



Detección de patógenos causantes de enfermedades de impacto en apicultura y determinación de los mitotipos de africanización en tres regiones de Colombia

Víctor Manuel Tibatá Rodríguez
MV. MSc.

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Bogotá, Colombia
2016

Detección de patógenos causantes de enfermedades de impacto en apicultura y determinación de los mitotipos de africanización en tres regiones de Colombia

Víctor Manuel Tibatá Rodríguez
MV. MSc.

Tesis presentada como requisito parcial para optar al título de:
PhD Ciencias Veterinarias – Salud y Producción Animal

Director:
Manuel Fernando Ariza Botero MV –MSc -PhD

Línea de Investigación:
Genética y Mejoramiento Animal
Grupo de Investigación:
Grupo Ciencia y Tecnología Apícola AYNI - Grupo de Genética Molecular Animal

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Bogotá, Colombia
2016

A Dios: Jehová, Jesucristo y Espíritu Santo, por su guianza y por el cumplimiento de sus promesas.

A toda mi familia, especialmente a mis más grandes tesoros: mis padres: Benedicto y Rosa y a mi hijo adorado: Manuel David.

A la Dra Maria Luisa (IDMJI) por sus orientaciones

A Sandra

A las abejitas, que me han dado tantas cosas bonitas

A mi deporte favorito: El automovilismo

"Dad gracias en todo, porque esta es la voluntad de Dios para con vosotros en Cristo Jesús". I Tes. 5:18

Agradecimientos

El autor desea expresar sus más sinceros agradecimientos a:

Judith Figueroa. Microbióloga MSc PhD(c), por su apoyo incondicional, su amistad y sus consejos y por su gestión en la elaboración del proyecto que financió esta investigación.

A Howard Junca. Microbiólogo – Biólogo MSc PhD, por su amistad y apoyo constante en el desarrollo y escritura de este trabajo.

A Manuel Fernando Ariza. MV MSc PhD, por su dirección y apoyo.

A mis compañeros y amigos del Grupo AYNÍ: Andrés Sánchez, Edgar Arias, Carlos Baez, Umberto Moreno, Rogelio Rodríguez, Ivonne Hernández, Viviana Gamboa, Carla Portillo y Paola Monserrate por ayudar en la colecta y procesamiento de las muestras, pero sobre todo por su amistad.

A los doctores Miguel Corona, Jay Evans y Yudy Chen, del Bee Research Lab del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (Beltsville MD-USA) por suministrar asistencia científica y los controles positivos; de igual forma al doctor Nor Chejanovsky del Entomology Department, Volcani Center, Bet Dagan – Israel, por sus excelentes aportes científicos.

De igual forma agradecer a las asociaciones de apicultores por proveer las muestras: (1) Magdalena: Asociación de Apicultores Conservacionistas de la Sierra Nevada de Santa Marta - APISIERRA. (2) Sucre: Asociación Rural de Apicultores de Sucre - ARPA. (3) Boyacá: Asociación de Apicultores de Boyacá - ASOAPIBOY. (4) Antioquia: Asociación de Apicultores de Betania - ASOAPIBE, (5) Huila: APISRED y (6) Cundinamarca: Asociación de Fruticultores del Sumapaz (FRUTIPAZ).

Al Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación – COLCIENCIAS y a la División de Investigaciones Sede Bogotá – DIB, por la financiación de los proyectos, que permitieron desarrollar este trabajo.

A la Universidad Nacional de Colombia y a la FMVZ

Detection of pathogens causing diseases in beekeeping and identification of mitotypes of africanization in three regions of Colombia

Abstract

European lineages of *Apis mellifera* bees, used in the northern hemisphere, have experienced losses of beehives and a high prevalence of pathogenic viruses and *Varroa destructor*. In Colombia, beekeepers use Africanized hybrids, believed to be more resistant to *Varroa* infestation; since this is an important vector for viruses, it was hypothesized that if these populations are resistant to the mite infestation, then they present low prevalence of pathogenic viruses.

Because there is no system of official diagnosis, to detect which of the seven major bee virus are in Colombia, this study was conducted for the first time on a large scale in three departments: Magdalena , Sucre and Boyaca. The prevalence and level of *Varroa* infestation was determined, as well as the prevalence and viral detection by real time PCR. From 5400 beehives, 491 were sampled randomly. It was determined that although the level of mite prevalence was high (92 %), the level of infestation was low (4.6 % with 68% of beehives presenting less of 5% of infestation). Of the mean seven virus, four of them

were detected: Deformed Wings Virus (DWV) with 19% of prevalence, Acute Paralysis Virus (ABPV) 7.2%, Sacbrood virus (SBV) 21 % and Black Queen Cell Virus (BQCV) 17 %. By sequencing and phylogenetic analysis of viral fragments, amplified by conventional

PCR, a small divergence of variants, grouped in clusters of high similarity it was observed.

It was also detected by PCR, the presence of *Melissococcus plutonius* in 7 larvae samples and it was reported the no detection of *Paenibacillus larvae*. During sampling, no symptomatology of viral or bacterial infections were detected, so the positive samples were considered infected but no as clinical cases of disease. Additionally it was reported for the first time in the country, the detection of *Nosema spp.*, (1.2% of prevalence), as well as the presence of *A. woodi*, in Colombian Africanized honeybees (5.1%).

To identify if the majority of beekeeping in the country is of the Africanized type and to establish a possible link between this genotype and resistance to *Varroa* and therefore to viruses; the mitotypes of africanization were determined in the same beehives from the pathogens survey. Mitotypes were obtained by PCR and sequencing of the intergenic region of mitochondrial cytochrome oxidase genes I and II (CO- COII). Additionally, the same genetic analysis was performed with samples from other three departments: Antioquia, Huila and Cundinamarca.

Bioinformatic and phylogenetic analysis showed that the six departments, have almost all africanization mitotypes (98.7%), represented in 17 African haplotypes (A): A1 , A1b , A1e , A4 , A11, A26, A26a, A26b , A26c , A26d , A29a , A30 , A36 , A39 , A44 , A46 and A47. For European mitotypes (C), only two were found: *ligustica* and *carnica*, which accounted for 1.3%.

The high prevalence of *Varroa*, but the low level of infestation found in beehives in this study, which have never received any acaricide, along with a relatively low viral prevalence and the absence of symptoms, suggest that Africanized bees in Colombia, have generated resistance to *V. destructor* infestation and for this reason they have fewer viral infections.

The results of this pioneer study in Colombia, not only help to meet the health and genetic status of national beekeeping, but also the understanding of the role of *V. destructor* in the transmission and spread of virus in mite resistant populations, as Africanized bees.

Key words: Africanized, *Apis mellifera*, Foulbrood, Parasites, Resistance, *Varroa*, Virus.

Resumen

Las abejas *Apis mellifera* de linajes europeos, que se emplean en el hemisferio norte, han experimentado pérdidas de colmenas y una alta prevalencia de virus patogénicos y de *Varroa destructor*. En Colombia los apicultores emplean híbridos africanizados, que se cree son más resistentes a la infestación por *Varroa*; puesto que éste es un vector importante para virus de abejas, se hipotetizó que si éstas poblaciones son resistentes a la infestación por éste ácaro, entonces presentarían bajas prevalencias de virus patógenos.

En razón a que no existe un sistema de diagnóstico oficial, que permita detectar cuáles de los patógenos apícolas se encuentran en Colombia, se realizó por primera vez éste estudio a gran escala, en tres departamentos del país: Magdalena, Sucre y Boyacá. Se determinó la prevalencia y el nivel de infestación de *Varroa* y así como la identificación por medio de técnicas de RT-PCR en tiempo real, de cuáles de los siete principales virus se encontraban y su prevalencia. De 5400 colmenas, 491 fueron muestreadas aleatoriamente. Se determinó que aunque el nivel de prevalencia del ácaro fue alta (92%), el índice de infestación (IVA) fue bajo: 4,6% en promedio, con el 68% de colmenas con menos del 5% de IVA. De los siete virus, cuatro de ellos fueron detectados: Virus de Alas Deformes (DWV) 19%, Virus de Parálisis Aguda (ABPV) 7,2%, Virus de la cría Ensacada (SBV) 21%, y Virus de la Celda Real Negra (BQCV) 17%. Por medio de secuenciación y análisis filogenético de fragmentos virales amplificados por PCR convencional, se observó una pequeña divergencia de variantes, agrupadas en clusters de alta similitud. También se detectó por medio de PCR, la presencia de *Melissococcus plutonius* en 7 muestras de larvas y se reportó la no detección de *Paenibacillus larvae*. Durante el muestreo, no se detectaron sintomatologías de infecciones virales o bacterianas, por tanto las muestras positivas, fueron consideradas infectadas, más no casos clínicos de enfermedad.

Adicionalmente se reporta por primera vez en abejas africanizadas del país, la detección del ácaro *A. woodi* (1,2%) y de *Nosema spp.*, en 25 de las 491 muestras (5,1%). Para identificar si la gran mayoría de la apicultura del país es en realidad de tipo africanizado y para poder establecer una posible relación entre éste genotipo y la resistencia a *Varroa* y

por ende a los virus; se determinaron los mitotipos de africanización presentes en las mismas colmenas del estudio de patógenos, por medio de técnicas de amplificación por PCR y secuenciación de un fragmento de la región intergénica de los genes de la citocromo oxidasa I y II (COI y COII) mitocondrial. Adicionalmente, este mismo análisis genético se realizó en otros tres departamentos: Antioquia, Huila y Cundinamarca. Los resultados del análisis bioinformático y filogenético demostraron que los 6 departamentos, poseen casi en su totalidad mitotipos de africanización (98,7%), representados en 17 haplotipos: (A): A1, A1b, A1e, A4, A11. A26, A26a, A26b, A26c, A26d, A29a, A30, A36, A39, A44, A46 y A47. En cuanto a mitotipos europeos solo se encontraron dos (C): *ligística* y *cárnica*, que representaron el 1,3%.

La alta prevalencia de *Varroa*, pero el bajo nivel de infestación encontrado en las colmenas en este estudio, las cuales nunca han recibido ningún tipo de tratamiento acaricida, junto con una relativa baja prevalencia de virus y la ausencia de síntomas, sugieren que las abejas africanizadas de Colombia, han generado resistencia a la infestación de *V. destructor* y que por ésta razón presentan menos infecciones virales.

Los resultados de este estudio pionero en Colombia, no solo contribuyen a conocer el estatus sanitario y genético de la apicultura nacional, sino también al entendimiento del papel de *V. destructor* en la transmisión y diseminación de virus, en poblaciones resistentes a la infestación de ácaros, como las abejas africanizadas.

Palabras clave: Africanización, *Apis mellifera*, Loque, Parásitos, Resistencia, *Varroa*, Virus.

Contenido

	Pág.
Resumen	XI
Lista de figuras.....	XVI
Lista de tablas	XIX
1. Revisión de literatura.....	21
1.1 Algunas definiciones en la investigación de patógenos.....	21
1.1.1 Patogenicidad.....	21
1.1.2 Virulencia	24
1.1.3 Medidas longitudinales de detección de patógenos o de enfermedad	25
1.2 Enfermedades con impacto sanitario y económico en apicultura	26
1.2.1 Enfermedades infecciosas de las abejas causadas por bacterias	28
1.2.2 Enfermedades causadas por virus	30
1.2.3 Enfermedades causadas por hongos	36
1.2.4 Enfermedades causadas por microsporidios	36
1.2.5 Enfermedades causadas por ácaros	38
1.2.6 Enfermedades causadas por escarabajos	41
1.3 Enfermedades de abejas incluidas en la lista de la OIE.....	41
1.4 Asociación entre <i>Varroa</i> y DWV.....	42
1.5 Desorden de Colapso de Colmena (CCD)	49
1.6 Asociación de virus apícolas con <i>Varroa</i> y con otros polinizadores.....	51
1.7 Bibliografía.....	54
1.8 Genética del ADN mitocondrial	62
1.8.1 Estructura y organización genómica de las mitocondrias	62
1.8.2 Replicación y transcripción del ADN mitocondrial	64
1.8.3 Estudios genéticos con marcadores mitocondriales	65
1.9 Determinación de los mitotipos de africanización.....	73
1.9.1 Determinación de mitotipos por secuenciación de COI - COII	75
 2. Estudio a gran escala en abejas africanizadas de tres regiones de Colombia revela alta prevalencia pero bajo nivel de infestación de <i>Varroa</i> y baja prevalencia de virus patogénicos.....	 83
2.1 Resumen	83
2.2 Introducción	85
2.3 Materiales y métodos	87
2.3.1 Muestreo	87
2.3.2 Extracción de ARN	89

2.3.3 Síntesis de ADN complementario.....	90
2.3.4 Amplificación del control interno.....	90
2.3.5 Detección de patógenos virales por PCR en tiempo real con SYBRGreen	91
2.3.6 Determinación de la prevalencia de virus.....	92
2.3.7 Secuenciación y elaboración de árbol filogenético	93
2.4 Resultados	94
2.4.1 Infestación por Varroa destructor	94
2.4.2 Prevalencia de Virus	95
2.4.3 Análisis filogenético de amplicones obtenidos de muestras positivas a virus	104
2.5 Discusión.....	111
2.6 Agradecimientos.....	116
2.7 Bibliografía	116
3. Determinación de los mitotipos de africanización de Abejas <i>Apis mellifera</i> en 6 departamentos de Colombia.....	123
3.1 Resumen.....	123
3.2 Introducción.....	124
3.3 Metodología.....	126
3.3.1 Muestreo.....	126
3.3.2 Método de extracción de ADN.....	127
3.3.3 Amplificación de mitotipos por PCR	128
3.3.4 Secuenciación, determinación de mitotipos y análisis filogenético	128
3.4 Resultados	129
3.4.1 Amplificación por PCR	129
3.4.2 Secuenciación y determinación de mitotipos.....	130
3.4.3 Análisis filogenético.....	133
3.5 Discusión.....	134
3.6 Agradecimientos.....	138
3.7 Bibliografía	138
4. Primer reporte de la presencia de <i>Melissococcus plutonius</i> y de la ausencia de <i>Paenibacillus larvae</i> en un muestreo a gran escala en apicultura colombiana.....	141
4.1 Resumen	141
4.2 Introducción.....	142
4.3 Materiales y métodos.....	144
4.3.1 Muestreo.....	144
4.3.2 Extracción de ADN.....	145
4.3.3 PCR convencional y en tiempo real para <i>Melissococcus plutonius</i>	146
4.3.4 PCR convencional y en tiempo real para <i>Paenibacillus larvae</i>	147
4.4 Resultados y discusión	147
4.6 Agradecimientos.....	153
4.7 Bibliografía	153
5. Primer reporte de la presencia de <i>Acarapis woodi</i> y de <i>Nosema spp</i>, en abejas africanizadas <i>Apis mellifera</i> en Colombia.....	157
5.1 Resumen	157
5.2 Introducción.....	158
5.3 Materiales y métodos.....	159
5.3.1 Muestreo.....	159
5.3.2 Detección de <i>Acarapis woodi</i> por estereoscopia	160
5.3.3 Detección de <i>Nosema spp</i> por microscopia	161

5.4 Resultados y discusión	161
5.4.1 Prevalencia de <i>Acarapis woodi</i>	161
5.5 Agradecimientos	165
5.6 Bibliografía.....	166
6. Discusión, Conclusiones y Recomendaciones	169
6.1 Discusión	169
6.2 Conclusiones	176
6.2.1 Conclusiones de detección de patógenos	176
6.2.2 Conclusiones de mitotipos de africanización	177
6.2.3 Conclusiones generales	177
6.3 Recomendaciones	178

Lista de figuras

Pág.

Figura 1-1: Estructura del virus de DWV (de Miranda y Genersch 2010)	
Figura 1-2: Estructura de virus del género <i>Cripavirus</i> .	30
Figura 1-3: Larva de abeja reina afectada por BQCV.	31
Figura 1-4: Apariencia de una larva afectada por SBV.	31
Figura 1-5: Organización genómica de los Dicistrovirus (de Miranda, Cordoni y Budge 2010).	32
Figura 1-6: ADN mitocondrial de <i>Apis mellifera</i> (Crozier y crozier 1993).	33
Figura 2-1: Muestreo en 3 departamentos de Colombia.	64
Figura 2-2: Promedio índices de IVA.	82
Figura 2-3: Porcentaje de muestras con diferentes índices de IVA.	88
Figura 2-4: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real con Sybrgreen para DWV con los iniciadores publicados por Chen et al., (2005a).	89
Figura 2-5: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de DWV.	90
Figura 2-6: Prevalencia de Virus de Alas Deformes (DWV).	91
Figura 2-7: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para ABPV con los iniciadores publicados por Tentcheva et al., (2004).	92
Figura 2-8: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de ABPV.	92
Figura 2-9: Prevalencia de Virus de Parálisis Aguda (ABPV)	93
Figura 2-10: Curvas temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para SBV con los iniciadores publicados por Kukielka et al., (2009).	94
Contenido Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de ABPV.	94
Figura 2-12: Prevalencia de Virus de Cría Ensacada (SBV)	95
Figura 2-13: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para BQCV con los iniciadores publicados por Kukielka et al., (2008).	95
Figura 2-14: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de BQCV.	95
Figura 2-15: Prevalencia de virus de la celda real negra (BQCV)	96
Figura 2-16: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de DWV.	96
Figura 2-17: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de ABPV.	97
Figura 2-18: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de SBV.	98

Figura 2-19: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de BQCV.	99
Figura 3-1: Muestreo en 6 departamentos de Colombia.	100
Figura 3-2: Electroforesis en gel de agarosa de productos de PCR de la región intergénica de COI-COII, de algunas muestras de <i>A. mellifera</i> de Colombia.	102
Figura 3-2: Electroforesis en gel de agarosa de productos de PCR de la región intergénica de COI-COII, de algunas muestras de <i>A. mellifera</i> de Colombia.	119
Figura 3-3: Frecuencia de mitotipos en total en los 6 departamentos.	122
Figura 3-4: Frecuencia de mitotipos en cada uno de los departamentos.	124
Figura 3-5: Relaciones filogenéticas de los mitotipos detectados en Colombia, respecto a las secuencias de referencia depositadas en Genbank.	125
Figura 4-1: Muestreo en 3 departamentos de Colombia.	126
Figura 4-2: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificadores de PCR convencional de <i>M. plutonius</i> . (Protocolo de Govan et al., 1998).	137
Figura 4-3: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para <i>M. plutonius</i> con los iniciadores descritos por Govan et al., (1998).	140
Figura 4-4: Curvas de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para <i>M. plutonius</i> con los iniciadores MP1 – MP2, descritos por Mckee et al., (2003)	140
Figura 4-5: Filogenia de las secuencias de loque europea.	141
Figura 5-1: Muestreo en 3 departamentos de Colombia.	143
Figura 5-2: Disección y visualización de una muestra positiva a <i>Acarapis woodi</i> .	152
Figura 5-3: Detección por microscopía de esporas de <i>Nosema spp.</i>	154
	155

Lista de tablas

	Pág.
Tabla 1-1: Uso de los términos patogenicidad y virulencia según Shapiro et al., (2005).	20
Tabla 1-2: Definiciones de patogenicidad y virulencia según Shapiro et al., (2004).	21
Tabla 1-3: Definiciones de patogenicidad y virulencia, en comparación a las de Thomas y Elkinton (2004), según Shapiro et al., (2005).	21
Tabla 1-4: Definiciones de patogenicidad y virulencia en varias disciplinas, según Shapiro et al., (2005).	22
Tabla 2-1: Iniciadores usados para detectar los siete virus en este estudio.	85
Tabla 2-2: Prevalencia y promedio de índices de infestación de <i>Varroa</i> (IVA), por departamento.	88
Tabla 2-3: Porcentaje de muestras coinfectadas.	90
Tabla 2-4: Correlación entre la prevalencia de <i>Varroa</i> , el índice de infestación (IVA) y la prevalencia de virus.	105
Tabla 2-5: Reportes de prevalencia de virus en algunos países de Suramérica comparados con el actual estudio.	106
Tabla 3-1: Frecuencia de mitotipos obtenidos en los 6 departamentos de Colombia.	
Tabla 5-1: Promedio de esporas de <i>Nosema spp.</i> , en las muestras positivas.	123
Tabla 6-1: Correlación entre la prevalencia de <i>Varroa</i> , el índice de infestación (IVA) y la prevalencia de virus, bacterias y parásitos	156
	164

1.Revisión de literatura

1.1 Algunas definiciones en la investigación de patógenos

Dado que el presente trabajo, implica la detección de patógenos en abejas, más no de enfermedad, es necesario entonces precisar el significado y la diferencia de la terminología y de las definiciones asociadas a la investigación de patógenos en general y en este caso de virus.

Una correcta comunicación es crucial en el avance de la ciencia; para que esta sea efectiva, la terminología empleada debe ser claramente definida y usada apropiadamente. Casadevall y Pirofsky (2001 y 2010), puntualizan que la terminología puede cambiar al tiempo que la ciencia evoluciona, así como los postulados de Koch son afectados por todos los descubrimientos del sistema inmune. Sin embargo debe haber un consenso en el uso de éstos términos y por esta razón varios autores han hecho varias revisiones en particular acerca de Patogenia y Virulencia, incluso en patología de invertebrados. Básicamente la diferencia es el atributo en cuanto a que la primera es de tipo cualitativo, mientras que la segunda es cuantitativa; a continuación se ampliarán estas definiciones.

1.1.1 Patogenicidad

Según Casadevall y Pirofsky, es la capacidad de un microorganismo de causar enfermedad, dada por los factores de virulencia que posee y de su interacción con su huésped y de los factores que lo rodean. Es decir un microorganismo puede causar enfermedad en un organismo o en un grupo de ellos en particular, en un momento dado, cuando las condiciones lo permitan.

En términos generales, la calificación de la patogenicidad es de orden Cuantitativo Binomial: Un microorganismo es patógeno o no lo es; sin embargo en la literatura común

e incluso en la científica se confunde el término con virulencia, y es muy común el uso incorrecto o ambiguo de estos dos términos. Son frecuentes expresiones como “La cepa de este microorganismo es altamente patógena ó “es de baja patogenicidad”, cuando estas mediciones cuantitativas corresponden a la virulencia; siendo correctas las expresiones “La cepa del microorganismo es de alta virulencia” ó es de baja virulencia. Es tan frecuente el uso inadecuado de esta terminología, especialmente en patología de invertebrados, que autores como Tomas y Elkinton (2004) elaboraron una revisión de artículos científicos en varias disciplinas además de las descripciones de invertebrados, en las cuales se encontraba una definición de Patogenicidad y Virulencia; también registraron las veces que se incluía la definición de estos vocablos y el porcentaje de uso correcto e incorrecto. Este artículo de revisión generó gran controversia y ameritó que Shapiro et al., en 2005 publicaran inmediatamente otra revisión, aclarando algunas ambigüedades dentro del artículo de Thomas y Elkinton (Tablas 1-1, 1-2, 1-3 y 1-4).

Tabla 1-1: Uso de los términos patogenicidad y virulencia según Shapiro et al., (2005).

