8-AY375363	6864	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACATTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	6923
9-CGBY01000002	8166	ACGACATGGATTCCCTATTGGGACCTTATTAGCTGCTGGTGTAAATTGGTTACTAAACCTT	8225

1a-CP000114	7675	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	7734
1b-FO393392	7579	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	7638
2-AAJO01000077	8847	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	8906
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8163	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	8222
5-AE009948	9110	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	9169
6-HF952106	7440	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	7499
7-AY376403	8187	GTATTAATTCCTAACTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAGTAATATCTTATTTA	8246
8-AY375363	6924	GTATTAATTCCTCATTATGCAGCCTATGGCGCTGCTATGGCTACAATAATATCTTATTTA	6983
9-CGBY01000002	8226	GTATTAATTCCTCGTTATGCATCCTATGGCGCTGCTATGGCTACTATAATATCTTATTTA	8285

1a-CP000114	7735	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTCTCA	7794
1b-FO393392	7639	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTTTCA	7698
2-AAJO01000077	8907	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTCTCA	8966
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8223	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTCTCA	8282
5-AE009948	9170	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTCTCA	9229
6-HF952106	7500	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAGATAACCATTATTCAGATGTCTCA	7559
7-AY376403	8247	GCTTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTTAGATGTCTCA	8306
8-AY375363	6984	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTCTCA	7043
9-CGBY01000002	8286	GCCTTGTTGATTTTTTCATCATATTGTTTCGAAAGTTAAATACCATTATTCAGATGTCTCA	8345

1a-CP000114	7795	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	7854
1b-FO393392	7699	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTACAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	7758
2-AAJO01000077	8967	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	9026
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8283	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	8342
5-AE009948	9230	GTTAGGCAGTACATTATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	9289
6-HF952106	7560	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	7619
7-AY376403	8307	GTCAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	8366
8-AY375363	7044	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	7103
9-CGBY01000002	8346	GTTAGGCAGTACATCATTTTTAAGTGGTATAGTATTTAGTTATGCTATGTTAATGAACATG	8405

1a-CP000114	7855	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	7914
1b-FO393392	7759	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	7818
2-AAJO01000077	9027	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	9086
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8343	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	8402
5-AE009948	9290	TTCCTAGGTAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	9349
6-HF952106	7620	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	7679

7-AY376403	8367	TTCCTAGATAATATCGTGGTGAGATGGGGTTTAGGGATAATGATTCTTATAGTATACAGC	8426
8-AY375363	7104	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	7163
9-CGBY01000002	8406	TTCCTAGATAATATCGTTATTAGATGGAGTTTAGGAATAATTATTCTTATAGTATATAGC	8465
1a-CP000114	7915	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGACTTATTGAGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	7971
1b-FO393392	7819	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGACTTATTGAGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	7875
2-AAJO01000077	9087	ATTGTTTTT-CAAAAAG	9101
3-AL766849	6464		6463
4-AF355776	8403	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGACTTATTGAGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	8459
5-AE009948	9350	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGACTTATTGGGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	9406
6-HF952106	7680	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGACTTATTGAGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	7736
7-AY376403	8427	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATCTTAGACTTATTGAGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	8483
8-AY375363	7164	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGACTTATTGAGTAAAAAAGAAGGAGAAGATAA	7220
9-CGBY01000002	8466	ATTGTTTTTCAAAAAGTCATTTTAGGCTTATTGGGTAAAAAAGAAGGAGAAG	8518