Use of the terms pathogenicity and virulence in the last ten years (1992–2002) in the Journal of Invertebrate Pathology as located by a keyword search of these terms which yielded 60 and 58 articles, respectively

	Pathogenicity (%)	Virulence (%)
Define term	10	10
Include transmission in bioassay	78	74
Use qualitatively	17	3
Equate with LT ₅₀	21	58
Equate with LD ₅₀ or % mortality	61	72

Fuente: Extraída de Shapiro et al., (2005).

Tabla 1-2: Definiciones de patogenicidad y virulencia según Shapiro et al., (2004).

Definitions of pathogenicity and virulence in invertebrate pathology textbooks		
Entomological reference	Term or distinction	Definition
Lacey (1997)	Pathogenicity	The intrinsic capability of a microorganism to penetrate the host defenses
	Virulence	The speed by which a microorganism penetrates hosts defenses
Tanada and Kaya (1993)	Pathogenicity	The disease-producing ability of a microorganism
	Virulence	The ability of a microorganism to invade and cause injury to the host. It is the relative capacity of a microorganism to overcome the host defense mechanism
Fuxa and Tanada (1987)	Distinction	Pathogenicity is sometimes regarded as the genetically determined ability to produce disease, and virulence is the environmental component
	Pathogenicity	The disease-producing power of the pathogen; the ability to invade and injure the host's tissues
	Virulence	Synonymous with pathogenicity
Barr (1978)	Distinction	Pathogenicity refers usually to groups or species of pathogens; whereas, virulence is used in the sense of degree of pathogenicity within a group or species
	Pathogenicity	The capacity to produce disease
	Virulence	The severity of disease
Steinhaus and Martignoni, 1970	Distinction	Pathogenicity is the proportion of those infected, that develop symptoms, and virulence is the proportion of disease cases that are "severe"
	Pathogenicity	The quality or state of being pathogenic. The potential ability to produce disease. Applied to groups or species of microorganisms, whereas virulence is used in the sense of degree of pathogenicity within the group
	Virulence	The quality or property of being virulent. The quality of being poisonous. The disease-producing power of a microorganism, i.e., the ability of a microorganism to invade and injure the tissues of its host

Fuente: Extraída de Shapiro et al., (2005).

Tabla 1-3: Definiciones de patogenicidad y virulencia, en comparación a las de Thomas y Elkinton (2004), según Shapiro et al., (2005).

Definitions of pathogenicity and virulence in invertebrate pathology texts in comparison to those of Thomas and Elkinton (2004)		
Reference	Pathogenicity	Virulence
Steinhaus and Martignoni (1970)	The quality or state of being pathogenic. The potential ability to produce disease	The disease producing power of an organism. Degree of pathogenicity within a group or species
Aizawa (1971)	... the ability of a strain or species of micro-organism to produce disease in various hosts. Indicates term is used qualitatively	Degree of pathogenicity against a specific species host in controlled conditions within a group or species of microorganisms. Indicates term is used quantitatively
Cantwell (1974)	The quality of being pathogenic	The quality of being virulent; the quality of being poisonous; the disease producing power of a microorganism
Tanada and Fuxa (1987)	The ability to invade and injure the host's tissues. Applies to groups or species of pathogens	The disease producing power of the pathogen, the ability to invade and injure the host's tissues. The degree of pathogenicity within a group or species
Tanada and Kaya (1993)	Nearly synonymous with virulence but applied to groups or species	The disease producing power of a microorganism. The ability of a microorganism to invade and cause injury to the host. The relative capacity of a microorganism to overcome the host defense mechanisms... The degree of pathogenicity within the group or species
Lacey and Brooks (1997)	The quality or state of being pathogenic. The potential ability to produce disease. Applied to groups or species	The disease producing power of an organism. Degree of pathogenicity within a group or species
Thomas and Elkinton (2004)	The number of dead individuals relative to the number exposed to the pathogen	The number of dead individuals relative to the number infected

Fuente: Extraída de Shapiro et al., (2005).

Tabla 1-4: Definiciones de patogenicidad y virulencia en varias disciplinas, según Shapiro et al., (2005).

Definitions of pathogenicity and virulence in various disciplines			
Discipline	Reference	Pathogenicity	Virulence
Medicine (pathology/ cytology)	Young and Barger (1971)	The ability of an organism to cause disease	The severity of an infection. It quantitates pathogenicity
Medicine	Stedman's Medical Dictionary (27th edition, 2000)	The condition or quality of being pathogenic, or the ability to cause disease	The disease evoking severity of a pathogen
Medicine	Taber's Cyclopedic Medical Dictionary (19th edition, 2001)	The state of producing or being able to produce pathological changes and disease	The relative power and degree of pathogenicity possessed by organisms
Medicine	Dorland's Illustrated Medical Dictionary (30th edition, 2003)	The quality of producing or the ability to produce pathological changes or disease	The degree of pathogenicity of a microorganism as indicated by the severity of the disease produced and its ability to invade the tissues of a host
Microbiology (bacteriology)	Ford (1927)	Ability of the infectious organism to invade the organs and tissues	The strength of their [bacteria's] pathogenic activity... the sum of their disease producing properties
Microbiology/ microbial pathogenesis	Casadevall and Pirofski (1999)	The capacity of a microbe to cause damage in a host	The relative capacity of a microbe to cause damage in a host
Plant pathology	Shaner et al. (1992)	Comprehensive term to refer to the ability of a microorganism to cause disease	Relative capacity to damage the host
Plant pathology	Bos and Parlevliet (1995)	Quantitative capacity to cause disease; the overall disease inducing capacity of a biotic or abiotic factor	Ability of a parasite to incite reaction and cause disease
Plant pathology	Agrios (1988)	The capability of a pathogen to cause disease	The degree of pathogenicity of a given pathogen

Fuente: Extraída de Shapiro et al., (2005).

1.1.2 Virulencia

Este vocablo procede del latín *Virus – lentus*, que significa lleno de veneno. Esto representa desde tiempos antiguos, una connotación de malignidad. Desde los inicios de la microbiología siempre ha existido controversia respecto a la definición de este término (Shapiro et al., 2005). En general la virulencia es la medida o la forma de cuantificar el grado o capacidad que tiene un microorganismo de causar enfermedad o de causar daños o lesiones. Por tanto el grado de virulencia está relacionado con la influencia que hace la condición inmune del huésped y sus factores asociados, que limitan o facilitan la capacidad de que el patógeno se multiplique dentro del organismo y por ende el daño causado por éste. En este contexto la virulencia puede medirse en la cantidad de microorganismos que son necesarios para causar la infección y la enfermedad. Usualmente estas mediciones se reportan como el número de viriones, Unidades Formadoras de Placa, Unidades Formadoras de Colonias, cantidad de bacterias o de esporas por gramo, Dosis Letal 50 (DL50), Dosis Infecciosa 50 (DI50), etc. Es de anotar que estas mediciones son afectadas por la respuesta inmune del huésped, el tipo de tejido infectado (presencia o ausencia de receptores), la edad o etapa de crecimiento o de ciclo biológico y por factores ambientales, como la ruta de transmisión, estaciones climáticas, nutrición, prácticas de manejo, etc.

Adicionalmente la virulencia también depende de los factores propios de la biología de cada patógeno, puesto que individuos de un mismo género y especie pueden ser menos o más virulentos que otros (variación de cepas o de aislamientos), esto se debe principalmente a que, en sus genomas poseen genes que codifican para proteínas y enzimas que les permiten adherirse y colonizar tejidos o replicarse más eficientemente, ó incluso toxinas que causan daño tisular. La combinación de estos factores de virulencia son determinantes en que se necesiten diferentes cantidades de cada patógeno para causar enfermedad. Por estas razones se hace necesario cuantificar la carga microbiana para determinar su virulencia y por ende determinar en últimas si un organismo es patógeno o no (Tomas y Elkinton 2004).

1.1.3 Medidas longitudinales de detección de patógenos o de enfermedad

Los parámetros más empleados para la medición de una enfermedad, son la **prevalencia** y la **incidencia**, estos términos suelen emplearse de forma incorrecta confundiendo un término con el otro (de Blas et al., 2008).

▪ Prevalencia

Es la proporción de casos totales en una población, en un momento dado o en un período determinado y que representa la probabilidad de que un individuo escogido en forma aleatoria, corresponda a un caso.

Para este estudio, el caso corresponderá a una colmena infectada con un determinado patógeno y no como tradicionalmente se define, como un individuo con manifestación de enfermedad. Por tal razón la prevalencia de cada enfermedad, se definirá como la proporción entre:

Numero de colmenas muestreadas infectadas / Número total de colmenas muestreadas.

Esta proporción genera valores entre 0 y 1, lo cual puede expresarse en términos de porcentaje (0 a 100%).

Es importante resaltar que el cálculo de la prevalencia, no distingue entre casos antiguos y nuevos; más aún en este estudio, en el cual no se conoce si previamente existían algunos de éstos patógenos en el país.

▪ Incidencia

A diferencia de la prevalencia (proporciones), la incidencia puede considerarse como “tasas”, en la cual se establece la velocidad de aparición de casos en una población en un período de tiempo determinado. Este parámetro es útil para:

- Relacionar causales de enfermedad y su relación con factores de exposición.
- Conocer la probabilidad de aparición de una enfermedad en un período determinado, especialmente cuando todo el período de riesgo está bien definido e incluido en el estudio.

Según la población y la enfermedad en estudio, se puede utilizar dos parámetros: Incidencia acumulada y Tasa de Incidencia.

Incidencia acumulada: Es la proporción de individuos sanos al inicio del estudio, que enferman a lo largo del mismo. Este parámetro es útil en estudios de corta duración ó cuando NO se presentan movimientos significativos en la población.

Se calcula dividiendo el número de nuevos casos que aparecen durante el período de estudio por la población en riesgo de enfermar (sin considerar los casos existentes)

$$\text{Incidencia acumulada} = \frac{\text{\# de casos nuevos}}{\text{población en riesgo}}$$

Tasa de incidencia: Contrario a lo anterior, este parámetro es aplicable a estudios de larga duración o con poblaciones poco estables. Relaciona el número de nuevos casos que aparecen durante el período de estudio, con el riesgo de infectarse.

En razón a que no todos los individuos se enferman al mismo tiempo, es necesario definir períodos o subperíodos (días, semanas, meses, años, etc.), según la duración del estudio y la accesibilidad de la información.

1.2 Enfermedades con impacto sanitario y económico en apicultura

La abeja *Apis mellifera* europea, es la más comúnmente empleada en el mundo para la producción de miel, polen y cera. Su uso data desde el año 2600 A.C. en el antiguo Egipto y

hasta nuestros días. En 2007, se estimó que la producción mundial de miel fue de 1.07 millones de toneladas, equivalente a 1.25 billones de dólares. Otro aspecto importante en la producción apícola como tal, la constituye el papel preponderante que cumplen las abejas en la polinización en los diferentes ecosistemas y en los cultivos de plantas destinadas al consumo humano. Se estima que estas cosechas comprenden el 65% de la producción global de alimento y el 35% de su producción depende de la polinización por insectos y en especial de las abejas. Debido a la estrecha relación entre abejas, el medio ambiente y los cultivos; cualquier disminución o pérdida en el número de polinizadores, puede poner en riesgo la seguridad alimentaria y el mantenimiento de los ecosistemas. Por ejemplo, aunque en el mundo en las últimas 5 décadas, se aumentó en un 64% el total de colmenas, en Estados Unidos y Europa, se observó una declinación del 49.5% y del 26.5% respectivamente (van Engelsdorp y Meixner 2010).

Dentro de las causas de la disminución de las poblaciones de abejas tanto silvestres como cultivadas en estos países, la constituye la aparición en el año 2005 del “Desorden de Colapso de Colonia”, el cual ha causado pérdidas económicas en USA, entre el 29 y 32% (USDA 2012). Esta entidad es caracterizada por la rápida declinación del número de abejas obreras, razón por la cual la comunidad científica ha volcado su atención hacia el estudio de las causas de este fenómeno. Por tal razón se ha emprendido una agresiva búsqueda para determinar sus causas abióticas y biológicas, incluyendo patógenos, dentro de los cuales se asocian *V. destructor* y el virus de alas deformes. Otros factores que también amenazan a las poblaciones apícolas comprenden: El uso intensivo de pesticidas en agricultura, la exposición crónica o exagerada a acaricidas, para el control de *Varroa destructor*; así como la alteración y destrucción de los hábitats naturales, que adicionalmente producen desequilibrio en especies de plagas para las colmenas (Genersch y Aubert 2010); sin embargo otra de las causas más importantes que han aumentado la morbi-mortalidad de las abejas y por ende disminución en la producción apícola, la constituyen la diseminación de enfermedades causadas por microorganismos patógenos (Genersch, Evans y Fries 2010).

Como es sabido todos los organismos vivos son susceptibles al ataque por sus enemigos naturales, y las abejas productoras de miel del género *Apis*, no son la excepción. A lo largo de la historia de la evolución y de la selección natural, las abejas han alcanzado un alto nivel de organización social, que les permite que puedan convivir cientos de individuos en estrecha cercanía, bajo un estricto orden. Uno de los mecanismos de contacto social entre abejas, lo

constituye la trofalaxis, por medio del cual se pasan y comparten alimento entre los miembros de una colmena, y a su vez permite que haya comunicación por medio de hormonas y feromonas; sin embargo esto puede facilitar el ingreso y diseminación de enfermedades. Frente a esta situación, las abejas han desarrollado mecanismos de defensa colectivos, dirigidos a mantener “limpia” la colonia, removiendo o atacando cualquier agente patógeno, parasitario o plaga que se introduzca en la colmena; en estos casos, las abejas emplean el mecanismo de defensa más importante de estos insectos: “El comportamiento higiénico”, el cual comprende la identificación y remoción de las crías enfermas; para esto las abejas inspeccionan celda por celda y si encuentran una larva enferma, la desoperculan (le retiran la tapa de la celda), la remueven y la retiran de la colonia. En el caso de que haya abejas adultas enfermas, éstas son forzadas a abandonar la colmena o se alejan de ella durante sus vuelos. A pesar de estos mecanismos de defensa, las abejas pueden verse afectadas por plagas y patógenos, que pueden diseminarse por migración, venta y traslado de colonias y reinas infectadas, o por uso de equipos de contaminados. Esta situación se ha incrementado por la globalización, que ha permitido que todos estos elementos puedan ser transportados a grandes distancias y aún entre continentes, introduciendo enfermedades en lugares donde no se encontraban previamente. A manera de ejemplo, la introducción de abejas europeas a Asia, permitió la entrada a este continente del ácaro *Acarapis woodi*, ó en el caso de América, la aparición de *Varroa destructor* (Genersch et al., 2010).

1.2.1 Enfermedades infecciosas de las abejas causadas por bacterias

▪ Loque Americana

La loque americana (LA), también conocida como American Foulbrood (AFB), afecta a la larva de *Apis mellífera* y de otras subespecies de *Apis*. El microorganismo causante es *Paenibacillus larvae*, una bacteria que puede producir más de mil millones de esporas en cada larva infectada. Las esporas son extremadamente resistentes al calor y a los agentes químicos, y pueden sobrevivir durante muchos años en escamas (procedentes de crías enfermas muertas), productos y equipos para colmenas. Solo las esporas son capaces de inducir la enfermedad. Los panales de las colonias infectadas tienen una apariencia moteada debido a una mezcla de crías operculadas sanas, celdas no operculadas que contienen restos de larvas enfermas y celdas vacías. Las celdas operculadas de una larva enferma aparecen húmedas y oscuras, volviéndose cóncavas y, posiblemente, perforadas

a medida que progresa la infección. El color de la larva o pupa cambia a marrón crema y luego a marrón oscuro con una apariencia viscosa cuando se extraen. En algunos casos, los restos de larvas son más bien acuosos. Eventualmente, la cría enferma se seca y forma unas escamas frágiles características, que se adhieren fuertemente a la parte baja de las paredes de las celdas. La formación de una lengua pupal es una de las señales más características de la enfermedad, aunque raramente observada, y precede a la formación de escamas.

La infección puede transmitirse a las larvas a través de las abejas nodrizas o por las esporas que permanecen en la base de las celdas de las crías. La susceptibilidad de las larvas a la LA disminuye cuando aumenta la edad; las larvas no pueden ser infectadas una vez transcurridas 53 horas desde la eclosión del huevo. La forma más común de propagación de la enfermedad de una colonia a otra es el intercambio de panales con restos de crías enfermas. Además, la enfermedad también puede propagarse por el robo de miel cargada de esporas, la alimentación con esta miel o el polen y cera contaminados y por la introducción de reinas procedentes de colonias infectadas (OIE 2016).

Esta enfermedad se encuentra presente en varias partes del mundo, incluyendo algunos países de Suramérica, como Argentina (Alippi et al., 2004), Chile (Rodríguez et al., 2014) y Uruguay (Antúnez et al 2015). El diagnóstico de la LA se basa en la presencia de síntomas clínicos y la identificación del agente patógeno por microscopía, cultivo y pruebas bioquímicas. Para un diagnóstico eficaz, se recomienda el diagnóstico por técnicas de biología molecular, en el manual de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), se describen dos protocolos de identificación específica de esta bacteria por medio de la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Dobbelaere et al., 2001; Lauro et al., 2003; Genersch 2010).

▪ **Loque Europea (European Foulbrood EFB)**

La bacteria causante de esta enfermedad es *Melissococcus pluton*. Es poco fiable la identificación de su presencia mediante la observación de los signos de la enfermedad. El signo más claro y frecuente es la muerte de las larvas poco antes de ser operculadas en sus celdas, pero esto puede ser otras causas distintas. La mayoría de las colonias infectadas presentan pocos signos visibles, los cuales a menudo disminuyen por sí solos

de forma rápida y espontánea antes del final de cada temporada activa. La infección sigue siendo enzoótica dentro de las colonias individuales debido a la contaminación de los panales de miel por microorganismos resistentes, por lo tanto, pueden esperarse repeticiones de la enfermedad en años posteriores.

Las larvas infectadas normalmente mueren después del primer o segundo día, antes de ser operculadas en sus celdas, o poco tiempo después. La mayoría de las larvas enfermas salen de su posición de enroscamiento en el fondo de sus celdas antes de morir. Muchas son detectadas rápidamente y retiradas por las abejas nodrizas, dejando celdas vacías diseminadas al azar entre las crías restantes. Las larvas infectadas que escapan a la detección de las abejas adultas, mueren y se vuelven flácidas y su color se torna amarillo o marrón, convirtiéndose al mismo tiempo en una masa semilíquida; después se secan y forman escamas de color marrón oscuro que pueden extraerse fácilmente de las celdas. Las colonias gravemente afectadas pueden tener un olor muy rancio o agrio, algunas veces ácido como el vinagre, pero a menudo no hay olor. Los signos de la enfermedad generalmente desaparecen de forma espontánea antes de finalizar la temporada activa, pero es probable que vuelva a repetirse la enfermedad en los años siguientes.

El diagnóstico se puede realizar por medio de la observación de los síntomas en la colmena, también por microscopía y cultivo microbiológico; sin embargo no es fácil identificar la bacteria por estos procedimientos y por lo tanto el método recomendado lo constituyen las pruebas moleculares como la PCR (Govan et al., 1998; Mckee et al., 2003; Forsgren 2010). De esta enfermedad se tienen reportes en varias partes del mundo, como en el Reino Unido (Wilkins et al., 2007), Australia (Djorjevic et al., 1999), Suiza (Forsgren et al., 2005), Japón (Arai et al., 2012). En Suramérica, aunque al parecer esta patología está presente, no se tienen publicaciones al respecto.

1.2.2 Enfermedades causadas por virus

Desde que el Desorden de Colapso de Colonia (CCD) fue identificado en 2005, la investigación y descripción de daños causados por los diferentes patógenos apícolas se ha extendido; en particular para los virus. Actualmente se han reportado 18 tipos de virus que afectan a las abejas en diferentes partes del mundo; entre ellos, 7 son los más importantes: Virus de la celda real negra (Black Queen Cell Virus BQCV), virus de alas

deformes (Deformed Wing Virus (DWV), virus de Kashmir (Kashmir Bee Virus KBV), virus de la cría ensacada (Sacbrood Virus SBV), virus de la parálisis aguda (Acute Bee Paralysis Virus ABPV), virus de la parálisis crónica (Chronic Bee Paralysis Virus CBPV) y virus de la

parálisis israelí (Israeli Acute Paralysis Virus IAPV (Chen et al., 2005).

En razón a que estos 7 virus poseen un genoma de ARN de cadena sencilla, hoy día su diagnóstico se hace principalmente por la técnica de biología molecular, conocida como Retrotranscripción y Reacción en cadena de la Polimerasa (RT-PCR). Para este procedimiento se debe realizar previamente la extracción del ARN viral, a partir de las muestras de larvas y adultas, sospechosas de estar infectadas con alguno de estos virus; posteriormente el ARN obtenido es sometido al paso de Retrotranscripción mediante una enzima transcriptasa reversa, la cual elabora copias de ADN complementario (ADNc). Seguidamente este ADNc es amplificado en el proceso de PCR, con iniciadores específicos y la enzima ADN polimerasa. Las copias de ADN resultantes pueden ser detectadas mediante electroforesis en geles de agarosa (RT-PCR convencional) (Yue y Genersch 2005). Actualmente ya se han reportado varios protocolos de RT-PCR en tiempo real, que permiten una detección más rápida y sensible, incluso se puede cuantificar la carga viral en una muestra. Esta técnica puede realizarse mediante el empleo de tinturas fluorescentes como SybrGreen ó con sondas marcadas con fluoróforos (Taqman o de hidrólisis), que son específicas para cada virus (Chen et al., 2005; de Miranda et al., 2013).

▪ **Virus de las Alas Deformes (Deforming Wing Virus DWV)**

Este virus icosaédrico de 30 nm, pertenece a la familia *Iflaviridae*, género *Iflavivirus*. Posee una hebra sencilla de ARN de polaridad positiva; su genoma es de 10140 nucleótidos de largo y contiene un solo marco de lectura abierto (Open Reading Frame ORF), que codifica una poliproteína de 328 kDa. El genoma es monopartita monocistrónico, con una UTR y genes estructurales en el extremo 5' y con los genes no estructurales, una pequeña UTR y una cola de poliA en el 3'. Las tres proteínas estructurales son VP1 (44 kDa), VP2 (32 kDa) y VP3 (28 kDa), las cuales se ubican en la sección N-terminal de la poliproteína, mientras que el extremo C terminal contiene una ARN helicasa, una 3C proteasa y una ARN polimerasa dependiente de ARN (de Miranda y Genersch 2010) (Figura 1-1).

Figura 1-1: Estructura del virus de DWV (de Miranda y Genersch 2010)



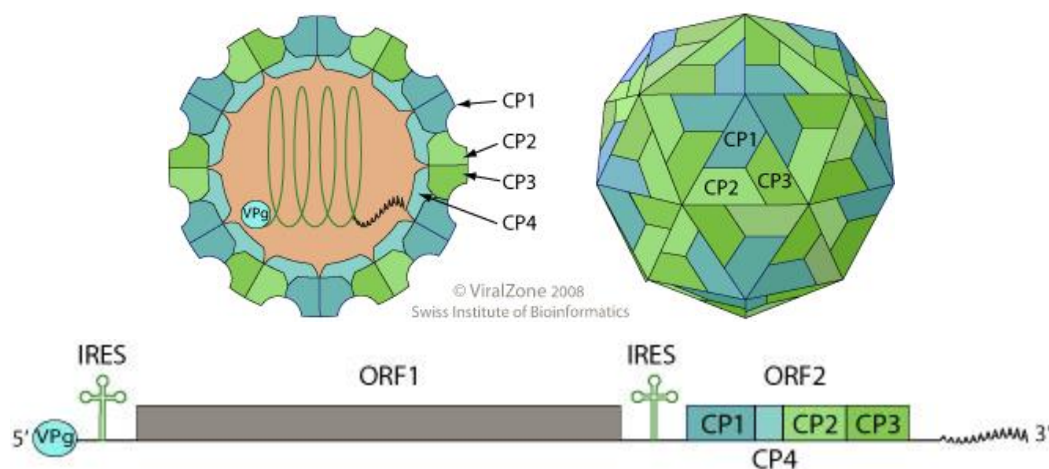
Fuente: de Miranda y Genersch 2010

Este virus es uno de los que más infecta a las abejas por transmisión vertical y horizontal y de los más investigados debido a su estrecha relación con el Desorden de Colapso de Colonia (CCD). Cuando una colmena está infectada con DWW, pero no infestada con *V. destructor*; la infección de DWV no genera síntomas visibles; en contraste cuando *V. destructor* está presente, logra transmitir el virus a las pupas en desarrollo, causando muerte pupal, ó en caso de que sobrevivan, las abejas emergentes presentan alas deformadas, dobladas, con abdomen acortado y descolorido. Estas abejas con alas deformes no son viables y mueren pronto (de Miranda y Genersch 2010).

▪ Virus de la Celda Real Negra (Black Queen Cell Virus BQCV)

Este es un virus clasificado dentro del género *Cripavirus* de la familia *Dicistroviridae*; su genoma es de ARN, monopartita bicistrónico, con dos ORFs, cuyos genes no estructurales se ubican en el extremo 5' y los estructurales en el 3' (Figura 1-2). Este virus afecta a las larvas y pupas de las reinas, las cuales toman una coloración marrón o negruzca y finalmente mueren; de ahí su nombre (Figura 1-3). Este virus también puede afectar a larvas y pupas de obreras, pero no desarrollan los síntomas típicos. También puede detectarse en adultas pero no causan ninguna alteración conocida (Kukielka y Sánchez-Vizcaíno 2009).

Figura 1-2: Estructura de virus del género *Cripavirus*.



Fuente: http://viralzone.expasy.org/viralzone/all_by_species/301.html

Figura 1-3: Larva de abeja reina afectada por BQCV.



Fuente: <https://beeinformed.org/2013/12/04/bgcv-black-queen-cell-virus/>

▪ **Virus de la Cría Ensacada (SacBrood Virus SBV)**

El virus de la cría ensacada (SBV) junto con el virus de parálisis aguda (ABPV), son los que más comúnmente afectan a las abejas en Europa y USA, principalmente en primavera y verano; y se les involucra en el Colapso de las Colonias. El SBV pertenece a la superfamilia *Picornavirus*, género *Iflavivirus*. SBV afecta a las larvas, las cuales cambian de forma y de color y no pueden cambiar a pupas causándoles la muerte; las larvas muertas quedan descompuestas dentro de su bolsa, que forma una especie de saco (de ahí su nombre). Aunque es muy prevalente la infección, pocas larvas enfermas pueden encontrarse, debido a que son removidas rápidamente por las abejas obreras, en la etapa inicial de la infección; sin embargo cuando este mecanismo no es efectivo, pueden aparecer los brotes (Kukielka y Sánchez-Vizcaíno 2009).

Figura 1-4: Apariencia de una larva afectada por SBV.



Fuente: <http://www.ent.uga.edu/bees/disorders/viral-diseases.html>

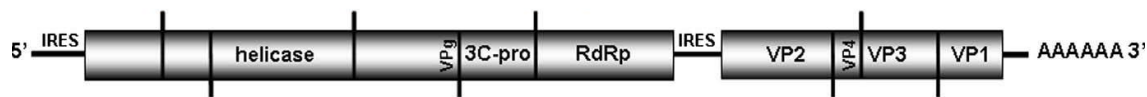
- **Virus de la Parálisis Crónica (Chronic Bee Paralysis Virus CBPV)**

Este virus posee un genoma de ARN de cadena sencilla y no ha sido clasificado dentro de ninguna familia. Este virus afecta a las abejas adultas, causándoles alteraciones físicas y de comportamiento, tales como temblor, incapacidad para volar y apariencia ennegrecida. Pueden darse dos distintos tipos de síndromes: El tipo 1, fue descrito inicialmente en Inglaterra, cuando se observaron grupos de abejas muertas ó paralizadas con movimientos temblorosos, acumuladas a la entrada de las colmenas, con incapacidad para volar. Al tipo 2, se le conoce por varios nombres en diferentes países: En Inglaterra: “negras y pequeñas” ó “negras ladronas”; en Europa continental: “mal negro” y en USA: “síndrome de abejas negras sin pelo”. Estos nombres lo reciben por la apariencia de las abejas afectadas: Sin pelo, oscuras o negruzcas brillantes, lo cual las hace ver de tamaño corporal más pequeño y con abdomen más ancho. En razón a este cambio, parecen como intrusas o ladronas y son atacadas por las abejas sanas. Adicionalmente estas abejas están temblorosas, no pueden volar y finalmente mueren (Ribiere, Olivier y Blanchard, 2010).

- **Virus de la parálisis aguda (Acute Bee Paralysis Virus ABPV) y virus de la parálisis israelí (Israeli Acute Paralysis Virus IAPV)**

Estos tres virus forman parte de un complejo viral, cuyo genoma es ARN de polaridad positiva. La organización genómica de estos virus es la típica de Dicistroviridae, con dos marcos de lectura abiertos (Open Reading Frames ORFs), separados por una región intergénica (IGR) y flanqueada por dos regiones no traducidas UTRs, que contienen IRES (Internal Ribosome Entry Site). El ORF más grande está localizado en el extremo 5' y codifica para las proteínas no estructurales involucradas en la replicación viral y su procesamiento: Una ARN helicasa, una 3C proteasa y una ARN polimerasa dependiente de ARN. El segundo ORF, más pequeño, se ubica hacia el extremo 3' y codifica para las proteínas de cápside estructurales: VP1, 2 y 3, finalmente se ubica una cola de poliA (Figura 1-4). Estos virus están implicados en pérdidas masivas de colonias de abejas, especialmente cuando están infestadas con *V. destructor*. Como su nombre lo indica también causan parálisis, pero a diferencia de la CBPV, la alteración se presenta en forma más rápida, especialmente cuando está presente *V. destructor*, el cual sirve como diseminador de virus (de Miranda, Cordoni y Budge 2010).

Figura 1-5: Organización genómica de los Dicistrovirus (de Miranda, Cordoni y Budge 2010).



Fuente: de Miranda, Cordoni y Budge 2010

1.2.3 Enfermedades causadas por hongos

■ Cría enyesada (*Ascophærosis* ó Chalkbrood disease)

La cría enyesada, es una enfermedad micótica de las larvas de las abejas mellíferas, causada por *Ascosphaera apis*. Esta enfermedad está diseminada en todo el mundo y cada día aumenta el número de casos. El término enyesada hace referencia a la apariencia que toman las larvas infectadas con el hongo. Las esporas son la fuente primaria de la infección, las cuales penetran a la larva por ingestión y luego germinan en la luz intestinal, formando un micelio que puede romper la cavidad abdominal, causando daño enzimático y alteración en la circulación de la hemolinfa. La larva infectada disminuye progresivamente el consumo de alimento hasta morir; estas larvas aparecen hinchadas y momificadas con color blanquecino o negruzco dentro del interior de la celda. Cuando las abejas adultas detectan estas larvas, las retiran y pueden verse al exterior de la colmena. Aunque las abejas adultas no son susceptibles a la enfermedad, sí pueden transmitirla, principalmente al compartir el alimento entre las adultas forrajeras y de ellas hacia las nodrizas y luego a las larvas. De otra parte el material y equipos contaminados con esporas, son fuente de diseminación entre colmenas y apiarios. Aunque la enfermedad es fatal, no suele destruir una colmena entera; sin embargo las pérdidas son significativas en número de abejas y bajas de producción, con reducciones entre el 5 y el 37%. El diagnóstico se basa en el examen macro y microscópico de las larvas, complementado con el cultivo del hongo (Jensen et al., 2013).

1.2.4 Enfermedades causadas por microsporidiosis

■ Nosemosis (*Nosema apis* y *Nosema ceranae*)

Hasta este momento se han descrito dos parásitos microsporidianos de las abejas: *Nosema apis* y *Nosema ceranae*. *Nosema apis* es un parásito de la abeja europea (*Apis*

mellifera) y *Nosema ceranae* lo es de la abeja asiática (*Apis cerana*) y de la abeja europea; ésta última se ha detectado en poblaciones de abejas europeas geográficamente separadas en Europa, Sudamérica, Norteamérica y Asia. *N. apis* es un parásito que invade las células epiteliales del ventrículo de las abejas adultas, originando una gran cantidad grande de esporas en un periodo corto de tiempo. Las esporas se expulsan con las heces y en ellas pueden permanecer viables durante más de 1 año. También pueden seguir siendo infectivas después de su inmersión en la miel y en el interior de los cadáveres de las abejas infectadas. Las infecciones se adquieren por la entrada de las esporas durante la alimentación o la limpieza, transmitiéndose entre las abejas mediante la ingestión de agua y del material contaminado de los panales y por la trofalaxis. La contaminación fecal de la cera, especialmente en los panales empleados para la cría, o de otras superficies interiores de la colmena, proporciona un inóculo suficiente para que *N. apis* se pueda

transmitir con éxito a la siguiente generación de abejas.

En cuanto a la Identificación del agente etiológico, en algunos casos agudos se observan marcas fecales marrones en el panal y en el frontal de la colmena, con abejas enfermas o muertas en sus proximidades. Sin embargo, la mayoría de las colonias no muestran signos claros de infección, incluso cuando la enfermedad es suficiente para causar pérdidas significativas en producción. En las abejas afectadas, el ventrículo, que es normalmente marrón, puede ser blanco y muy frágil. Los exámenes microscópicos de los contenidos abdominales revelarán la presencia de las esporas ovales de *N. apis*, de un tamaño de $5-7 \times 3-4 \mu\text{m}$ con un contorno oscuro (*N. ceranae* es ligeramente más pequeña) (Fries 2010; OIE 2016). De otra parte también se han reportado protocolos de PCR convencional y en tiempo real para diagnosticar y cuantificar a estos parásitos (Bourgeois et al., 2010).

Se ha postulado que *N. ceranae* es uno de los microorganismos que ha contribuido a la pérdida de colmenas en Europa y Norteamérica (Martínez-Hernández et al., 2008; Higes et al., 2008). Estos parásitos también se encuentran presentes en México (Martínez, Medina y Catzín 2011) y en algunos países de Suramérica (Klee et al., 2007), como Argentina (Plischuck et al., 2009), Chile (Rodríguez et al., 2014) y Uruguay (Antúnez et al., 2015). En Colombia no existen reportes previos de la presencia de *Nosema spp* en *A. mellifera*, solo se existe un reporte reciente de la presencia de *N. ceranae* en poblaciones silvestres y criadas de *Bombus atratus* (Gamboa et al., 2015).

1.2.5 Enfermedades causadas por ácaros

▪ Infestación por *Varroa destructor* (Varroasis)

Los ácaros *Varroa* son parásitos de abejas adultas y de sus crías. Se han descrito cuatro especies: *Varroa jacobsoni*, *V. destructor*, *V. underwoodi* y *V. rinderi*. Hasta hace poco los ácaros *Varroa* que afectan a *Apis mellifera* en todo el mundo se suponía que eran *V. jacobsoni*. Sin embargo, se ha visto que estos ácaros son en realidad *V. destructor*. El ácaro se inserta entre las placas abdominales de las abejas adultas donde penetra las membranas intersegmentarias para succionar la hemolinfa; en ocasiones también se encuentra entre la cabeza y el torax. Para reproducirse, la hembra se introduce en las celdillas de cría poco antes de ser operculadas; prefieren las crías de zánganos a las crías de obreras. Después de que la celdilla de cría se selle, el ácaro pone hasta siete huevos

en intervalos de aproximadamente 1-2 días. Eclosionan en ninfas, pero sólo dos o tres llegan a la fase de adulto. El número de ácaros aumenta normalmente de forma suave al comienzo de la temporada reproductiva. Pueden observarse los síntomas clínicos en cualquier momento de la temporada activa si bien, habitualmente, los recuentos máximos se alcanzan al final de la misma, cuando pueden reconocerse los primeros síntomas clínicos de infestación. El curso de este parasitismo es normalmente letal, a excepción de algunas áreas tales como la zona tropical de Latinoamérica (OIE 2016).

▪ **Infestación por *Tropilaelaps***

Los ácaros *Tropilaelaps clareae* y *T. koenigerum*, son parásitos de las crías y adultas de las abejas melíferas. Se alimentan a base de larvas o ninfas de las abejas, causando malformaciones en las crías, muerte de las abejas y un declive posterior o la fuga de las colonias. La infestación puede reconocerse mediante el examen de los restos de la colmena. La forma irregular de la cría, la muerte o malformación embrionaria, las abejas con alas malformadas que se arrastran hacia la entrada de la colonia, y especialmente la presencia en la colonia de ácaros grandes, alargados, veloces y de color marrón-rojizo, sirven para diagnosticar la presencia de *T. clareae*. Se puede realizar un diagnóstico temprano abriendo las celdillas de cría y encontrando dentro, ácaros inmaduros y adultos. Los ácaros *Tropilaelaps clareae* se encuentran en Asia, desde Irán en el noroeste hasta Papua (Nueva Guinea) en el sureste, mientras que *T. koenigerum* es conocido sólo en Sri Lanka y Nepal. *Tropilaelaps clareae* se puede extender rápidamente por medio de la abeja melífera *Apis mellifera*. El hospedador natural de ambas especies de *Tropilaelaps* es la abeja asiática gigante *Apis dorsata*, pero *T. clareae* se ha recogido de *A. cerana*, *A. florea*, *A. mellifera* y *A. laboriosa*, mientras que *T. koenigerum* aparece en *A. laboriosa* y *A. dorsata* (OIE 2016).

▪ **Infestación por *Acarapis woodi* (Acarapisosis - acariosis)**

La acariosis es una enfermedad de la abeja adulta de la miel *Apis mellifera* y de otras especies de *Apis*, causada por el ácaro *Acarapis woodi*. El ácaro tiene un tamaño aproximado de 150 µm y es un parásito interno del sistema respiratorio. Estos ácaros traqueales entran, viven y se reproducen principalmente en la gran tráquea protorácica de todas las abejas, alimentándose de la hemolinfa de su hospedador; a veces se encuentran también en los sacos aéreos de la cabeza, tórax y abdomen. La reproducción tiene lugar

dentro de la tráquea de las abejas adultas, donde las hembras del ácaro pueden depositar 8–20 huevos. El desarrollo dura 11–12 días para los machos y 14–15 días para las hembras. En general, sólo son sensibles las abejas recién salidas del huevo con menos

de 10 días de edad (OIE 2016).

Los efectos patológicos en las abejas infectadas dependen del número de parásitos en la tráquea y se deben tanto a daños mecánicos como a disfunciones fisiológicas derivadas de la obstrucción de los conductos aéreos, lesiones en las paredes traqueales y descenso de la hemolinfa. A medida que aumenta la población de parásitos, las paredes traqueales, se vuelven opacas y descoloridas con manchas eruptivas negras. Las primeras manifestaciones de la infección suelen pasar desapercibidas, y sólo cuando la infección es masiva se hace aparente. La infección se extiende por contacto directo. El diagnóstico generalmente se hace por microscopía (OIE 2016). Este ácaro se encuentra presente en varias partes del mundo; en Latinoamérica se registró su presencia en México en 1980 (Wilson y Nunamaker 1982 y 1985), sin embargo en Suramérica, no se tienen publicaciones al respecto. En Colombia solo se registró la presencia de éste parásito en una población de abejas europeas al final de la década de los 70s (Menapece y Wilson, 1980).

1.2.6 Enfermedades causadas por escarabajos

▪ Infestación por *Aethina tumida*

El pequeño escarabajo de las colmenas *Aethina tumida* (orden Coleoptera, familia Nitidulidae), es un parásito carroñero de las colmenas de abejas melíferas. Los adultos y las larvas se alimentan de las crías causando su muerte, así como de miel y el polen, causando su fermentación y la destrucción de los panales, lo que a menudo desemboca en la desintegración total de la estructura del nido y la dispersión del enjambre. Su desarrollo requiere entre 3 y 12 semanas, dependiendo de la temperatura y la disponibilidad de alimentos. Los escarabajos voladores adultos infestan de forma activa las colonias; esta infestación puede reconocerse de forma indirecta, por los daños infligidos a la colonia entera, o de forma directa en los huevos, las larvas y los adultos. Se puede realizar un diagnóstico al abrir la colonia y encontrar escarabajos adultos en la colmena. Se pueden utilizar insecticidas dentro y fuera de las colonias para eliminar los escarabajos adultos y las larvas. (OIE 2016).

1.3 Enfermedades de abejas incluidas en la lista de la OIE

Una de las misiones de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), es garantizar la transparencia de la situación de la salud animal en el mundo y mejorar los conocimientos que se tienen de las enfermedades, para tal efecto, la OIE publica desde 1960 el Código Sanitario y el Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres; en estos manuales se encuentran las descripciones y los lineamientos en cuanto al diagnóstico de las diferentes enfermedades de los animales, en especial los de importancia productiva y económica para el hombre. Para el caso de las enfermedades de las abejas, la OIE incluye seis enfermedades: Acarapisosis, Infestación por los ácaros *Tropilaelaps*, Infestación por el escarabajo de las colmenas (*Aethina tumida*), Loque americana, Loque europea y Varroasis, sin embargo las otras enfermedades que aún no se encuentran en esta lista, también son importantes de conocer y controlar y que en Colombia no se sabe aún cuales de ellas podrían estar presentes, incluidas las de la OIE (2016).

1.4 Asociación entre *Varroa* y DWV

En toda enfermedad, especialmente las de tipo infeccioso, siempre se busca identificar la causa y los factores que predisponen a su presentación; lo mismo ocurre para el caso de las enfermedades de las abejas, en particular para el CCD y uno de los virus asociados a éste, el DWV y su interacción con *Varroa destructor*. Para analizar el desarrollo de éste virus en las abejas, es necesario recordar los componentes de la “Triada Epidemiológica”, la cual involucra las interrelaciones que se dan entre el Medio Ambiente – Organismo Hospedero (Hospedador) y el agente etiológico (huésped). En este contexto el concepto de patógeno, no solo radica en la capacidad que tiene éste por invadir a su hospedero, sino en las condiciones que se lo permiten, tanto de ese organismo como del medio ambiente que lo rodea; en el caso específico del DWV, como se menciona más adelante, son muchas las teorías y los hallazgos respecto a cómo este virus logra infectar a las abejas y puede en algunas ocasiones permanecer latente y en otras causar lesiones y mortalidad.

En primer lugar es notorio que antes del arribo de *Varroa destructor* a Europa y América, las poblaciones de abejas, al parecer no presentaban graves patologías; posterior a esto se generó una avalancha de reportes de pérdidas de colonias y de enfermedades, entre ellas las Alas Deformes, que para ese entonces se asoció directamente con el parasitismo

por *Varroa*, producto de la succión de la hemolinfa. En los años subsiguientes se evidenció que el virus se replicaba en la varroa y que podía transmitirlo en forma horizontal a las abejas y que éstas a su vez también lo hacían por contacto directo con las otras adultas y con la cría y también a través del alimento; adicionalmente se descubrió la transmisión vertical a la progenie. Todos estos hallazgos dan cuenta de la intrincada complejidad de las rutas de transmisión del virus; y que por tanto la presentación de la enfermedad, no obedece a un solo factor, sino que es la conjunción de dos o más factores.

Para introducir este tema, en primer lugar se citará un aparte del resumen de la revisión de DWV hecha por de Miranda y Genersch en 2010 y otro de la revisión de enfermedades virales emergentes hecha por Genersch y Aubert en 2010:

“En ausencia de *V. destructor*, la infección de DWV no genera síntomas visibles, ni tampoco ningún impacto negativo en el huésped. Sin embargo por razones que aún no son totalmente entendidas, la transmisión de DWV por *V. destructor*, a las pupas en desarrollo causa síntomas clínicos incluyendo muerte pupal y abejas adultas con alas deformes” (de Miranda y Genersch 2010).

“Se ha demostrado que los brotes de infecciones de DWV, están ligados a la habilidad de *V. destructor* para actuar no solo como vector mecánico de DWV, sino también como vector biológico. La replicación del virus en estos ácaros, previo a su vectorización parece ser necesaria y suficiente para la inducción de la infección manifiesta en pupas, las cuales se desarrollan como abejas adultas no viables con alas deformadas. DWV en colonias infestadas con *Varroa*, es ahora considerado como uno de los factores claves en el colapso final de éstas” (Genersch y Aubert 2010).

Es interesante anotar que en el mismo año, el mismo autor haya publicado 2 revisiones en el mismo año y que en una de ellas mencione que no se conocen muy bien los mecanismos por los cuales DWV, desarrolla síntomas en presencia de *Varroa* y en el otro mencione que al parecer la replicación dentro del ácaro es el elemento clave para la manifestación de la enfermedad; por tal razón para comprender los mecanismos por los cuales la *Varroa* permite la diseminación de DWV, se revisaron varios artículos científicos, algunos de los cuales fueron citados por Genersch y otros que se han publicado recientemente. A continuación se presenta un resumen de algunos de los trabajos más relevantes, en orden

cronológico:

Shen, M., Yang, X., Cox-Foster, D., & Cui, L. (2005). The role of varroa mites in infections of Kashmir bee virus (KBV) and deformed wing virus (DWV) in honey bees. *Virology*, 342(1), 141-149.

En este trabajo, mediante técnicas de ELISA, Dot blot, Northern blot y RT PCR, se detectó la presencia de estos dos virus (KBV y DWV) dentro de la pupas de abejas parasitadas con *Varroa*, al igual que en ninfas y ácaros adultos, demostrando que estos virus pueden ser transmitidos por medio de estos ácaros. Adicionalmente se propone que el parasitismo induce una depresión del sistema inmune de las abejas, llevando a la activación y a la persistencia de la infección viral.

Yang, X., & Cox-Foster, D. L. (2005). Impact of an ectoparasite on the immunity and pathology of an invertebrate: evidence for host immunosuppression and viral amplification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(21), 7470-7475.

Mediante la técnica de PCR en tiempo real, en este trabajo se generaron interesantes conclusiones, respecto a los efectos que causa el parasitismo por *Varroa*, en el sistema inmune de las abejas: Se demostró que las abejas infestadas con estos ácaros, disminuyen la expresión de genes involucrados en la producción de enzimas del sistema inmune: fenol oxidasa, glucosa deshidrogenasa, glucosa oxidasa y lisozima; así como de péptidos antimicrobianos como abaecina, defensina e hymenoptecina. Esta inmunosupresión conlleva a la presentación de las enfermedades virales y bacterianas en abejas parasitadas.

Yue, C., & Genersch, E. (2005). RT-PCR analysis of Deformed wing virus in honeybees (*Apis mellifera*) and mites (*Varroa destructor*). *Journal of General Virology*, 86(12), 3419-3424.

Mediante RT-PCR convencional, se demostró la presencia de DWV en *V. destructor* y en el 100% de abejas con las alas deformes, en diferentes partes del cuerpo, mientras que en abejas asintomáticas no se encontró ARN del virus en sus cabezas. También se evidenció la replicación del virus en abejas y en algunos ácaros, y se estableció una

correlación entre la presentación de alas deformes y la replicación del virus en varroa. Adicionalmente DWV fue detectado en el alimento de las larvas, lo cual sugirió otra ruta de transmisión del virus por varroa, mediante la alimentación.

Chen, Y. P., Higgins, J. A., & Feldlaufer, M. F. (2005). Quantitative real-time reverse transcription-PCR analysis of deformed wing virus infection in the honeybee (*Apis mellifera* L.). *Applied and Environmental Microbiology*, 71(1), 436-441.

Estos autores, mediante RT PCR en tiempo real y confirmación por Southern blot, detectaron y cuantificaron la presencia de DWV en diferentes etapas del ciclo biológico de las abejas, al igual que en *Varroa*. El hecho de encontrar DWV en huevos y larvas, sugirió que existía la transmisión vertical, además de la del parasitismo. También se estipula que la diferencia en el título viral en diferentes colonias de abejas con y sin manifestaciones de DWV, puede obedecer a diferentes capacidades de resistencia a la infección y replicación del virus. Por último también se discute la influencia de la nutrición y del medioambiente en la presentación de la enfermedad.

Lanzi, G., de Miranda, J. R., Boniotti, M. B., Cameron, C. E., Lavazza, A., Capucci, L., ... & Rossi, C. (2006). Molecular and biological characterization of deformed wing virus of honeybees (*Apis mellifera* L.). *Journal of virology*, 80(10), 4998-5009.

Este fue un estudio muy completo acerca de los aspectos más cruciales de la biología y la genética de éste virus, adicionalmente esta investigación fue realizada en el año 2005, cuando se acababan de presentar los primeros casos de CCD. Este reporte permitió conocer toda la secuencia de su genoma, así como mapear la ubicación de los genes que codifican su composición proteica, lo cual hizo posible que se le asignase una clasificación taxonómica, al ubicarlo en la familia *Iflaviviridae*. Todo esto fue posible gracias a que se emplearon las técnicas disponibles adecuadas para tal fin: Aislamiento y purificación viral, Western blot y serología; microscopía electrónica, secuenciación de proteínas y espectrometría de masas; clonación y secuenciación, RT-PCR, Northern blot, análisis filogenético de secuencias y finalmente el reporte de secuencias en Genbank.

Yue, C., Schröder, M., Gisder, S., & Genersch, E. (2007). Vertical-transmission routes for deformed wing virus of honeybees (*Apis mellifera*). *Journal of General*

***Virology*, 88(8), 2329-2336.**

En este trabajo, el grupo de Genersch comprobó las diferentes rutas verticales de transmisión del virus, en experimentos de cruce de progenitores negativos a DWV y con infectados, encontrando que en su descendencia se pudo detectar el virus. Se plantea que la infección vertical es la responsable de las infecciones encubiertas, que no generan la manifestación de sintomatología, sino que es una estrategia del virus, para permanecer latente en el hospedero, hasta que puede replicarse en su vector, *V. destructor* cuando éste se alimenta de la hemolinfa de la abeja.

Gisder, S., Aumeier, P., & Genersch, E. (2009). Deformed wing virus: replication and viral load in mites (*Varroa destructor*). *Journal of General Virology*, 90(2), 463-467.

Este artículo es clave en el entendimiento de la epidemiología del DWV, puesto que mediante técnicas de RT-PCR convencional y en tiempo real, se comprobaron varias hipótesis:

- La transmisión de DWV a las abejas, está dada por su vector *V. destructor*, al parasitar a las pupas y abejas adultas, cuando succionan hemolinfa.
- El virus no solo se aloja dentro de la Varroa, sino que se replica dentro de ella.
- La transmisión del DWV y el desarrollo de sintomatología, está directamente correlacionada con la replicación viral y el número de copias del ARN viral dentro la Varroa.
- La cuantificación del genoma viral dentro de la varroa, permitió observar en este experimento, que se necesitan de 10^{10} hasta 10^{12} copias por ácaro, para inducir la presentación de las alas deformes, mientras que con un título de 10^8 no se manifiesta la infección.

Prisco, G. D., Zhang, X., Pennacchio, F., Caprio, E., Li, J., Evans, J. D., ... & Chen, Y. P. (2011). Dynamics of persistent and acute deformed wing virus infections in honey bees, *Apis mellifera*. *Viruses*, 3(12), 2425-2441.

Este artículo también hizo aportes en el entendimiento del papel que juega el parasitismo con *V. destructor* con la epidemiología del DWV, puesto que se encontraron los siguientes hallazgos:

- El descenso en la temperatura, contribuyó a una disminución en la tasa de emergencia de abejas adultas.

- Al exponer abejas adultas a diferentes niveles de infestación con *Varroa*, se demostró que la severidad de la infección con DWV tiene una correlación positiva con la densidad y el tiempo de la infestación, confirmando el papel de éstos ácaros en la transmisión y activación del virus en las abejas parasitadas.
- Se demostró que las condiciones propias del huésped tienen un gran impacto en el desarrollo de la enfermedad, puesto que colonias fuertes resisten la infección y replicación de DWV, mejor que las débiles, tal como se evidenció por medición de niveles de expresión de vitelogenina.

Locke, B., Forsgren, E., & de Miranda, J. R. (2014). Increased Tolerance and Resistance to Virus Infections: A Possible Factor in the Survival of *Varroa destructor*-Resistant Honey Bees (*Apis mellifera*). *PloS one*, 9(6), e99998.

En este trabajo, los autores estipulan que la morbilidad y mortalidad en las colmenas infestadas con *varroa* son el resultado del daño que infringen las infecciones virales vectorizadas por el ácaro, y que en poblaciones infestadas que sobreviven o conviven con este parasitismo y con infecciones virales, lo cual puede deberse a una resistencia natural o de tolerancia que han desarrollado frente a estos dos tipos de patologías. Para probar esta hipótesis, los autores estudiaron una población de abejas europeas resistentes a *Varroa*, de la isla de Gotlan en Suecia, la cual han sobrevivido a una infestación incontrolada de éste ácaro y la compararon con una población susceptible.

Empleando técnicas de RT-PCR cuantitativa, encontraron que los títulos de DWV fueron similares en ambas poblaciones en las estaciones de verano y otoño, pero que solo después del invierno solo la población resistente a la *varroa*, logró sobrevivir, aún con alto nivel de parasitismo y de títulos de DWV, aunque con un bajo tamaño de colonia y de cría. Los autores proponen que la sobrevivencia de esta población a DWV, se debe entonces a factores propios de la resistencia natural de la abeja a la infección de DWV, que se ha dado concomitante con la resistencia a la *varroa*. (De forma similar a lo que podría ocurrir con las poblaciones de abejas africanizadas en Latinoamérica).

Emsen, B., Hamiduzzaman, M. M., Goodwin, P. H., & Guzman-Novoa, E. (2014). Lower Virus Infections in *Varroa destructor*-Infested and Uninfested Brood and Adult Honey Bees (*Apis mellifera*) of a Low Mite Population Growth Colony Compared to a High

Mite Population Growth Colony. *PloS one*, 10(2), e0118885-e0118885.

En esta investigación, los autores encontraron que en poblaciones de abejas que presentan un bajo nivel natural de infestación con varroa, al ser infestadas nuevamente, presentan un menor título viral, entre ellos de DWV, comparadas con poblaciones que provenían de colmenas con alto nivel de de infestación. Esto, según ellos se puede deber a que las poblaciones con baja infestación pueden remover más eficientemente la varroa en razón a un mejor comportamiento higiénico y que quizás estas abejas hayan desarrollado mecanismos que disminuyen la replicación viral, y que por ende no permiten la reactivación de virus latentes, una vez que son parasitadas por varroa.

Hamiduzzaman, M. M., Guzman-Novoa, E., Goodwin, P. H., Reyes-Quintana, M., Koleoglu, G., Correa-Benítez, A., & Petukhova, T. (2014). Differential responses of Africanized and European honey bees (*Apis mellifera*) to viral replication following mechanical transmission or *Varroa destructor* parasitism. *Journal of invertebrate pathology*.

Este es el primer estudio publicado, respecto al estudio de la diferencia en la dinámica de la replicación viral entre linajes de abejas europeas, comparadas con las africanizadas, en un modelo de transmisión mecánica y en otro de parasitismo por *Varroa destructor*. Este trabajo pretendió determinar si las abejas africanizadas presentaban menores títulos de virus, que las europeas. El resultado obtenido, es que aunque el título final de virus a las 48 horas fue similar entre los dos genotipos, las Africanizadas generaban una menor tasa de replicación de virus de DWV y BQCV especialmente en las primeras 24 horas de infección, lo cual podría representar una mayor resistencia a estos virus, en adición a la comprobada mayor resistencia frente al parasitismo por *V. destructor*. Los autores plantean la posibilidad de que esta “resistencia”, sea debida a que las abejas africanizadas son menos susceptibles a los efectos inmunosupresores de la saliva de la varroa; sin embargo esto se comprobó en este trabajo y por ende se proponen más estudios de la respuesta inmune entre africanizadas y europeas, con el fin de establecer cuales sean los mecanismos de una posible “resistencia” de las abejas africanizadas frente a la replicación viral.

Como resultado del análisis de los artículos revisados, la manifestación de la enfermedad de alas deformes, es la unión de los siguientes factores:

NUTRICIONALES: Malnutrición por el parasitismo por *Varroa destructor* y por la

disminución de la oferta floral y de hábitats naturales (por deforestación, monocultivos, urbanización, etc.).

BIOLOGICOS: Activación de virus latentes dentro de las abejas, tanto por la inmunosupresión causada por la varroa, como por la replicación viral dentro de ella y la diseminación de cepas virulentas.

GENETICOS: Susceptibilidad natural de linajes de abejas, especialmente de las europeas, tanto a la varroa, como a cepas virulentas de DWV; ó susceptibilidad adquirida por la selección genética no planeada, producto de los continuos tratamientos contra varroa, que en últimas seleccionan ácaros resistentes a los químicos y abejas sensibles a éstos y a los virus.

PRODUCTIVOS: Condiciones de manejo y stress productivo, por el constante movimiento de colmenas, especialmente en apícolas destinadas a polinización; sobrepoblación de colmenas, intercambio de equipos contaminados, introducción de reinas infectadas y planes de mejoramiento genético que buscan aumentar la productividad, más no la resistencia natural a enfermedades.

1.5 Desorden de Colapso de Colmena (CCD)

En la vida moderna, por lo general cuando se presenta una nueva patología, siempre se piensa en primer lugar en una causa biótica, y el Desorden de Colapso de las Colmenas (Colony Collapse Disorder CCD) no fue la excepción, en especial por la súbita desaparición de abejas fuera de las colmenas. Varios estudios fueron llevados a cabo en Estados Unidos y en Europa el año 2006 y 2007, cuando se describieron los primeros casos de CCD, puesto que éste desorden causó grandes pérdidas en la industria apícola y esto hizo que los gobiernos de estos países, financiaran proyectos que permitieran identificar el ó los responsables de este fenómeno. En todo caso, se debe tener en cuenta que hoy día el CCD se considera que es una entidad “infecciosa y transmisible”, pero que es multifactorial y por ende cualquier intento de asociar factores individuales constituye un gran reto. A continuación se listan algunos de los más artículos más destacados al respecto:

Cox-Foster, D. L., Conlan, S., Holmes, E. C., Palacios, G., Evans, J. D., Moran, N. A.,

... & Lipkin, W. I. (2007). A metagenomic survey of microbes in honey bee colony collapse disorder. *Science*, 318(5848), 283-287.

Una de las primeras investigaciones realizadas al respecto, fue este estudio multidisciplinario. En este trabajo, se planteó la hipótesis de que la causa del CCD, era de carácter microbiano, aunque en este caso, esta investigación fue de tipo exploratorio, describió la composición de las comunidades microbianas tanto en CCD como en abejas, sanas; reforzando los hallazgos del papel de IAPV y de *Varroa destructor* en el desarrollo de CCD. Este grupo de investigadores decidió emprender una aproximación metagenómica para describir estas poblaciones microbianas en colmenas sin CCD, y compararlas con aquellas que presentaban este síndrome, a fin de determinar si existía alguna diferencia entre estas dos condiciones y de esta forma observar si algún o algunos tipos de microorganismos se presentaban diferencialmente. El estudio obtuvo muestras de USA de 4 empresas apícolas de polinización, que padecían de CCD; otras 2 sin CCD y una muestra de abejas importadas de Australia y otra de Jalea Real de China. La técnica empleada en este caso fue la de pirosecuenciación. Con esta tecnología se pudo establecer de forma exploratoria, que existían pequeñas diferencias en la composición bacteriana, tan solo un ligero aumento en la proporción de gamma-proteobacterias y que solo un virus aparecía más relacionado en la condición de CCD: el Virus de la Parálisis Israelí IAPV; sin embargo un factor adicional que se sugirió en ese momento que podía estar asociado, es el parasitismo con *Varroa destructor*.

Evans, J. D., Saegerman, C., Mullin, C., Haubruge, E., Nguyen, B. K., Frazier, M., ... & Pettis, J. S. (2009). Colony collapse disorder: a descriptive study. *PloS one*, 4(8)

Este artículo, publicado en el año 2009, fue realizado por algunos de los mismos autores del estudio metagenómico, constituyéndose en la continuación y evaluación epizootiológica de esa investigación, siendo el primer estudio a gran escala, cuyo objetivo principal fue el de caracterizar los factores de riesgo del CCD y tratar de encontrar el ó los responsables de causar este síndrome. En este estudio se analizaron poblaciones afectadas con CCD y libres de CCD. Los autores analizaron 61 variables fisiológicas, cargas microbiológicas y de pesticidas.

Cuando se analizaron los resultados se encontró que no existía evidencia de que el CCD fuese producido por un factor individualmente, sino que este fenómeno obedece a una

combinación multifactorial. Las abejas provenientes de colmenas con CCD, presentaban altas cargas patogénicas, comparadas con los apiarios control, sugiriendo que las colonias pueden ser afectadas por un incremento en la exposición a patógenos y/o a una reducción en la resistencia a éstos, adicionalmente se encontraron altos niveles de acaricidas en las poblaciones control, en donde los niveles de *Varroa destructor* eran más bajos que en las colmenas con CCD.

Como gran aporte para la comunidad científica y para los productores apícolas y de la agroindustria, éste estudio presentó por primera vez evidencias que la aparición del CCD, obedece a la interacción de la carga patogénica microbiana, especialmente relacionada al parasitismo por *V. destructor*, con la exposición a factores de stress (pesticidas, malnutrición, etc.). En ese contexto, los autores sugieren que el CCD es una condición contagiosa, como resultado de exposición a los diferentes factores de riesgo. Adicionalmente los autores resaltaron la importancia de investigar más profundamente acerca del efecto del parasitismo, especialmente de *Varroa* y su posible papel en la transmisión de patógenos y en la afectación del sistema inmune de las abejas; hoy día se ha comprobado que el papel de éste ácaro es de gran importancia en estos aspectos.

1.6 Asociación de virus apícolas con *Varroa* y con otros polinizadores

Cada día ha cobrado más importancia el riesgo que tiene el introducir accidental o intencionalmente, especies foráneas dentro de un ecosistema o de un sistema productivo, pues antes de que la *Varroa* fuese introducida accidentalmente en abejas parasitadas provenientes de Japón, la manifestación de otras enfermedades virales, aparte de DWV, era escasa o prácticamente desconocida. A continuación se resumen algunos trabajos respecto a este tema:

Shen, M., Cui, L., Ostiguy, N., & Cox-Foster, D. (2005). Intricate transmission routes and interactions between picorna-like viruses (Kashmir bee virus and sacbrood virus) with the honeybee host and the parasitic varroa mite. *Journal of General Virology*, 86(8), 2281-2289.

En este trabajo, mediante técnicas de ELISA, Western blot, y RT PCR, por primera vez se

detectó la presencia de estos dos virus (KBV y SBV) dentro de la varroa, lo cual sugirió otras rutas adicionales de contagio para las abejas: a través de la succión de la hemolinfa, como también por la saliva de estos ácaros. De otra parte se comprobó la presencia de estos virus en reinas y huevos, evidenciando la transmisión transovárica de estos dos virus.

Shen, M., Yang, X., Cox-Foster, D., & Cui, L. (2005). The role of varroa mites in infections of Kashmir bee virus (KBV) and deformed wing virus (DWV) in honey bees. *Virology*, 342(1), 141-149.

En esta investigación, mediante técnicas de ELISA, Dot blot, Northern blot y RT PCR, se detectó la presencia de estos dos virus (KBV y DWV) dentro de la pupas de abejas parasitadas con varroa, al igual que en ninfas y ácaros adultos, demostrando la transmisibilidad de estos virus por medio de estos ácaros. Adicionalmente se propone que el parasitismo induce una depresión del sistema inmune de las abejas, llevando a la activación y a la persistencia de la infección viral.

Fürst, M. A., McMahon, D. P., Osborne, J. L., Paxton, R. J., & Brown, M. J. F. (2014). Disease associations between honeybees and bumblebees as a threat to wild pollinators. *Nature*, 506(7488), 364-366.

En este artículo se planteó la necesidad de conocer cuáles de las enfermedades que afectan a *Apis mellifera*, podrían estar presentes en poblaciones de polinizadores silvestres en Gran Bretaña, particularmente bajo la hipótesis de que son las abejas melíferas manejadas comercialmente las que transmiten patógenos a diferentes especies de *Bombus* de vida silvestre. Para comprobar esto, se plantearon dos estrategias: La primera consistió en probar la infectividad del virus de alas deformes (DWV) proveniente de *Apis mellifera*, al ser inoculado en especímenes de *Bombus terrestris*, de igual forma se hicieron pruebas con el microsporidio *Nosema ceranae*. Una vez se comprobó que estos patógenos de *A. mellifera* eran infectivos para *Bombus*, la segunda estrategia consistió en hacer muestreos de abejas y de abejorros en 26 sitios del Reino Unido y en la Isla de Man, con el fin de determinar la prevalencia de DWV y de Nosemosis en estas poblaciones y de esta forma poder establecer una relación de posible transmisión de patógenos desde las apícolas comerciales hacia las poblaciones de polinizadores silvestres.

Los investigadores postularon que las poblaciones de polinizadores silvestres,

particularmente las especies de *Bombus*, disminuyen a causa de enfermedades causadas por patógenos provenientes de *Apis mellifera*, en especial de los apiarios comerciales ubicados en el Reino Unido. Mediante la metodología seguida, fue posible encontrar que DWV y *Nosema ceranae*, procedentes de *A. mellifera*, efectivamente son infecciosas para *Bombus terrestris*; sin embargo no se realizaron ensayos de infección en otras especies de *Bombus*, lo cual no permite saber si estas otras especies puedan ser afectadas directamente con patógenos de esta procedencia y por ende, causar su declinación.

De otra parte, aunque los autores mencionan que no pueden demostrar la direccionalidad de la transmisión interespecífica de DWV, sí estipulan que la ruta más probable de infección sea desde *Apis* hacia *Bombus*, dada la prevalencia de este virus en las abejas y su asociación con el parasitismo por *V. destructor*. Aunque esta posibilidad sea la más lógica y obvia, no puede ser concluida aquí, pues también puede hipotetizarse que estos patógenos, inicialmente fueran alojados por especies de *Bombus* y que con el contacto de las abejas manejadas comercialmente con estas especies silvestres, se generara una infección desde *Bombus* hacia *Apis*, pero que en razón al stress de producción y el mayor número de abejas, estos patógenos se diseminaran más rápidamente en las abejas melíferas.

Otra temática controversial, consiste en que se sugiere que la prevalencia de Nosemosis, (por *N. ceranae*), depende de la abundancia en *Apis*, pero solo cuando esa prevalencia es baja, según los autores por una posible saturación de esporas en el ambiente, lo cual no se comprobó, y adicionalmente no apoyaría la idea de que *Apis* sea el directo diseminador de *Nosema*. Otra observación adicional, consiste en que se deberían haber muestreado larvas de apiarios cercanos a las nichos de *Bombus*, pues como los mismos investigadores mencionan, el hecho de obtener abejas adultas, limita el estimado de la prevalencia de DWV, pues solo las larvas o pupas de abejas que no desarrollaron los síntomas de alas deformes, son las que pudieron volar y por ende no portaban consigo un gran número de partículas virales; esta situación puede hacer que se subestime el valor de prevalencia de este virus tanto en *Apis*, como en *Bombus*.

Como el título del artículo lo indica, la presencia de enfermedades de las abejas melíferas y de los abejorros, constituye una amenaza para las poblaciones de polinizadores silvestres; de esta afirmación se desprenden dos grandes impactos: el productivo-sanitario

y el social, que para este caso se encuentran asociados. Los hallazgos de este estudio permiten confirmar en parte, lo que al pensar humano es obvio, la introducción de animales domésticos o de especies foráneas a un ecosistema, siempre implicará alteraciones en esos hábitats, para este caso en particular los autores demuestran que las Enfermedades Infecciosas Emergentes (EIE) de las abejas, y de especies comerciales de *Bombus* están también presentes en especies polinizadoras de vida silvestre, lo cual según ellos puede ser el factor responsable de la diseminación de patógenos entre las comunidades de *Bombus* y por ende causantes de la disminución o desaparición de estos insectos.

Este tipo de observaciones deben ser tenidas en cuenta a la hora de introducir y establecer apiarios productivos y/o de introducir especies comerciales con el fin de aumentar la producción en cultivos y de alimento para la humanidad o para los animales, lo cual puede traer consecuencias deletéreas para el medio ambiente incluso para el mismo ser humano. Tan solo un ejemplo de esto lo constituye la introducción accidental de abejas africanas al continente americano, lo cual cambió todo un estilo de producción de Apicultura Europea a la actual Apicultura Africanizada, a la vez que generó problemas en las poblaciones humanas por las frecuentes picaduras.

Con este tipo de estudios, se esgrime la imperiosa necesidad de establecer programas de cuarentena, vigilancia y control epidémico, a la hora de querer implementar un sistema productivo o cuando ya se cuenta con programas ya establecidos, a fin de evitar la aparición o diseminación de Enfermedades Infecciosas Emergentes o de prevenir graves alteraciones en los ecosistemas y por ende el deterioro del medio ambiente.

1.7 Bibliografía

Patógenos Apícolas

Alippi, A. M., Reynaldi, F. J., López, A. C., De Giusti, M. R., & Aguilar, O. M. (2004). Molecular epidemiology of *Paenibacillus larvae* larvae and incidence of American foulbrood in Argentinean honeys from Buenos Aires province. *Journal of apicultural research*, 43(3),

135-143.

Antúnez, K., Anido, M., Branchiccela, B., Harriet, J., Campa, J., Invernizzi, C., ... & Zunino, P. (2015). Seasonal variation of honeybee pathogens and its association with pollen diversity in Uruguay. *Microbial ecology*, 70(2), 522-533.

Arai, R., Tominaga, K., Wu, M., Okura, M., Ito, K., Okamura, N., ... & Takamatsu, D. (2012). Diversity of *Melissococcus plutonius* from honeybee larvae in Japan and experimental reproduction of European foulbrood with cultured atypical isolates. *PLoS One*, 7(3), e33708.

Bourgeois, A. L., Rinderer, T. E., Beaman, L. D., & Danka, R. G. (2010). Genetic detection and quantification of *Nosema apis* and *N. ceranae* in the honey bee. *Journal of invertebrate pathology*, 103(1), 53-58.

Casadevall, A., & Pirofski, L. A. (2001). Host-pathogen interactions: the attributes of virulence. *Journal of Infectious Diseases*, 184(3), 337-344.

Casadevall, A., & Pirofski, L. A. (2010). On virulence. *Virulence*, 1(1), 2-2.

Chen, Y., Zhao, Y., Hammond, J., Hsu, H. T., Evans, J., & Feldlaufer, M. (2004). Multiple virus infections in the honey bee and genome divergence of honey bee viruses. *Journal of invertebrate pathology*, 87(2), 84-93.

Chen, Y. P., Higgins, J. A., & Feldlaufer, M. F. (2005). Quantitative real-time reverse transcription-PCR analysis of deformed wing virus infection in the honeybee (*Apis mellifera* L.). *Applied and Environmental Microbiology*, 71(1), 436-441.

Cox-Foster, D. L., Conlan, S., Holmes, E. C., Palacios, G., Evans, J. D., Moran, N. A., ... & Lipkin, W. I. (2007). A metagenomic survey of microbes in honey bee colony collapse disorder. *Science*, 318(5848), 283-287.

de Blas I, Ruiz-Zarzuela I, Bayot B, Ferreira Ch. Manual de Epidemiología Veterinaria. Unidad de Patología Infecciosa y Epidemiología. Facultad de Medicina Veterinaria.

Universidad de Zaragoza. España. 2008. Ed. ReGABA.

de Miranda, J. R., & Genersch, E. (2010). Deformed wing virus. *Journal of Invertebrate Pathology*, 103, S48-S61.

de Miranda, J. R., Cordoní, G., & Budge, G. (2010). The acute bee paralysis virus–Kashmir bee virus–Israeli acute paralysis virus complex. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S30-S47.

de Miranda, J. R., Bailey, L., Ball, B. V., Blanchard, P., Budge, G. E., Chejanovsky, N., ... & Ribière, M. (2013). Standard methods for virus research in *Apis mellifera*. *Journal of apicultural research*, 52(4), 1-56.

Djordjevic, S. P., Smith, L. A., Forbes, W. A., & Hornitzky, M. A. (1999). Geographically diverse Australian isolates of *Melissococcus pluton* exhibit minimal genotypic diversity by restriction endonuclease analysis. *FEMS microbiology letters*, 173(2), 311-318

Dobbelaere, W., De Graaf, D., & Peeters, J. (2001). Development of a fast and reliable diagnostic method for American foulbrood disease (*Paenibacillus larvae* subsp. *larvae*) using a 16S rRNA gene based PCR. *Apidologie*, 32(4), 363-370.

Emsen, B., Hamiduzzaman, M. M., Goodwin, P. H., & Guzman-Novoa, E. (2014). Lower Virus Infections in *Varroa destructor*-Infested and Uninfested Brood and Adult Honey Bees (*Apis mellifera*) of a Low Mite Population Growth Colony Compared to a High Mite Population Growth Colony. *PloS one*, 10(2), e0118885-e0118885.

Evans, J. D., Saegerman, C., Mullin, C., Haubruge, E., Nguyen, B. K., Frazier, M., ... & Pettis, J. S. (2009). Colony collapse disorder: a descriptive study. *PloS one*, 4(8)

Fries, I., Ekbohm, G., & Villumstad, E. (1984). *Nosema apis*, sampling techniques and honey yield. *Journal of Apicultural Research*, 23(2), 102-105.

Forsgren, E., Lundhagen, A. C., Imdorf, A., & Fries, I. (2005). Distribution of *Melissococcus plutonius* in honeybee colonies with and without symptoms of European foulbrood. *Microbial ecology*, 50(3), 369-374.

Forsgren, E. (2010). European foulbrood in honey bees. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S5-S9.

Fürst, M. A., McMahon, D. P., Osborne, J. L., Paxton, R. J., & Brown, M. J. F. (2014). Disease associations between honeybees and bumblebees as a threat to wild pollinators. *Nature*, 506(7488), 364-366.

Gamboa, V., Ravoet, J., Brunain, M., Smagghe, G., Meeus, I., Figueroa, J., ... & de Graaf, D. C. (2015). Bee pathogens found in *Bombus atratus* from Colombia: A case study. *Journal of invertebrate pathology*, 129, 36-39.

Genersch, E. (2010). American Foulbrood in honeybees and its causative agent, *Paenibacillus larvae*. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S10-S19.

Genersch, E., & Aubert, M. (2010). Emerging and re-emerging viruses of the honey bee (*Apis mellifera* L.). *Veterinary research*, 41(6), 54.

Genersch, E., Evans, J. D., & Fries, I. (2010). Honey bee disease overview. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S2-S4.

Gisder, S., Aumeier, P., & Genersch, E. (2009). Deformed wing virus: replication and viral load in mites (*Varroa destructor*). *Journal of General Virology*, 90(2), 463-467.

Govan, V. A., Brözel, V., Allsopp, M. H., & Davison, S. (1998). A PCR Detection Method for Rapid Identification of *Melissococcus pluton* in Honeybee Larvae. *Applied and environmental microbiology*, 64(5), 1983-1985.

Hamiduzzaman, M. M., Guzman-Novoa, E., Goodwin, P. H., Reyes-Quintana, M., Koleoglu, G., Correa-Benítez, A., & Petukhova, T. (2014). Differential responses of Africanized and European honey bees (*Apis mellifera*) to viral replication following mechanical transmission or *Varroa destructor* parasitism. *Journal of invertebrate pathology*.

Jensen, A. B., Aronstein, K., Flores, J. M., Vojvodic, S., Palacio, M. A., & Spivak, M. (2013).

Standard methods for fungal brood disease research. *Journal of apicultural research*, 52(1),

1-20.

Klee, J., Besana, A. M., Genersch, E., Gisder, S., Nanetti, A., Tam, D. Q., ... & Message, D. (2007). Widespread dispersal of the microsporidian *Nosema ceranae*, an emergent pathogen of the western honey bee, *Apis mellifera*. *Journal of invertebrate pathology*, 96(1), 1-10.

Kukielka, D., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2009). One-step real-time quantitative PCR assays for the detection and field study of Sacbrood honeybee and Acute bee paralysis viruses. *Journal of virological methods*, 161(2), 240-246.

Lanzi, G., de Miranda, J. R., Boniotti, M. B., Cameron, C. E., Lavazza, A., Capucci, L., ... & Rossi, C. (2006). Molecular and biological characterization of deformed wing virus of honeybees (*Apis mellifera* L.). *Journal of virology*, 80(10), 4998-5009.

Lauro, F. M., Favaretto, M., Covolo, L., Rassu, M., & Bertoloni, G. (2003). Rapid detection of *Paenibacillus larvae* from honey and hive samples with a novel nested PCR protocol. *International journal of food microbiology*, 81(3), 195-201.

Locke, B., Forsgren, E., & de Miranda, J. R. (2014). Increased Tolerance and Resistance to Virus Infections: A Possible Factor in the Survival of *Varroa destructor*-Resistant Honey Bees (*Apis mellifera*). *PloS one*, 9(6), e99998.

Martínez Puc, J. F., Medina Medina, L. A., & Catzín Ventura, G. A. (2011). Frecuencia de *Varroa destructor*, *Nosema apis* y *Acarapis woodi* en colonias manejadas y enjambres silvestres de abejas (*Apis mellifera*) en Mérida, Yucatán, México. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 2(1), 25-38.

Mckee, B., Djordjevic, S., Goodman, R., & Hornitzky, M. (2003). The detection of *Melissococcus pluton* in honey bees (*Apis mellifera*) and their products using a hemi-nested PCR. *Apidologie*, 34(1), 19-27.

Menapace, D. M., & Wilson, W. T. (1980). *Acarapis woodi* mites found in honeybees [*Apis*

mellifera] from Colombia, South America. *American Bee Journal (USA)*.

[OIE] Organización Mundial de la Sanidad Animal. 2016. Manual de la OIE sobre animales terrestres. Capítulo 2.2. Enfermedades de las abejas melíferas. [Citado 2016 junio 5]. Disponible en: <http://www.oie.int/es/normas-internacionales/manual-terrestre/acceso-en-linea/>

Plischuk, S., Martín-Hernández, R., Prieto, L., Lucía, M., Botías, C., Meana, A., ... & Higes, M. (2009). South American native bumblebees (Hymenoptera: Apidae) infected by *Nosema ceranae* (Microsporidia), an emerging pathogen of honeybees (*Apis mellifera*). *Environmental Microbiology Reports*, 1(2), 131-135.

Prisco, G. D., Zhang, X., Pennacchio, F., Caprio, E., Li, J., Evans, J. D., ... & Chen, Y. P. (2011). Dynamics of persistent and acute deformed wing virus infections in honey bees, *Apis mellifera*. *Viruses*, 3(12), 2425-2441.

Reynaldi, F. J., Sguazza, G. H., Pecoraro, M. R., Tizzano, M. A., & Galosi, C. M. (2010). First report of viral infections that affect argentine honeybees. *Environmental microbiology reports*, 2(6), 749-751.

Ribi re, M., Olivier, V., & Blanchard, P. (2010). Chronic bee paralysis: A disease and a virus like no other?. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S120-S131.

Rodr guez, M., Vargas, M., Ant nez, K., Gerding, M., Ov dio Castro, F., & Zapata, N. (2014). Prevalence and phylogenetic analysis of honey bee viruses in the Biob o Region of Chile and their association with other honey bee pathogens. *Chilean journal of agricultural research*, 74(2), 170-177.

Shapiro-Ilan, D. I., Fuxa, J. R., Lacey, L. A., Onstad, D. W., & Kaya, H. K. (2005). Definitions of pathogenicity and virulence in invertebrate pathology. *Journal of invertebrate pathology*, 88(1), 1-7.

Shen, M., Yang, X., Cox-Foster, D., & Cui, L. (2005). The role of varroa mites in infections of Kashmir bee virus (KBV) and deformed wing virus (DWV) in honey

bees. *Virology*, 342(1), 141-149.

Shen, M., Cui, L., Ostiguy, N., & Cox-Foster, D. (2005). Intricate transmission routes and interactions between picorna-like viruses (Kashmir bee virus and sacbrood virus) with the honeybee host and the parasitic varroa mite. *Journal of General Virology*, 86(8), 2281-2289.

Thomas, S. R., & Elkinton, J. S. (2004). Pathogenicity and virulence. *Journal of invertebrate pathology*, 85(3), 146-151.

[USDA] United States Department of Agriculture. Report of honeybee health. 2012. Disponible en <http://www.usda.gov/documents/ReportHoneyBeeHealth.pdf>.

Wassenaar, T. M., & Gaastra, W. (2001). Bacterial virulence: can we draw the line?. *FEMS microbiology letters*, 201(1), 1-7.

Wilkins, S., Brown, M. A., & Cuthbertson, A. G. (2007). The incidence of honey bee pests and diseases in England and Wales. *Pest management science*, 63(11), 1062-1068.

Wilson, W. T., & Nunamaker, R. A. (1982). The infestation of honeybees in Mexico with *Acarapis woodi* [*Apis mellifera*]. *American Bee Journal (USA)*.

Wilson, W. T., & Nunamaker, R. A. (1985). Further distribution of *Acarapis woodi* in Mexico. *The American bee journal (USA)*.

Yang, X., & Cox-Foster, D. L. (2005). Impact of an ectoparasite on the immunity and pathology of an invertebrate: evidence for host immunosuppression and viral amplification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(21), 7470-7475.

Yue, C., & Genersch, E. (2005). RT-PCR analysis of Deformed wing virus in honeybees (*Apis mellifera*) and mites (*Varroa destructor*). *Journal of General Virology*, 86(12), 3419-3424.

Yue, C., Schröder, M., Gisder, S., & Genersch, E. (2007). Vertical-transmission routes for deformed wing virus of honeybees (*Apis mellifera*). *Journal of General Virology*, 88(8),

2329-2336.

1.8 Genética del ADN mitocondrial

Dentro de la parte de la genética no mendeliana se encuentran varios temas como: Dominancia incompleta, Codominancia, Alelos Múltiples, Herencia Ligada al Sexo, Herencia Poligénica e Interacción Génica; adicionalmente la expresión de fenotipos no mendelianos, también obedece a mecanismos de cambio genético dados por Mutaciones, Recombinaciones y Elementos Genéticos Transponibles y de otra parte por la expresión o regulación del Genoma Extranuclear, como el que se encuentra en las mitocondrias. En el presente escrito se hará énfasis en la genética del ADN mitocondrial, en particular estudios realizados en *Apis mellifera*.

En eucariotes existen genes extranucleares, que también son necesarios para el funcionamiento del organismo y que determinan la expresión de ciertos fenotipos. Estos genes extranucleares, se encuentran en organelos citoplasmáticos; en el caso de las plantas se encuentran en los cloroplastos y en levaduras y animales, en las mitocondrias (Griffits et al. 2000). Estas mitocondrias son las encargadas de la respiración celular (oxidación final de carbohidratos y otros compuestos orgánicos para la obtención de ATP), poseen un sistema genético propio y la maquinaria necesaria para sintetizar el ADN, ARN y sus proteínas (Stansfield 1996).

1.8.1 Estructura y organización genómica de las mitocondrias

“Las mitocondrias son uno de los principales sistemas de la antigua endomembrana en células eucariotas. Debido a su capacidad para producir ATP a través de la respiración celular, se convirtieron en una fuerza impulsora en la evolución. Como un paso esencial en el proceso de la evolución eucariota, el tamaño del cromosoma mitocondrial fue drásticamente reducido y el comportamiento de las mitocondrias dentro de las células eucariotas cambió radicalmente. Los avances recientes han puesto de manifiesto cómo el comportamiento del organelo ha evolucionado para permitir la transmisión precisa de su genoma y llegar a ser sensible a las necesidades de la célula y su propia función”. (Friendman y Nunari 2014).

De acuerdo a la teoría de la endosimbiosis, un tipo de célula primitiva nucleada anaerobia,

fagocitó a otro tipo de bacteria aeróbica, capaz de generar energía por fosforilación oxidativa y que pudieron sobrevivir en el citoplasma de su hospedera, dando origen a una relación de simbiosis, en donde actualmente muchas de las proteínas de la mitocondria (más de mil), son codificadas en el núcleo, fabricadas en los ribosomas citoplasmáticos y transportadas hasta la membrana de la mitocondria (Mishra y Can 2014).

Las mitocondrias solo se heredan de la línea materna, en razón a que en el espermatozoide se encuentran en su cola y en el momento de la fertilización ésta se pierde, dejando únicamente su cabeza, por tanto las mitocondrias que permanecen, son las que se encuentran en el citoplasma del óvulo. Por tal razón, la secuenciación y comparación del ADNmt, ha sido empleada para establecer relaciones filogenéticas, tanto en invertebrados como en vertebrados (Stansfield 1995). Sin embargo, se ha reportado que en algunos nematodos, algunas mitocondrias pueden permanecer en la cabeza del espermatozoide y por tanto entrar al ovulo fecundado, pero son rápidamente destruidas por mitofagia y por ende no queda rastro alguno de ADNmt paterno, lo cual se ha comprobado por técnicas de secuenciación de segunda generación; no obstante también se han encontrado mutaciones en el mecanismo de la mitofagia, que permiten que las mitocondrias paternas puedan permanecer viables. Aún no se conoce si este fenómeno ocurre en otras especies, incluyendo los mamíferos.

Dependiendo de cada órgano o tejido, cada célula puede contener cientos de mitocondrias, cada una de ellas puede tener entre 2 y 10 cromosomas mitocondriales, con lo que el número de copias de este genoma en una célula oscila entre 1000 y 10000. Estos cromosomas mitocondriales se organizan en nucleoides de diferente tamaño y de unos 0,068 nanómetros de tamaño en humanos, formados por entre 5-7 cromosomas y algunas proteínas, como el factor de transcripción mitocondrial A, la proteína de unión a ADN mitocondrial de cadena sencilla y la mt helicasa (Mishra y Can 2014).

El ADN mitocondrial (ADNmt) presenta características propias que lo diferencian del ADN nuclear. El ADNmt, al igual que el ADN bacteriano, es una molécula bicatenaria, circular, cerrada, sin extremos, por lo cual se le denomina cromosoma mitocondrial. En los seres humanos cada cromosoma de ADNmt, tiene un tamaño de 16.569 pares de bases, (16,6 MB) conteniendo solo 37 genes, que se disponen uno a continuación de otro sin tramos intermedios no codificantes (intrones) comparado con los 20.000 - 25.000 genes del ADN

cromosómico nuclear. Estos 37 genes representan el 90% del total de la molécula y codifican para dos ARN ribosómicos, 22 ARN de transferencia y 13 proteínas que participan en la fosforilación oxidativa: 7 de las 48 unidades de la NADH deshidrogenasa, para el complejo I, un citocromo b del complejo III, 3 de las 13 subunidades de la citocromo oxidasa c del complejo IV y 2 ATPasas del complejo V; las demás proteínas necesarias en la mitocondria están codificadas por genes nucleares, que son transcritos a ARNm y luego traducidos a proteínas en el citoplasma y de allí son transportadas al interior de la mitocondria. Los 2 ARN ribosomales corresponden a la subunidad grande 16s y la pequeña 12s, del ribosoma mitocondrial, encargado de la traducción de las 13 proteínas codificadas en este organelo (Mishra y Can 2014).

Otra característica muy interesante de las mitocondrias, es que dentro de los 22 ARN de transferencia, hay unas diferencias con el código estándar, pues su código genético está ligeramente alterado: UGA, que es un codón de terminación, las mitocondrias de mamíferos, hongos y protozoos, lo leen como triptófano; de forma similar el codón AGG, que normalmente codifica arginina, significa "parada" en mitocondrias de mamíferos y serina en las de *Drosophila*.

El 10% restante de la molécula del ADNmt, no es codificante, y consta de 1,2 kb y es conocida como región control ó D-Loop, que contiene fundamentalmente los promotores de la transcripción de ambas cadenas. Esta región se destaca por su elevada tasa de mutación y por ser muy variable entre las diferentes poblaciones. Esta variabilidad se concentra básicamente en tres regiones o segmentos hipervariables: HVSI (posiciones 16024-16365), HVSII (posiciones 73-340), HVSIII (posiciones 438-574); de las tres, la más polimórfica es la HVSI, por lo que es la que se analiza principalmente en estudios de Antropología, Genética de Poblaciones y Medicina Forense.

1.8.2 Replicación y transcripción del ADN mitocondrial

La replicación del ADN mitocondrial es constante e independiente del ciclo y del tipo celular, tiene lugar en las dos cadenas en tiempos diferentes y con dos orígenes distintos hacia direcciones contrarias. El comienzo tendría lugar en el origen de la cadena pesada, situado en el bucle D, y replicaría ésta tomando como molde la cadena ligera. Cuando se alcanza el segundo origen, situado a dos tercios de distancia del primero, comienza la

segunda ronda de replicación en sentido opuesto.

En razón a que el ADN mitocondrial se transcribe como un ARN mensajero policistrónico y que no posee sistema de reparación, la tasa de mutación es 5 veces superior a la de ADN nuclear. De otra parte en las células en división, las mitocondrias deben ser repartidas a la descendencia y con ellas su ADNmt, por tanto un desequilibrio en su replicación o en su repartición, puede desencadenar desórdenes genéticos, que conllevan a enfermedades. Adicionalmente el patrón de herencia materna, hace que el ADNmt carezca de los beneficios de la recombinación durante la fecundación; sin embargo la célula cuenta con mecanismos para controlar estos procesos, pero cuando fallan, pueden generar desordenes hereditarios por vía materna (Mishra y Can 2014).

1.8.3 Estudios genéticos con marcadores mitocondriales

La secuenciación y comparación del ADNmt ha sido empleada para determinar la identidad biológica de un gran número de organismos y especies (incluyendo algunas ya extintas), así como sus relaciones evolucionarias y filogenéticas. A diferencia del ADN nuclear, el cual es heredado de los dos progenitores y en los cuales sus genes han sido rearrreglados en el proceso de recombinación, el ADN mitocondrial no cambia en su transmisión de padres a hijos. Aunque el ADNmt también puede recombinarse, lo hace con copias de sí mismo dentro de la misma mitocondria; debido a esto y a que su tasa de mutación (en animales) es más alta que el ADN nuclear, la comparación de las secuencias del ADNmt es una poderosa herramienta para establecer identidad de género y especie y/o rastrear las poblaciones ancestrales, estableciendo las relaciones filogenéticas que permiten identificar y clasificar taxonómicamente a los individuos de los que se les extrajeron las muestras de ADNmt. Esta metodología ha sido de gran ayuda, en la investigación biológica, pues mucho del diagnóstico por especie, depende de la pericia taxonómica; adicionalmente con millones de especies del reino animal y sus transformaciones a lo largo de las etapas de la vida, al parecer la única posibilidad para una capacidad de identificación sostenible, radica en la construcción de sistemas que emplean secuencias de ADN con taxones de "códigos de barras".

Aunque la mayor parte de la investigación biológica depende de una correcta identificación de las especies, la taxonomía morfológica presenta muchas limitaciones; ante esta

situación se han desarrollado otras herramientas como estudio de alozimas, microsatélites y RFLPs (Arias y Sheppard 1996). Adicionalmente otra de las metodologías que más se ha empleado para estudios genéticos, fue la desarrollada por Hebert et al., (2003a), quienes propusieron la identificación específica de especies y subespecies, a través de sistemas que emplean secuencias de ADN; en este caso determinaron que la secuencia del gen del ADNmt, que codifica para la citocromo oxidasa I (COI), era específico de especie y que por tanto servía como un código de barras (barcodes) para identificar en forma específica y a un relativo bajo costo, a individuos o poblaciones, incluso realizar estudios de filogenia, permitiendo la resolución de relaciones taxonómicas de especies estrechamente relacionadas. (Hebert et al., 2003b).

Posteriormente a la publicación de estos artículos de Hebert et al., (2003 a y b), se iniciaron muchos estudios en diferentes especies animales, de aplicación de esta técnica de secuenciación y análisis de un fragmento de 648 pb de esta región COI, obtenida por amplificación por PCR con iniciadores “universales” que se anillan a sitios conservados, incluso se diseñaron iniciadores que amplifican secuencias internas o que permiten amplificar todo este gen, para obtener una mejor discriminación y resolución, en particular con especies de abejas (Francoso y Arias 2013). También se han empleado otros genes mitocondriales, como el de la subunidad 2 de la NADH deshidrogenasa y de los ARN de transferencia (ARNt) para realizar identificaciones de especie y subespecie, además de estudios filogenéticos (Arias y Sheppard 1996).

1.8.4 Estudios genéticos con marcadores mitocondriales en *Apis mellifera* en el continente americano

Uno de los primeros estudios que buscaron encontrar diferencias entre abejas africanizadas y europeas, empleando el ADN mitocondrial, fue el de Hall y Smith (1991). Para ese año según los autores, las abejas africanizadas ya habían alcanzado Texas y la Florida, razón por la cual ellos querían determinar si las abejas europeas que se manejaban en ese entonces, conservaban su integridad genética o si por el contrario había introgresión del linaje africanizado. Hasta ese momento los estudios realizados, se habían hecho con mediciones morfométricas ó con análisis de alozimas; sin embargo los resultados no permitieron tener claridad al respecto, principalmente con la morfometría,

pues según ellos, ésta depende de efectos ambientales y su base genética no muy bien entendida.

Los autores propusieron la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), para amplificar una región del ADNmt y posteriormente realizar la técnica de análisis de longitud de polimorfismos obtenidos por cortes con enzimas de restricción (RFLP). La región amplificada fue la comprendida entre el gen de la subunidad ribosomal grande y las citocromo oxidasa I y II (COI y COII). Esta técnica fue probada y estandarizada con muestras obtenidas de 129 colmenas de África y Europa, encontrando diferentes frecuencias de polimorfismos de longitud entre estos dos linajes. Luego el PCR-RFLP se probó en 41 colonias comerciales y ferales de Estados Unidos y del norte de México y en 76 del trópico (centro y sur América).

En las colmenas de USA y México, se pudieron distinguir dos patrones europeos (del este y del oeste), mientras que de las 76 colonias tropicales, 72 tenían el patrón Africano y tan solo 4 el Europeo, lo cual indicó en ese momento que en las poblaciones tropicales, el linaje africano se había diseminado (Hall y Smith 1991).

Cornuet et al., (1991) y Garnery et al., (1992); publicaron dos trabajos de filogenia de *Apis mellifera* basada en el polimorfismo de la región intergénica de la COI y COII del ADNmt. Basados en la secuencia parcial del ADNmt de *Apis mellifera*, en estos estudios se diseñó y aplicó un método de PCR-RFLP a partir de 68 colmenas de 10 subespecies. A partir de estas muestras se encontraron 19 mitotipos de 3 linajes, con distintas distribuciones geográficas, confirmando parcialmente los hallazgos encontrados por estudios de alozimas y de morfometría. Adicionalmente se publicó la secuencia parcial de esta región y se reportaron los iniciadores empleados para amplificar este fragmento, los cuales se han empleado en diferentes estudios hasta el día de hoy.

En 1993, los mismos autores, propusieron esta técnica de PCR-RFLP, de la región intergénica de la COI y COII, como una prueba rápida para estudiar la estructura genética de poblaciones de *Apis mellifera*. Según los autores esa región presenta un importante polimorfismo, especialmente en un fragmento de 192 a 196 pares de bases, al que llamaron Q y en una delección de parcial o completa de 67 pb (a la que denominaron Po). Este polimorfismo, combinado con análisis de polimorfismo de restricción con la enzima

Dral, les permitió la caracterización de los haplotipos del ADNmt de las abejas melíferas. Esta prueba molecular, fue empleada en un estudio con 302 colonias, pertenecientes a 12 subespecies, en el cual se encontraron 21 diferentes haplotipos de 3 linajes: C, A y M. Dentro de A y M, se encontraron 10 diferentes haplotipos. Garnery et al., (1993), sugirieron que esto podía demostrar la divergencia en la evolución de cada una de estas subespecies y que adicionalmente esta técnica permitiría diferenciar poblaciones europeas de africanas, para ser empleadas en estudios de africanización en América. Este estudio y los iniciadores diseñados por ellos, aún continúan vigentes en estudios de caracterización de

africanizadas de América. Mediante este análisis se detectaron 20 haplotipos y se soportó la clasificación de 4 subespecies correlacionadas con la morfometría. Adicionalmente, se estableció que este marcador genético, es útil para establecer relaciones filogenéticas y filogeográficas, y que con las secuencias obtenidas en este estudio, se determinó que las 4 subespecies divergieron hace 0,67 millones de años.

Clarke et al. (2001), realizaron muestreos de abejas en la península de Yucatán, con el fin de caracterizar el proceso de africanización de esta región. Las muestras fueron analizadas por PCR-RFLP de la región intergénica de COI y COII del ADNmt. Se encontraron cambios radicales en los mitotipos después de 13 años del arribo de las abejas africanizadas a esta región (1986). Antes de esta fecha, las poblaciones de abejas presentaban mitotipos de los linajes europeos del este y del oeste; posteriormente cambiaron a mitotipos del linaje africano, en proporciones desde el 61% al 87%, indicando una rápida introgresión de estas poblaciones.

Diniz et al., (2003) realizaron un estudio de alozimas (Mdh-1 y Hk-1) y de análisis de restricción de haplotipos de ADNmt (CytB y región intergénica COI-COII), para caracterizar las poblaciones de abejas del sureste de Brasil y de Uruguay. Los hallazgos indicaron que no había desequilibrio entre los marcadores nucleares y mitocondriales, indicando que el proceso de africanización en esas regiones, se había completado.

Pinto et al. (2004), reportaron un interesante estudio acerca de la determinación del patrón de africanización en poblaciones de abejas de Texas. Este estudio se realizó con muestras de abejas ferales de Texas, tomadas durante 11 años. Se emplearon los marcadores de ADNmt del citocromo b, la subunidad grande del ribosoma y citocromo oxidasa I. Los autores determinaron que los mitotipos cambiaron radicalmente durante ese tiempo, pues pasó de ser esencialmente de ancestros maternos Europeos (del este y del oeste) a ser esencialmente de ascendencia africana. Este cambio genotípico, coincidió con el arribo de *Varroa destructor* a las poblaciones europeas de Estados Unidos. Posteriormente en 2005, los mismos autores corroboraron este proceso de africanización en estas mismas poblaciones, mediante el análisis de microsatélites, permitiendo evidenciar que la introgresión de genes del linaje africano, se dio tanto por vía materna como paterna desde los enjambres africanizados (Pinto et al., 2005).

Arias y Sheppard (2005), reportaron un estudio filogenético de diferentes especies de

abejas melíferas, basado en el marcador nuclear EF1 alfa y el mitocondrial ND2. La reconstrucción filogenética permitió agrupar las diferentes especies en 3 grandes grupos, de acuerdo a sus características físicas y comportamentales: abejas grandes, pequeñas y las que forman nidos en cavidades.

Collet et al., (2006) reportaron los mitotipos encontrados en poblaciones de abejas africanizadas de Brasil y Uruguay, mediante PCR-RFLP de COI y COII. Se determinó la presencia de 11 mitotipos de africanización, que representaban el 68% del linaje de Suráfrica A4 y 26% de A1.

Gillespie et al., (2006), publicaron su estudio sobre la composición del ARN, tanto nuclear como ribosomal de *Apis mellifera*, como un artículo complementario al del genoma de esta especie. Estos autores reportaron las secuencias completas de las subunidades ribosomales nucleares 28S, 18S, 5.8S y 5S, al igual que las mitocondriales 16S y 12S y de las regiones espaciadoras. Adicionalmente se predijeron las estructuras secundarias del ARN maduro de estas subunidades y se compararon con las de otros artrópodos, encontrando similitudes.

Raffiudin y Crozier (2007), reportaron un estudio de reconstrucción filogenética, similar al de Arias y Sheppard, pero con otros marcadores mitocondriales: rrnL, cox2, NAD2 y nuclear: itpr. En este caso, buscando explicar una filogenia basada en características comportamentales: tipo de danza y de sonido, y estructura del nido y del panal. Los hallazgos permitieron evidenciar una relación entre la danza y el tipo de colmena y de panal.

Arias et al., (2008), enfatizaron en la utilidad del ADNmt, en estudios de filogenia y de determinación de africanización en abejas melíferas y propusieron el diseño y la utilización de 12 juegos de primers que permitieran obtener la amplificación completa del ADNmt en 12 fragmentos, con el fin de emplear esta aproximación en estudios genéticos en diferentes especies de abejas.

Prada et al., (2009), publicaron un estudio realizado en Brasil, con muestras de abejas de Colombia, a las cuales se les extrajo el ADN y se les realizó un análisis de microsatélites y la técnica de PCR-RFLP para la región intergénica COI y COII del ADNmt. Los resultados

señalaron que las poblaciones estudiadas pertenecían al linaje africanizado, con una composición similar a la encontrada en el norte de Brasil.

Francoy et al., (2009), mediante análisis morfométricos y de PCR-RFLP del marcador de citocromo B del ADNmt, analizaron muestras de abejas preservadas desde 1968 y de poblaciones de abejas obtenidas de ese entonces de Brasil, cerca del lugar donde originalmente las abejas de linaje Africano escaparon accidentalmente. Los hallazgos demostraron que el ADNmt de origen europeo, predominante en 1968, no fue encontrado en las poblaciones actuales, indicando una fuerte presión de selección a favor del genoma africano, generando híbridos africanizados que se asemejan más a estos ancestros, lo cual también fue evidenciado en la cercanía filogenética de estos linajes en los dendrogramas elaborados.

Szalansky y Magnus (2010), publicaron un trabajo de determinación de mitotipos de las poblaciones de abejas de Estados Unidos. Este primer estudio fue llevado a cabo en poblaciones africanizadas del sur de este país, en donde tomaron 172 muestras de diferentes estados. En particular en este estudio se empleó un análisis filogenético basado en secuenciación de la región intergénica COI –COII, a diferencia de los otros estudios que emplearon RFLP. El estudio permitió identificar 12 mitotipos correspondientes al linaje africanizado, de los cuales 7, no habían sido identificados previamente; los autores aducen que este hallazgo puede deberse a que los estudios anteriores fueron hechos con PCR-RFLP y que esta técnica es menos sensible que la secuenciación. Adicionalmente postulan que la variación genética observada en las abejas africanizadas de USA, representa múltiples introducciones de este genotipo a ese país.

Un segundo estudio, fue realizado por los mismos autores (Magnus y Szalansky 2010), con la misma metodología, pero tomando 469 muestras de poblaciones de abejas silvestres, de 14 estados del centro de los Estados Unidos, con el fin de determinar la identidad genética de estas abejas. Se encontraron en total 4 mitotipos del linaje O: O4a, O4b, O5a y O5b. Los autores concluyen que la población de abejas silvestres, descendiente de las abejas traídas por los colonizadores de América, son de origen del medio oeste, lo cual es congruente con el pie de cría que fue importado entre 1880 y hasta 1890 por los colonizadores. Sin embargo las poblaciones de abejas que se manejan comercialmente siguen siendo del linaje europeo, las cuales son descendientes de las

abejas que fueron importadas de Europa desde 1900.

Este hallazgo fue corroborado un año más tarde, cuando Magnus et al., (2011), publicaron un estudio de determinación de los mitotipos presentes en 140 colonias de 14 apiarios dedicados a la cría de reinas, ubicados en 11 estados de la unión americana. En este trabajo se determinó que el único linaje presente era el C de Europa, con 7 mitotipos de estos: C1, C2, C11, C12, C19, C27 Y C31.

En el año 2014, estos mismos autores, realizaron otro estudio de determinación de mitotipos por secuenciación de la región intergénica de COI-COII, en 247 muestras de poblaciones silvestres y enjambres de *Apis mellifera* en 12 estados; encontrando 23 mitotipos de 3 linajes C, M y O. (Magnus et al., 2014).

Gibson y Hunt (2014), publicaron el genoma completo del ADN mitocondrial de la abeja africanizada, derivada de *Apis mellifera scutellata*. El estudio arrojó los siguientes datos: El genoma comprende 16.411 pb y contiene el mismo repertorio y orden de genes que el mitogenoma de la abeja europea: 13 genes codificantes de proteínas, 22 ARNt y 2 ARNr. La ND4 usa un codón alternativo de inicio y el gen para la subunidad grande del ARNr, es 48 pb más corta, debido a una delección en la repetición terminal AT. El contenido general de AT es similar al de la abeja europea 84.7%.

1.9 Determinación de los mitotipos de africanización

La especie *Apis mellifera*, originalmente nativa de Europa, África y Asia, en la actualidad es la más ampliamente distribuida por todo el mundo y es la más empleada para la producción de miel, polen, propóleo, jalea real y cera. *A. mellifera* incluye alrededor de 26 sub-especies, clasificadas en 5 linajes: Linaje 'C' (Grupo Carnica: *A. m. carnica* y *A. m. ligustica*); 'M' (abejas melíferas de Europa: *A. m. mellifera*, *A.m. iberica*, y *A. m. intermissa*); 'A' (Grupo Africano: *A. m. scutellata*, *A. m. capensis*, *A. m. lamarckii*, *A. m. litorea*, *A. m. dansonii*, y *A. m. unicolor*); 'Y' (abejas de Etiopia); y el grupo 'O' (abejas de Oriente que incluye *A. m. natolica*, *A. m. caucasica*, *A. m. syriaca*, *A. m. pomonella*, y *A. m. cypria*) (Szalanski y Magnus 2010).

En cuanto al tipo de abejas presentes en Colombia, la apicultura ha contado principalmente

con razas de linajes europeos, traídos por los colonizadores de América y a comienzos del siglo XIX por el sacerdote Remigio Rizardi, quien, marcó el primer paso en el desarrollo técnico de esta actividad en el país. A comienzos del siglo XX, a través del Ministerio de Agricultura, se dio comienzo a la importación de abejas de subespecies europeas y con éstas se inició el fomento de esta industria en nuestro país. En la década del 70 con la llegada de las abejas africanizadas derivadas de *A. mellifera scutellata* que escaparon accidentalmente de Brasil, se dio inicio a un cruce genético natural de éstas con las abejas europeas manejadas en nuestro medio (Sánchez et al., 2013). Ante ésta situación muchos de los apicultores en Colombia y Latinoamérica desertaron de la actividad, principalmente por la alta defensividad de las abejas africanizadas, reduciendo así el número de colmenas y por tanto la producción de miel. No obstante, en los siguientes años y hasta hoy, los apicultores aprendieron a trabajar con los híbridos resultantes, argumentando que generan un mayor rendimiento en producción y se cree que son más resistentes a enfermedades. De otra parte, algunos apicultores continúan importando abejas reinas europeas, pues según ellos confieren mayor producción y mansedumbre, pero otro sector afirma que su producción es menor y que con la introducción de estos especímenes europeos, podrían haber entrado al país agentes infecciosos que hoy día, afectan productiva y sanitariamente a la apicultura mundial (Francoy et al., 2009).

A nivel molecular los 5 linajes de *A. mellifera* son genéticamente divergentes y su identificación individual puede hacerse sobre la base de marcadores de ADN nuclear y mitocondrial. En el mundo la mayoría de estudios de determinación del grado de africanización en abejas mieleras por genética molecular, han empleado la técnica de PCR-RFLP ó la secuenciación de la región del citocromo b (cyt b) del ADN mitocondrial (mtADN). La técnica de PCR-RFLP es dispendiosa de realizar y de interpretar y a su vez tiene bajo poder discriminatorio; de otra parte, la secuenciación del gen citocromo b (cyt b), aunque es ideal para propósitos diagnósticos, tiene un relativo bajo nivel de variación intraespecífica en *A. mellifera* (Szalanski y Magnus 2010).

Otra aproximación más robusta que las dos anteriores, la constituye la genotipificación por secuenciación de los genes de la citocromo oxidasa I y II (COI y COII) del ADN mitocondrial de *A. mellifera*, los cuales exhiben un alto grado de variación genética entre los diferentes linajes y por tanto se constituye en un marcador molecular ideal para detectar mitotipos que representan variaciones genéticas intraespecíficas. Este marcador se ha empleado

para análisis genético por PCR RFLP, en poblaciones de abejas en Turquía (Solorzano et al., 2009); México (Kraus et al., 2007); Sur América (Collet et al., 2006; Ferreira et al., 2009); África (Franck et al., 2001); y Australia (Chapman et al., 2008). Recientemente en Estados Unidos de América, se llevó a cabo un estudio de caracterización mitocondrial de las poblaciones de abejas de ese país, basado en COI-COII, pero por secuenciación; mediante esta investigación se determinaron un total de 12 mitotipos, de los cuales dos, (A1 y A1d del linaje Africano), representaron el 77%, demostrando el alto grado de africanización de las poblaciones estudiadas (Szalanski y Magnus 2010).

En cuanto a la determinación del grado de africanización en Colombia, solo existe un reporte previo del 87% del haplotipo africano (Prada et al., 2009), realizado con base en el análisis de patrones de restricción (RFLP) de amplificadores de PCR, obtenidos de las regiones del ARN ribosomal 16S y de COI y COII del ADN mitocondrial. Con el estudio de PCR-RFLP de COI-COII, se hallaron ocho patrones, 6 de ellos del tipo africano (A1, A4, A26, A28, A29 y A30) y dos (C1 and C2) asociados con *A. mellifera ligustica*. Los resultados indicaron una fuerte introgresión de los genotipos africanos dentro de las poblaciones de abejas colombianas.

1.9.1 Determinación de mitotipos por secuenciación de COI - COII

Los especímenes se colectan y almacenan en recipientes con etanol al 70%, hasta realizar el proceso de extracción de ADN, este proceso puede llevarse a cabo por métodos enzimáticos y químicos, como digestión con proteinasa K y Fenol Cloroformo o por medio de kits comerciales (Sambrook y Russell 2001).

Una vez obtenidos los ADNs genómicos de las abejas, éstos son sometidos a amplificación por la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) de la región intergénica de los genes de la citocromo oxidasa I y II (COI y COII), con los iniciadores E2 (5'-GGC AGA ATAAGT GCA TTG-3') y H2 (5'-CAA TAT CAT TGATGA CC-3'). (Garnery et al., 1993). En razón a que ésta región es polimórfica en secuencia y en tamaño entre los diferentes linajes, se pueden obtener fragmentos de longitud variable (entre 600 a 1000 pares de bases). El perfil de amplificación por PCR, consiste en un pasado de denaturación inicial de 94°C por 2 minutos, seguida por 35 ciclos de 94°C por 45 segundos, 46°C por 45 segundos y 72°C por 45 segundos; por último un paso de extensión final de 72°C por 5

minutos. Con el fin de observar si hay amplificación de cada ADN extraído, se toman alícuotas de los amplicones y se analizan por medio de electroforesis en gel de agarosa.

Una vez que se comprueba que hubo amplificación adecuada de las muestras, se realiza la respectiva fotodocumentación de los geles y las alícuotas restantes se purifican y se envían a secuenciar por el método de Sanger. Una vez obtenidas las secuencias, éstas son alineadas por medio de programas como CLUSTAL W y Bioedit; posteriormente se comparan con las secuencias reportadas en bases de datos primarias como BLASTn del GenBank del NCBI, ó ENA del EMBL, a fin de establecer a cuales mitotipos corresponden. Para hallar las relaciones filogenéticas de los mitotipos hallados, se elaboran árboles filogenéticos mediante programas como MEGA, con análisis de máxima parsimonia (Szalanski y Magnus 2010). Para determinar la confiabilidad de los árboles obtenidos, se realizan análisis de “bootstrap”, que incluyan al menos 1000 iteraciones. (Swofford, 2001; Tajima, 1989)

1.10 Bibliografía

Genética del ADN mitocondrial

Arias, M. C., & Sheppard, W. S. (1996). Molecular Phylogenetics of Honey Bee Subspecies (*Apis mellifera* L.) Inferred from Mitochondrial DNA Sequence. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 5(3), 557-566.

Arias, M. C., & Sheppard, W. S. (2005). Phylogenetic relationships of honey bees (Hymenoptera: Apinae: Apini) inferred from nuclear and mitochondrial DNA sequence data. *Molecular phylogenetics and evolution*, 37(1), 25-35.

Arias, M. C., Silvestre, D., de Oliveira Francisco, F., Weinlich, R., & Sheppard, W. S. (2008). An oligonucleotide primer set for PCR amplification of the complete honey bee mitochondrial genome. *Apidologie*, 39(4), 475-480.

Chapman, N. C., Lim, J., & Oldroyd, B. P. (2008). Population genetics of commercial and feral honey bees in Western Australia. *Journal of economic entomology*, 101(2), 272-277.

Clarke, K. E., Oldroyd, B. P., Javier, J., Quezada-Euán, G., & Rinderer, T. E. (2001). Origin of honeybees (*Apis mellifera* L.) from the Yucatan peninsula inferred from mitochondrial

DNA analysis. *Molecular ecology*, 10(6), 1347-1355.

Collet, T., Ferreira, K. M., Arias, M. C., Soares, A. E. E., & Del Lama, M. A. (2006). Genetic structure of Africanized honeybee populations (*Apis mellifera* L.) from Brazil and Uruguay viewed through mitochondrial DNA COI–COII patterns. *Heredity*, 97(5), 329-335.

Cornuet, J. M., Garnery, L., & Solignac, M. (1991). Putative origin and function of the intergenic region between COI and COII of *Apis mellifera* L. mitochondrial DNA. *Genetics*, 128(2), 393-403.

Crozier, R. H., & Crozier, Y. C. (1993). The mitochondrial genome of the honeybee *Apis mellifera*: complete sequence and genome organization. *Genetics*, 133(1), 97-117.

Diniz, N. M., Soares, A. E. E., Sheppard, W. S., & Del Lama, M. A. (2003). Genetic structure of honeybee populations from southern Brazil and Uruguay. *Genetics and Molecular Biology*, 26(1), 47-52.

Ferreira KM, Lino E, Silva O, Arias MC, Del Lama MA. 2009. Cytochrome-b variation in *Apis mellifera* samples and its association with COI-COII patterns. *Genética*. 135: 149-155.

Franck P, Garnery I, Loiseau A, Oldroyd BP, Hepburn HR, Solignac M, Cornuet JM. 2001. Genetic diversity of the honey bee in Africa: microsatellite and mitochondrial data. *Heredity*. 86: 420-430

Franco, E., & Arias, M. C. (2013). Cytochrome c oxidase I primers for corbiculate bees: DNA barcode and mini-barcode. *Molecular ecology resources*, 13(5), 844-850.

Francoy, T. M., Wittmann, D., Steinhage, V., Drauschke, M., Müller, S., Cunha, D. R., ... & Gonçalves, L. S. (2009). Morphometric and genetic changes in a population of *Apis mellifera* after 34 years of Africanization. *Genet. Mol. Res*, 8(2), 709-717.

Friedman, J. R., & Nunnari, J. (2014). Mitochondrial form and function. *Nature*, 505(7483), 335-343.

Garnery, L., Cornuet, J. M., & Solignac, M. (1992). Evolutionary history of the honey bee *Apis mellifera* inferred from mitochondrial DNA analysis. *Molecular Ecology*, 1(3), 145-154.

Garnery, L., Solignac, M., Celebrano, G., & Cornuet, J. M. (1993). A simple test using restricted PCR-amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera* L. *Experientia*, 49(11), 1016-1021.

Gibson, J. D., & Hunt, G. J. (2014). The complete mitochondrial genome of the invasive Africanized Honey Bee, *Apis mellifera scutellata* (Insecta: Hymenoptera: Apidae). *Mitochondrial DNA*, (0), 1-2.

Gillespie, J. J., Johnston, J. S., Cannone, J. J., & Gutell, R. R. (2006). Characteristics of the nuclear (18S, 5.8 S, 28S and 5S) and mitochondrial (12S and 16S) rRNA genes of *Apis mellifera* (Insecta: Hymenoptera): structure, organization, and retrotransposable elements. *Insect molecular biology*, 15(5), 657-686.

Griffiths AJF, Miller JH, Suzuki DT, et al. An Introduction to Genetic Analysis. 7th edition. New York: W. H. Freeman; 2000

Hall, H. G., & Smith, D. R. (1991). Distinguishing African and European honeybee matrilineages using amplified mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 88(10), 4548-4552.

Hebert, P. D., Cywinska, A., & Ball, S. L. (2003a). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.

Hebert, P. D., Ratnasingham, S., & de Waard, J. R. (2003b). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(Suppl 1), S96-S99.

Kraus, F. B., Franck, P., & Vandame, R. (2007). Asymmetric introgression of African genes in honeybee populations (*Apis mellifera* L.) in Central Mexico. *Heredity*, 99(2), 233-240.

Magnus, R., & Szalanski, A. L. (2010). Genetic evidence for honey bees (*Apis mellifera* L.)

of middle eastern lineage in the United States. *Sociobiology*, 55(1), 285.

Magnus, R. M., Tripodi, A. D., & Szalanski, A. L. (2011). Mitochondrial DNA diversity of honey bees, *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) from queen breeders in the United States. *Journal of Apicultural Science*, 55(1).

Magnus, R. M., Tripodi, A. D., & Szalanski, A. L. (2014). Mitochondrial DNA Diversity of Honey Bees (*Apis mellifera*) from Unmanaged Colonies and Swarms in the United States. *Biochemical genetics*, 52(5-6), 245-257.

Mishra, P., & Chan, D. C. (2014). Mitochondrial dynamics and inheritance during cell division, development and disease. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 15(10), 634-646.

Pinto, M. A., Rubink, W. L., Coulson, R. N., Patton, J. C., & Johnston, J. S. (2004). Temporal pattern of Africanization in a feral honeybee population from Texas inferred from mitochondrial DNA. *Evolution*, 58(5), 1047-1055.

Pinto, M. A., Rubink, W. L., Patton, J. C., Coulson, R. N., & Johnston, J. S. (2005). Africanization in the United States Replacement of Feral European Honeybees (*Apis mellifera* L.) by an African Hybrid Swarm. *Genetics*, 170(4), 1653-1665.

Prada, Q., Duran, J. T., Salamanca, G., & Del Lama, M. A. (2009). Population genetics of *Apis mellifera* L.(Hymenoptera: Apidae) from Colombia. *Journal Of Apicultural Research*, 48(1), 3-10.

Raffiudin, R., & Crozier, R. H. (2007). Phylogenetic analysis of honey bee behavioral evolution. *Molecular phylogenetics and evolution*, 43(2), 543-552.

Sambrook JJ and Rusell DW. Molecular Cloning. A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press (2001).

Sánchez, O. A., Castañeda, P. C., Muños, G., & Tellez, G. (2013). Aportes para el análisis del sector apícola Colombiano. *Journal of Agricultural science and Technology*, 2(4), 469-

483.

Schindel, D. E., & Miller, S. E. (2005). DNA barcoding a useful tool for taxonomists. *Nature*, 435(7038), 17-17.

Solorzano, C. D., Szalanski, A. L., Kence, M., McKern, J. A., Austin, J. W., & Kence, A. (2009). Phylogeography and population genetics of honey bees (*Apis mellifera*) from Turkey based on COI-COI sequence data. *Sociobiology*, 53(1), 237.

tansfield, W. D. (1996). Genética. 3ed. McGrawHill.

Swofford DL. 2001. PAUP: Phylogenetic analysis using parsimony (and other methods). Version 4. Sinauer Associates; Sunderland, Massachussets, USA.

Szalanski, A. L., & Magnus, R. M. (2010). Mitochondrial DNA characterization of Africanized honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from the USA. *J. Apic. Res*, 49, 177-185.

Tajima, F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585-595.

1.11 OBJETIVOS

1.11.1 General:

Detectar e identificar por primera vez para Colombia, cuáles de los patógenos causantes de enfermedades que afectan a la apicultura mundial, están presentes en tres regiones del país y determinar los mitotipos de africanización.

1.11.2 Específicos:

- Efectuar muestreos de larvas y abejas adultas en apiarios productivos de tres regiones de Colombia.
- Implementar técnicas moleculares y microscópicas para detección de patógenos que afectan a *Apis mellifera*, siguiendo los lineamientos de la OIE, del Departamento de

Agricultura de los Estados Unidos (USDA) y de protocolos reportados en la literatura científica.

- Determinar la prevalencia de los patógenos detectados, así como de *Varroa* y su nivel de infestación, en las colmenas de las tres regiones en estudio.
- Determinar por filogenia molecular, los mitotipos de africanización de las abejas de los apiarios en estudio y establecer si existe una posible relación de estos resultados con la prevalencia de *Varroa*, su nivel de infestación y la prevalencia de patógenos.
- Dar a conocer a la comunidad científica nacional e internacional, a los apicultores y a los entes de gubernamentales del país, los hallazgos de este estudio, como aporte para la toma de decisiones en programas de salud y control apícola.

2. Estudio a gran escala en abejas africanizadas de tres regiones de Colombia revela alta prevalencia pero bajo nivel de infestación de *Varroa* y baja prevalencia de virus patogénicos

Víctor Manuel Tibatá^{a,b*}, Howard Junca^{a,c}, Miguel Corona^d, Fernando Ariza Botero^a, Judith Figueroa^a

^aGrupos de Investigación AYNi – Ciencia y Tecnología Apícola y Genética Molecular Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia –Bogotá, Colombia

^bVM LAB Veterinary Molecular Diagnostics and Research, Bogotá, Colombia

^cRG Microbial Ecology, Div. Ecogenomics & Holobionts | Microbiomas Foundation, Chia, Colombia

^dBee Research Lab – United States Department of Agriculture USDA Beltsville MD-USA

*Autor correspondiente: vmtibatar@unal.edu.co Teléfono: 57+3013688977, VM LAB Veterinary Molecular Diagnostics and Research, Bogotá, Colombia

Palabras clave: Virus, Prevalencia, Colombia

Abejas Africanizadas, *Varroa destructor*, Deformed Wing Virus (DWV), Acute Bee Paralysis Virus (ABPV), Sacbrood Virus (SBV) and Black Queen Cell Virus (BQCV).

2.1 Resumen

Las poblaciones de abejas europeas *Apis mellifera*, que se emplean en apicultura en el hemisferio norte han experimentado un incremento en pérdidas de colmenas y una alta

prevalencia de virus patogénicos y de infestaciones del ectoparásito *Varroa destructor*. En Colombia los apicultores emplean principalmente híbridos africanizados, que se cree que son más resistentes a la infestación del ácaro *Varroa destructor*. De otra parte en el país no se han reportado pérdidas significantes de poblaciones de abejas; sin embargo no existe un sistema de diagnóstico oficial que permita detectar la presencia de virus patógenos de *Apis mellifera* en Colombia.

Puesto que *V. destructor* es un vector importante para virus de abejas, se hipotetiza que las poblaciones de abejas africanizadas de Colombia presentan resistencia a la infestación por éste ácaro y por ende presentan bajas prevalencias de virus patógenos. Para poder verificar esta situación, en el presente trabajo se realizó un estudio a gran escala en tres departamentos del país: Magdalena, Sucre y Boyacá, para determinar la prevalencia y el nivel de infestación de *Varroa*; así como para detectar cuáles de los siete principales patógenos virales se encuentran y determinar su prevalencia, por medio de técnicas de RT-PCR en tiempo real.

De 5400 colmenas reportadas por las asociaciones de estos tres departamentos, 491 fueron muestreadas aleatoriamente (9,1% de la población). Para detectar virus, se tomaron muestras de larvas y de adultos en cada colmena y se les extrajo el ARN. Para determinar infestación de *Varroa*, se examinaron abejas adultas. Se determinó que aunque el nivel de prevalencia del ácaro fue alta (92%), el índice de infestación (IVA) fue bajo (4,6% en promedio, con el 68% de colmenas con menos del 5% de IVA). De los siete virus, cuatro de ellos fueron detectados tanto en larvas como en adultos en las tres regiones, con las siguientes prevalencias: Virus de Alas Deformes (DWV) 19%, Virus de Parálisis Aguda (ABPV) 7,2%, Virus de la cría Ensacada (SBV) 21%, y Virus de la Celda Real Negra (BQCV) 17%. El análisis de secuenciación de los amplicones obtenidos por RT-PCR, confirmó una correcta amplificación de los virus y también permitió establecer las relaciones filogenéticas al compararlas con las secuencias de referencia. Las secuencias colombianas de cada virus, presentaron alta homología entre ellas, sin embargo para el caso de ABPV y SBV se observó una pequeña divergencia de variantes, agrupadas en clusters de alta similaridad, mientras que para BQCV y DWV, las secuencias se distribuyeron sin un patrón específico.

La alta prevalencia de *Varroa*, pero el bajo nivel de infestación encontrado en las colmenas en este estudio, las cuales nunca han recibido ningún tipo de tratamiento acaricida, junto con una relativa baja prevalencia de virus y la ausencia de síntomas, sugieren que las abejas africanizadas empleadas en nuestro país, han generado resistencia a la infestación de *V. destructor* y por ende, estas poblaciones de abejas presentan menos infecciones virales.

Este es el primer estudio de virus patogénicos de *Apis mellifera* en Colombia y sus resultados contribuyen al entendimiento del papel de *V. destructor* en la transmisión y diseminación de virus, en poblaciones resistentes a la infestación de ácaros, como las abejas africanizadas. Adicionalmente este estudio a gran escala, permite dar a conocer una primera aproximación del status sanitario de la apicultura en Colombia.

2.2 Introducción

Apis mellifera, es la abeja más usada en el mundo en la producción de polen, propóleo, jalea real y cera. Otro aspecto importante en la producción apícola, la constituye el papel que cumplen las abejas en la polinización en los ecosistemas y en los cultivos de plantas destinadas al consumo humano. Se estima que estas cosechas comprenden el 65% de la producción global de alimento y el 35% de su producción depende de la polinización por insectos y en especial de las abejas. Debido a la estrecha relación entre abejas, el medio ambiente y los cultivos; cualquier disminución o pérdida en el número de polinizadores, puede poner en riesgo la seguridad alimentaria y el mantenimiento de los ecosistemas. Por ejemplo, aunque en el mundo en las últimas 5 décadas, se aumentó en un 64% el total de colmenas, en Estados Unidos y Europa, se observó una declinación del 49.5% y del 26.5% respectivamente (van Engelsdorp et al., 2009). Una de las principales causas de la pérdida de colmenas, es la infestación por el ácaro *Varroa destructor*, y su papel como un efectivo vector de virus patogénicos.

Actualmente se han reportado 18 tipos de virus que afectan a las abejas en diferentes partes del mundo; entre ellos, 7 son los más importantes: Virus de la celda real negra (Black Queen Cell Virus BQCV), virus de alas deformes (Deformed Wing Virus DWV), virus de Kashmir (Kashmir Bee Virus KBV), virus de la cría ensacada (Sacbrood Virus SBV), virus de la parálisis aguda (Acute Bee Paralysis Virus ABPV), virus de la parálisis crónica

(Chronic Bee Paralysis Virus CBPV) y virus de la parálisis israelí (Israeli Acute Paralysis Virus IAPV) (Chen et al., 2005b). En países de Suramérica como Uruguay, Brasil y Argentina, ya se ha detectado la presencia de cinco de estos virus: DWV, CBPV, ABPV, IAPV y SBV; sin embargo hacen falta más estudios en otros países del continente que permitan determinar la presencia de estos patógenos (Antúnez et al., 2005 y 2015; Freiberg et al., 2012; Reynaldi et al., 2010 y 2011; Rodríguez et al., 2014; Texeira et al., 2008 y 2012).

En colmenas sin infestación de *Varroa*, los virus de abejas se transmiten a través de rutas horizontales y verticales, persistiendo como infecciones “encubiertas”; de otra forma en apiarios infestados con éste ácaro, especialmente cuando los niveles son altos, la transmisión vertical de virus se incrementa, generando infecciones “evidentes”, las cuales conducen a la aparición de la enfermedad (Genersch, Evans y Fries 2010). Por esta razón los apicultores deben usar acaricidas para controlar el nivel de infestación de *Varroa* y de esta forma prevenir la morbilidad y mortalidad causada por enfermedades virales. Sin embargo en países de África y en algunos países de Sur América donde se emplean abejas africanas y africanizadas (respectivamente), el control con acaricidas no es aplicado, pues se considera que estas poblaciones son resistentes a los ácaros, (comparadas con los linajes europeos en otros países), y adicionalmente no son mayormente afectadas en su estatus de salud (Rosenkranz et al., 2010).

En varios estudios se ha sugerido que como consecuencia del desarrollo de resistencia a *Varroa*, en las abejas africanizadas o en algunos casos europeas, éstas exhiben un menor nivel de prevalencias virales, debido al bajo nivel de infestación o a que quizás en paralelo han desarrollado mecanismos de tolerancia o resistencia a los virus (Strauss et al., 2013; Locke, Forsgren y Miranda 2014; Mendoza et al., 2014; Hamiduzzaman et al., 2015; Emsem et al., 2015).

La apicultura colombiana emplea principalmente híbridos africanizados y está dirigida principalmente a la producción de miel y polen y en menor proporción a propóleo y cera. En Colombia, en el año 2006, la Cadena Productiva de las Abejas y de la Apicultura estimó que el país contaba en ese momento con 2100 apicultores y con 40.000 colmenas. Hoy día el número de colmenas se ha duplicado, con una producción de miel de 2000 toneladas

anuales y de polen 150 toneladas / año, lo que indica que esta actividad agropecuaria cada día cobra más importancia económica en el país (Sánchez et al., 2013). A pesar de esto, no hay ningún sistema de detección, información y valoración tanto a nivel oficial como privado, que permita determinar cuáles patógenos están presentes en Colombia y su impacto económico. Por estas razones en el presente estudio se implementaron técnicas diagnósticas sensibles y específicas como las de Biología Molecular, para detectar por primera vez en un gran estudio en tres regiones de Colombia, cuáles de las enfermedades virales apícolas reportadas mundialmente se encuentran en el país. Estos resultados contribuyen al entendimiento del papel de *V. destructor* en la transmisión y diseminación de virus, especialmente en abejas resistentes a su infestación, tales como los híbridos africanizados.

2.3 Materiales y métodos

Con el fin de determinar cuáles de los siete principales virus que afectan a las abejas a nivel mundial, están presentes en Colombia, se implementaron protocolos de retrotranscripción y reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR) en tiempo real, para detectar los siete principales patógenos virales: DWV, SBV, BQCV, ABPV, CBPV, IAPV y KPV. Adicionalmente para establecer posibles relaciones de las prevalencias virales con la presencia de *Varroa*, se determinó el nivel de infestación del ácaro y su prevalencia.

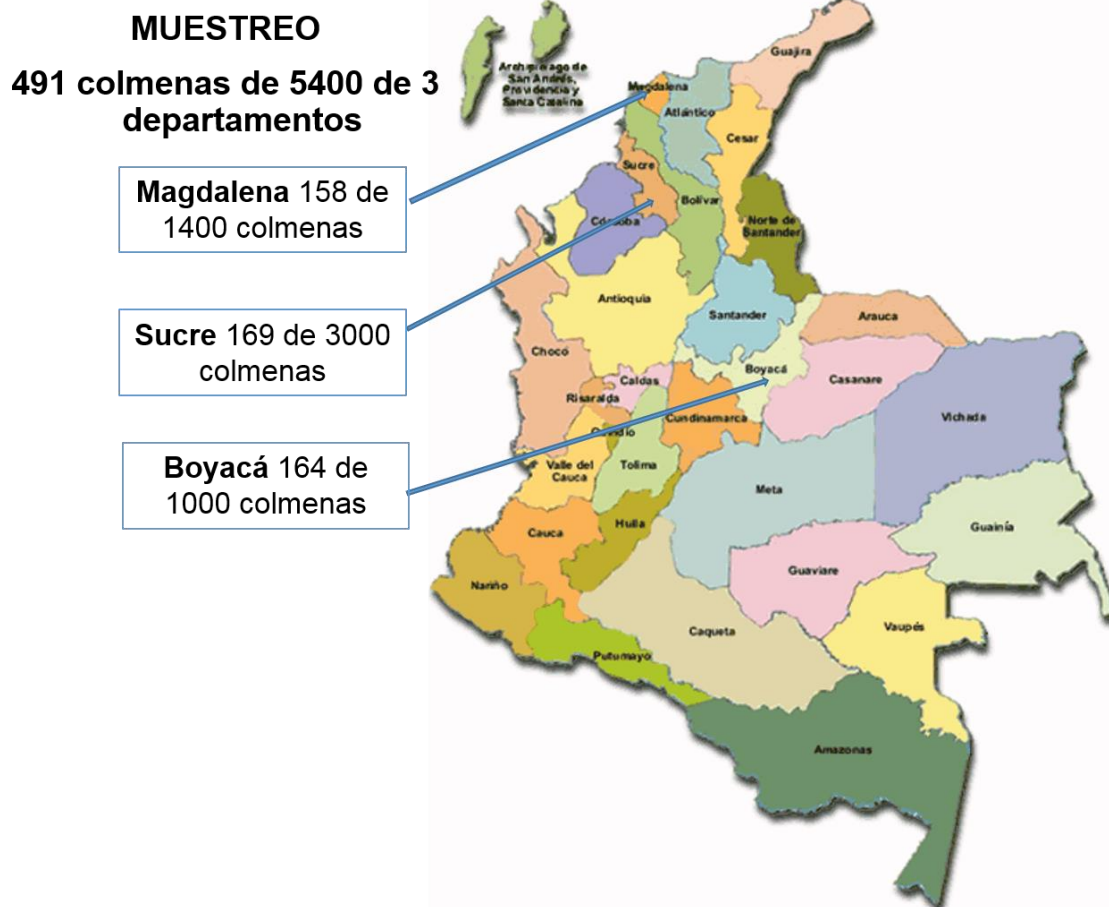
2.3.1 Muestreo

Este estudio fue realizado en tres diferentes regiones geográficas localizadas en tres departamentos de Colombia: Magdalena: Asociación de Apicultores Conservacionistas de la Sierra Nevada de Santa Marta (1400 colmenas, destinadas a producción de miel); Sucre: Asociación Rural de Apicultores de Sucre (3000 colmenas, destinadas a producción de miel) y Boyacá: Asociación de Apicultores de Boyacá (1000 colmenas, destinadas a producción de polen y miel). Todos los 50 apiarios que hicieron parte de este estudio emplean abejas africanizadas.

De las 5400 colmenas de estas 3 regiones se muestrearon en total 491 colmenas (9,1% de la población), tomando cada colmena como un individuo: 158 colmenas de Magdalena, 169 de Sucre y 164 de Boyacá (Figura 2-1). Este cálculo del número de colmenas a

muestrear en cada región fue obtenido mediante el programa Epidemiológico WinEpi, de la Universidad de Zaragoza (<http://www.winepi.net/>); empleando la fórmula para tamaño de población conocida (5400 colmenas), con un nivel de confianza del 97%, considerando una prevalencia mínima esperada del 2% para cada una de las enfermedades (de Blas et al., 2008). Los muestreos se hicieron al azar, sin búsqueda específica de sintomatología o de una enfermedad en particular; las muestras que resultaron positivas por biología molecular, se consideraron como muestras infectadas más no enfermas.

Figura 2-1: Muestreo en 3 departamentos de Colombia.



- **Muestreo para determinación de infestación por *Varroa***

Con el fin de determinar la prevalencia y el nivel de infestación de *Varroa destructor* en las mismas colmenas empleadas en el estudio de prevalencia viral, 200 abejas adultas de

cada colmena fueron muestreadas y depositadas en frascos que contenían etanol al 96% y luego transportadas hasta el laboratorio para efectuar el conteo de ácaros, según el método de De Jong et al., (1982), pero con pequeñas modificaciones, brevemente: El contenido de cada frasco fue vertido en una malla que permitía el paso de los ácaros a una bandeja, pero que impedía el paso de las abejas; entonces la malla con los ácaros fue sacudida dentro de la bandeja hasta que todos los ácaros fueron desprendidos de las abejas, para efectuar su conteo. El índice de infestación de *Varroa* (IVA) fue calculado en porcentaje, dividiendo el número de ácaros, sobre el número de abejas.

- **Muestreo para determinación de prevalencia viral**

El número de larvas y de adultas por colmena, también fue determinado con la misma fórmula para detección de enfermedad. En cada colmena seleccionada, se tomaron dos tipos de muestras: Una consistió de 60 larvas y otra de 60 abejas adultas. Los dos tipos de muestras se colectaron de un mismo cuadro de cada colmena. En total se muestrearon 491 pooles de adultas y 491 de larvas.

Las 60 larvas se tomaron vivas directamente de un cuadro de cada colmena y se depositaron en tubos Falcon, que contenían ARNlater (Quiagen) para evitar la degradación del ARN. Las 60 abejas adultas, se colectaron vivas del interior de la misma colmena, del mismo cuadro que se tomaron las larvas. Las abejas fueron transportadas en jaulas hasta el laboratorio; una vez ahí, se sacrificaron por inhalación con acetato de etilo en cámara letal, de acuerdo a los estándares éticos internacionales (Márquez 2009). Todas las muestras de larvas y adultas se guardaron en congelación a -70°C, hasta realizar el proceso de extracción de ARN.

2.3.2 Extracción de ARN

La extracción del Acido Desoxirribonucleico (ARN) de cada pool de abejas adultas, fue realizada según los protocolos empleados en el programa nacional de vigilancia de enfermedades apícolas, del Laboratorio de Investigación en Abejas (Bee Research Laboratory) del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA Beltsville MD USA). Brevemente, cada pool de abejas adultas, fue introducido en bolsas Ziploc a las cuales se les adicionaron 30 mL de tampón de lisis (tiocianato de guanidio 0,8M; tiocianato de amonio 0,4M; acetato de sodio 3M, glicerol 5% y tritón X100 al 2%); posteriormente fueron maceradas con rodillo. De cada pool se tomó una alícuota de 620 uL de tejido

macerado en el buffer de lisis, se añadieron 320 µL de fenol ácido (pH 4.0), se mezcló e incubó 10 minutos a 95°C, luego se permitió enfriar, para adicionar 200 µL de cloroformo; posteriormente se mezcló con vortex y se centrifugó a 12000 x g por 15 minutos a 4°C. A la fase acuosa se le agregó un volumen de isopropanol frío, se mezcló y centrifugó a 12000 x g, por 15 minutos. El pellet de ARN se lavó con etanol 75% y se reconstituyó el pellet con 200 µL de agua libre de ARNasas y se guardó a -70°C.

En el caso de larvas, cada pool se maceró directamente en el tubo Falcon con pistilos desechables. El ARN se extrajo con el kit High Pure Nucleic Acid Kit DNA – RNA (Roche Diagnostics), según las recomendaciones del fabricante. El ARN extraído fue preservado a -70°C. Con el fin de determinar la integridad y calidad del ARN obtenido, alícuotas del ARN extraído fueron cuantificadas por fluorometría (Qubit 2.0 Invitrogen) y varias muestras seleccionadas al azar, fueron visualizadas por medio de electroforesis en geles de agarosa denaturnantes, con formaldehído, según la metodología descrita en Sambrook y Russell (2001).

2.3.3 Síntesis de ADN complementario

Alícuotas de 500 ng del ARN extraído de cada una de las muestras de larvas y de adultas, fueron sometidas por separado a retrotranscripción, para obtención del ADN complementario (ADNc), en un termociclador Arktik (Fisher Thermo Scientific), con el kit Transcriptor First Strand cDNA Synthesis (Roche Diagnostics), según instrucciones del fabricante, con el siguiente perfil: 25°C x10 minutos, 55°C x 30 min, 85°C x 5 min.

2.3.4 Amplificación del control interno

Con el fin de determinar la viabilidad del ADNc obtenido, antes de realizar el diagnóstico viral, las muestras fueron sometidas a amplificación por PCR en tiempo real, de un fragmento de 184 pb del gen de Beta Actina de *Apis mellifera*, según el protocolo reportado por Chen et al., (2005a), pero adaptado a formato de tiempo real con Sybrgreen. La amplificación de éste control interno, fue verificada por el análisis de la curva de la temperatura de fusión (Melting Curves); adicionalmente el tamaño del fragmento amplificado fue verificado por electroforesis en gel de agarosa al 2%, en TAE 1X;

visualizado bajo luz ultravioleta en un transiluminador Electronyx (Nyx Technich) y comparado con una escalera de 100 pb (Thermo Scientific).

2.3.5 Detección de patógenos virales por PCR en tiempo real con SYBRGreen

Para el diagnóstico de virus, se implementaron protocolos de RT-PCR convencional o en tiempo real reportados por otros autores (Tabla 2-1). En el caso de DWV, CBPV y de IAPV, fueron empleados varios protocolos, con el fin de obtener el método con mayor sensibilidad en las muestras colectadas en nuestro estudio. Los protocolos reportados en formato de PCR convencional, se implementaron en este trabajo, en formato de tiempo real, basados en el uso de Sybrgreen, con el kit FastStart Essential Green Master (Roche Diagnostics), en un termociclador LightCycler Nano (Roche Diagnostics).

Tabla 2-1: Iniciadores usados para detectar los siete virus en este estudio

Virus	Referencia	Gen	Tamaño del amplificado (pb) (posición en el genoma)	Secuencia del iniciador 5'-3'
ABPV	Tentcheva et al. 2004	RNA polymerase	452 (5271-5722)	F-TGAGAACACCTGTAATGTGG R-ACCAGAGGGTTGACTGTGTG
SBV	Kukielka et al. 2009	Non structural Poliprotein	340 (5307-5647)	F-CGAGTGTGTGTGTGTAAAGAGA R-CGAAGGGTGAAGTGTAGCAG
BQCV	Kukielka et al. 2008	Structural Polyprotein ORF-2	284 (7933-8217)	F- AAG GGT GTG GAT TTC GTC AG R- GGC GTA CCG ATA AAG ATG GA
DWV	Chen et al. 2005a Yue & Genersch 2005 Kukielka et al. 2008	Polyprotein (Helicase) Polyprotein (polymerase) Polyprotein	702 (6241-6940) 450 (9247-9697) 226 (8575-8801)	sense-ATCAGCGCTTAGTGGAGGAA antisen-TCGACAATTTTCGGACATCA F15- TCCATCAGGTTCTCCAATAACGGA B23- CCACCCAAATGCTAACTCTAAGCG F- CTGTATGTGGTGTGCCTGGT R- TTC AAACAATCCGTGAATATAGTGT
CBPV	Ribière et al. 2002 Blanchard et al. 2007	RNA polymerase RNA polymerase	455 (2580-3034) 101 (2390-2490)	F-AGTTGTCATGGTTAACAGGATACGAG R-TCTAATCTTAGCACGAAAGCCGAG F-CGCAAGTACGCCTTGATAAAGAAC R-ACTACTAGAACTCGTCGCTTCG
IAPV	Maori et al. 2007 Hou et al. 2014	Capsid RNA polymerase	474 (8939-9413) 232 (6036-6268)	F1- AGACACCAATCACGGACCTCAC R2- AGATTGTCTGTCTCCAGTGACACAT F3-GAAGCCCCACTTTGTATGGA

				R4-AGAAACCGCTCCTGAGCATA
KPV	Stoltz et al. 1995	RNA polymerase	415 (5400-5815)	F-GATGAACGTCGACCTATTGA R-TGTGGGTTGGCTATGAGTCA

Fuente: Elaboración propia.

Todas las técnicas de PCR fueron realizadas en reacciones separadas para cada virus y para cada muestra de larvas y de adultas (Single PCR), con una alícuota de 2 uL del cADN de cada muestra. Los controles positivos consistieron de productos de PCR clonados en plásmidos, los cuales fueron donados por el Laboratorio de Investigación en Abejas, del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA Beltsville MD-USA) y del Departamento de Entomología del Centro Volcani, del Ministerio de Agricultura de Israel (Bet Dagan – Israel). Para los controles negativos, se añadió agua ultrapura en vez de ADN.

En razón a que en este estudio se pretendió establecer cuáles virus patogénicos, estaban presentes en las tres regiones y determinar su prevalencia, los resultados fueron interpretados como presencia o ausencia del producto de amplificación, sin realizar cuantificaciones. Los datos fueron analizados con el correspondiente software (LightCycler SW 1.0). La correcta amplificación de cada montaje en PCR en tiempo real, fue verificada por el análisis de las curvas de las temperaturas de fusión (Melting Curves). Adicionalmente el tamaño de estos productos amplificados, fue verificado por electroforesis en gel de agarosa al 2% en TAE 1X, y visualización en un transiluminador (Nyx Technik) y empleando un marcador de peso de 100 pb (GeneRuler ladder Thermo Scientific).

2.3.6 Determinación de la prevalencia de virus

En razón a que los muestreos se hicieron al azar, sin búsqueda específica de sintomatología o de una enfermedad en particular, las muestras que resultaron positivas por RT-PCR, se consideraron como muestras infectadas más no enfermas. La prevalencia de cada virus, se definió como la proporción entre: Número de colmenas muestreadas infectadas / Número total de colmenas muestreadas. Esta proporción generó valores entre 0 y 1, los cuales fueron expresados en términos de porcentaje (0 a 100%). Para cada uno de los virus se estableció la prevalencia tanto en larvas, como en abejas adultas, en cada región y a su vez se determinó el promedio en las tres regiones.

2.3.7 Secuenciación y elaboración de árbol filogenético

Un mínimo de 10 muestras de cADN que fueron positivas por PCR en tiempo real para los 4 virus detectados (de las tres regiones), fueron seleccionadas aleatoriamente para ser amplificadas por PCR convencional y luego ser enviadas a secuenciación de ADN (Macrogen Korea del Sur), empleando los iniciadores forward, descritos en la Tabla 2-1. Para el caso de DWV, se amplificó el fragmento de 702pb del gen de la Helicasa (nucleótidos 6241 a 6940 del genoma) (Chen et al., 2005b); para ABPV, 452 pb del gen de la ARN polimerasa (Nucleótidos 5271-5722 del genoma) (Tentcheva et al., 2004); para SBV 340 pb del gen de la poliproteína no estructural (5307-5647) (Kukielka et al., 2009) y para BQCV 284 pb del gen de la poliproteína estructural (7933-8217) (Kukielka et al., 2008). Las secuencias de nucleótidos con un puntaje de calidad continua de Phred >28, fueron utilizadas para el análisis en BLASTn (Basic Local Alignment Search Tool) del NCBI (National Center for Biotechnology Information. Bethesda, MD, USA), con los parámetros en default para nr/nt, con secuencias de alta similitud (megablast) <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>.

Un bloque de secuencia común de información para cada virus fue elaborado y editado con el programa MEGA V 7.0.14 (Kumar, Stecher y Tamura; 2016). El alineamiento múltiple fue realizado con el programa MUSCLE (Multiple Sequence Comparison by Log Expectation) (Edgar; 2004) del EBI (European Bioinformatics Institute) <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/>; con los parámetros en default y 8 iteraciones, incluyendo como referencia las secuencias reportadas en artículos previos y depositadas en las bases de datos del GenBank. La longitud de los bloques finales del alineamiento fueron de 372bp (ABPV), 248bp (SBV), 227bp (BQCV), 619bp (DWV). Los árboles de distancia fueron construidos en cada dataset usando el método de máxima parsimonia con un bootstrap de 100. Con el algoritmo Subtree-Pruning-Regrafting (SPR) (Swofford y Sullivan; 2003) con el nivel 1 de búsqueda, en el cual el árbol inicial es el resultado de secuencias en 10 replicados. Las posiciones de codón incluidas fueron 1a+2a+3a+no codificante.

2.4 Resultados

2.4.1 Infestación por *Varroa destructor*

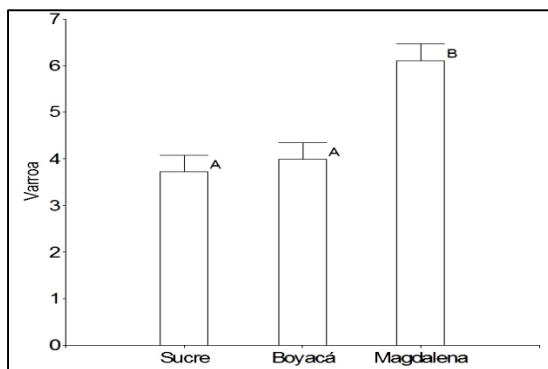
Respecto a la detección de *Varroa*, se determinó que la prevalencia promedio de éste ácaro en las 491 colmenas muestreadas fue del 92%, sin que hubiese diferencias significativas entre los departamentos: Boyacá 89%, Magdalena 96% y Sucre 90%; aunque esta prevalencia es alta, contrastantemente el índice de infestación (IVA) fue bajo: 4,6% en promedio de las tres regiones (Boyacá 4%, Magdalena 6,1% y Sucre 3,7%), sin embargo el IVA de Magdalena presentó diferencias significativas comparado con Boyacá y Sucre (Kruskall Wallis. $p < 0.001$) (Tabla 2-2 y figura 2-2).

Tabla 2-2: Prevalencia y promedio de índices de infestación de *Varroa* (IVA), por departamento.

Departamento	% Prevalencia	% IVA
Boyacá	89	4
Magdalena	96	6.1
Sucre	90	3.7
Promedio en los tres dptos	92	4,6

Fuente: Elaboración propia

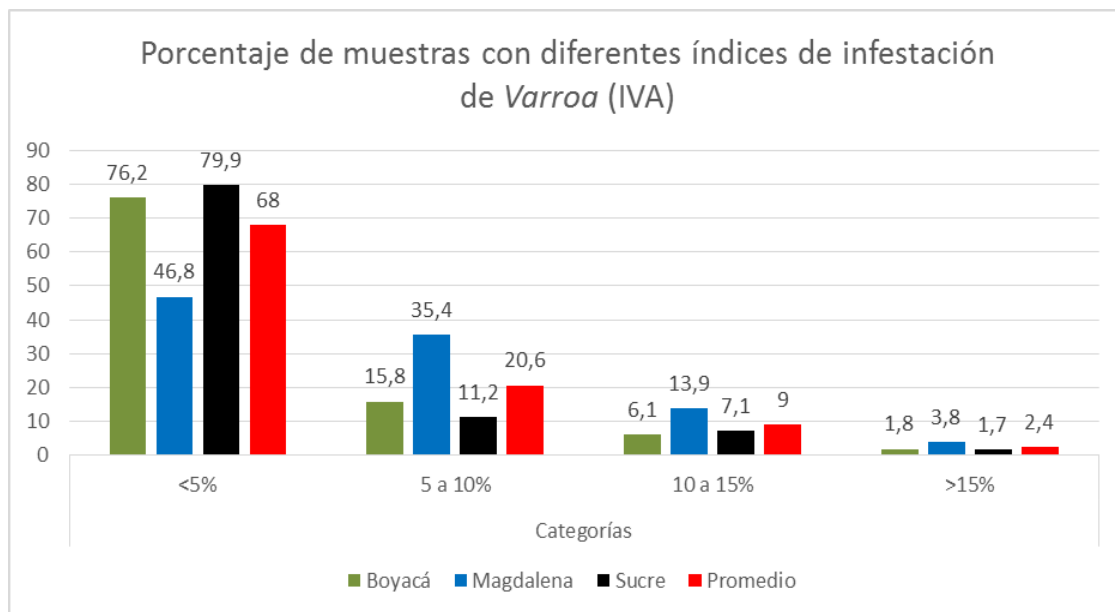
Figura 2-2: Promedio índices de IVA.



(Kruskall Wallis. $p < 0.001$). Fuente: Elaboración propia

En cuanto a la distribución de las muestras de acuerdo al índice de infestación, el 68% de las muestras presentaron valores de IVA menor del 5%, mientras que el 20,6% tuvieron IVAs entre el 5 al 10%; el 9% de las colmenas entre el 10 y el 15% y solo el 2,4% registraron infestaciones mayores al 15%. Estos hallazgos son bastante notorios, especialmente porque en los apiarios del muestreo, nunca se han empleado tratamientos acaricidas. El departamento que tuvo un mayor número de muestras con un IVA superior al 5% y a su vez al 10 y 15 %, fue Magdalena (Figura 2-3).

Figura 2-3: Porcentaje de muestras con diferentes índices de IVA.



Fuente: Elaboración propia

2.4.2 Prevalencia de Virus

Para declarar una muestra como positiva (infectada), se siguieron estrictamente los criterios de observación de un único pico de curva de temperatura de fusión y de un correcto tamaño del fragmento amplificado. De los 7 patógenos virales, 4 de estos: DWV, ABPV, SBV y BQCV, fueron encontrados tanto en larvas como en abejas adultas en las 3 regiones. Los otros 3 virus: IAPV, CBPV y KPV, no fueron detectados en ninguna muestra.

De las 491 colmenas analizadas en este estudio, en el 35% (n = 172) no se detectó ninguno de los virus, mientras que en el 30,9% (n = 152), al menos un virus fue detectado. También se determinó que el 22,8% de las colmenas (n = 112), estaban infectadas con dos virus al

mismo tiempo. En el 10.1% (n = 50), tres tipos de virus fueron detectados, mientras que solo en el 1,1% (n = 5), se identificaron los 4 virus simultáneamente (Tabla 2-3).

Tabla 2-3: Porcentaje de muestras coinfectadas.

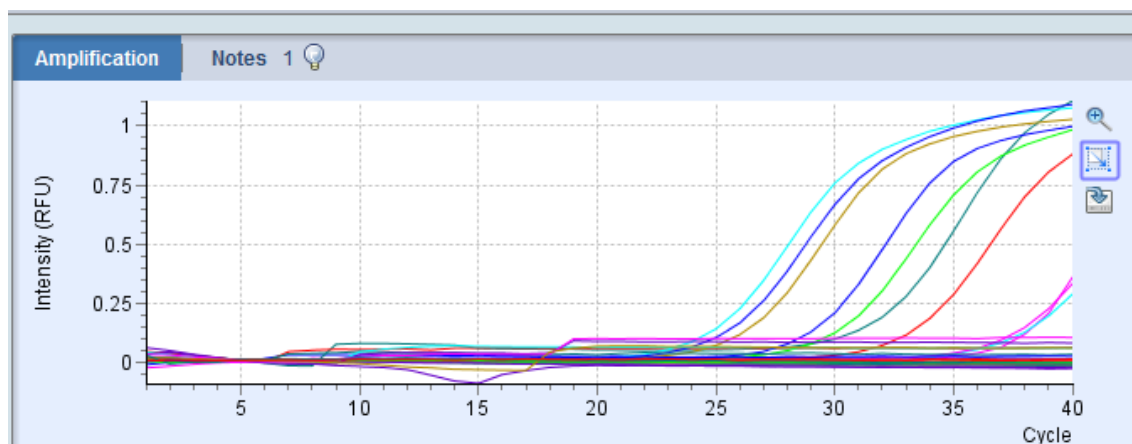
Detección	%	Número de Muestras
Ningún virus	35	172
1 virus	31	152
2 virus	22,8	112
3 virus	10,1	50
4 virus	1,1	5

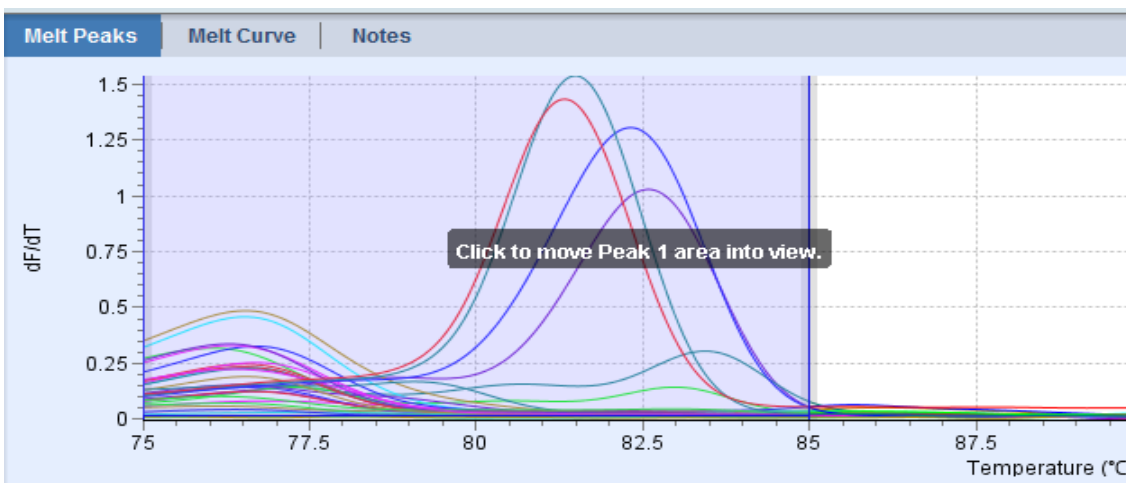
Fuente: Elaboración propia

• Virus de Alas Deformes

Para determinar la prevalencia de DWV, los iniciadores publicados por Chen et al., (2005a), fueron los que finalmente se eligieron, en razón a que permitieron obtener el mayor número de muestras positivas, con respecto a los otros protocolos de PCR. Las muestras positivas generaron picos de temperatura de fusión (TM) de 82°C; mientras que con el control positivo (fragmento clonado en plásmido), se obtuvieron picos de 81,4°C (Figura 2-4). El tamaño de estos productos amplificados (700 pb), fue verificado por electroforesis en gel de agarosa (Figura 2-5).

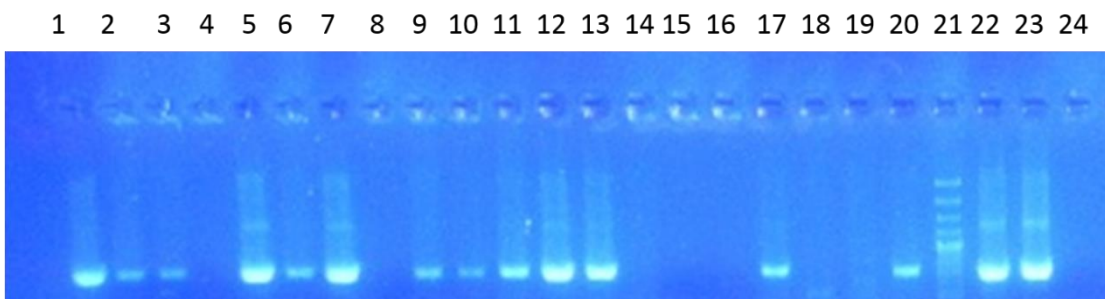
Figura 2-4: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real con Sybrgreen para DWV con los iniciadores publicados por Chen et al., (2005a).





Las líneas morada y azul corresponden a muestras positivas (TM 82°C), la línea roja y azul clara al control positivo. Fuente: elaboración propia.

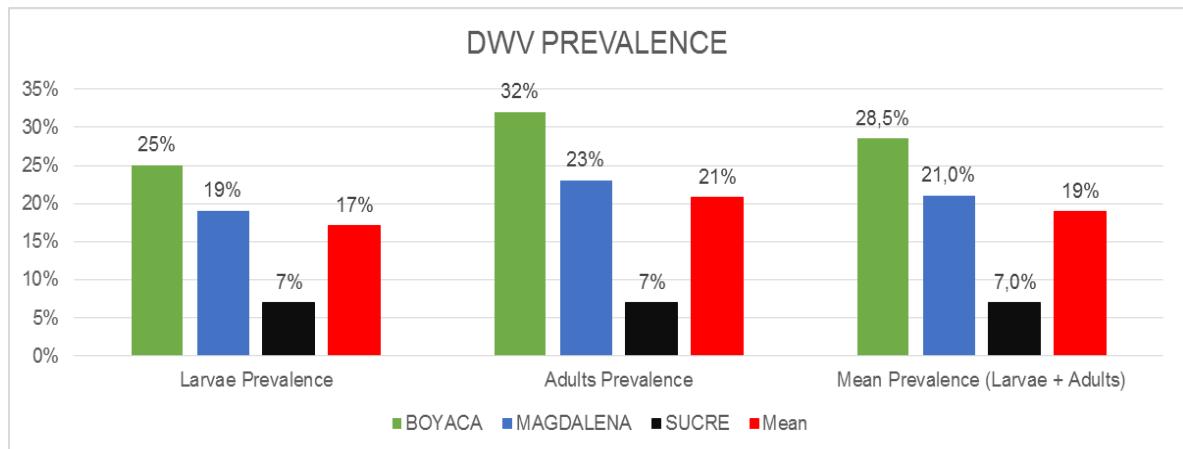
Figura 2-5: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de DWV.



Agarosa 2% en buffer TAE 1x. Las muestras positivas generaron bandas de 700 pb. Carril 21: marcador de peso de 100 pb GeneRuler ladder (Thermo Scientific). Carril 22 y 23 controles positivos. Carril 24 control negativo. Fuente: elaboración propia.

De las muestras de larvas y adultas analizadas, se determinó que la prevalencia promedio de DWV fue del 19% en las 491 colmenas muestreadas, en las tres regiones en estudio. La región con mayor prevalencia de DWV fue Boyacá (B) con 28,5%, seguida de Magdalena (M) 21% y la de menor prevalencia Sucre (S) con 7%. La prevalencia promedio de DWV en larvas fue de 17% (n=83), compuesta de (B) 25%, (M) 19% y (S) 7%. En el caso de abejas adultas, se obtuvo una prevalencia promedio del 21% (n=103), compuesta de: (B) 32%, (M) 23% y (S) 7%, (Figura 2-6).

Figura 2-6: Prevalencia de Virus de Alas Deformes (DWV)

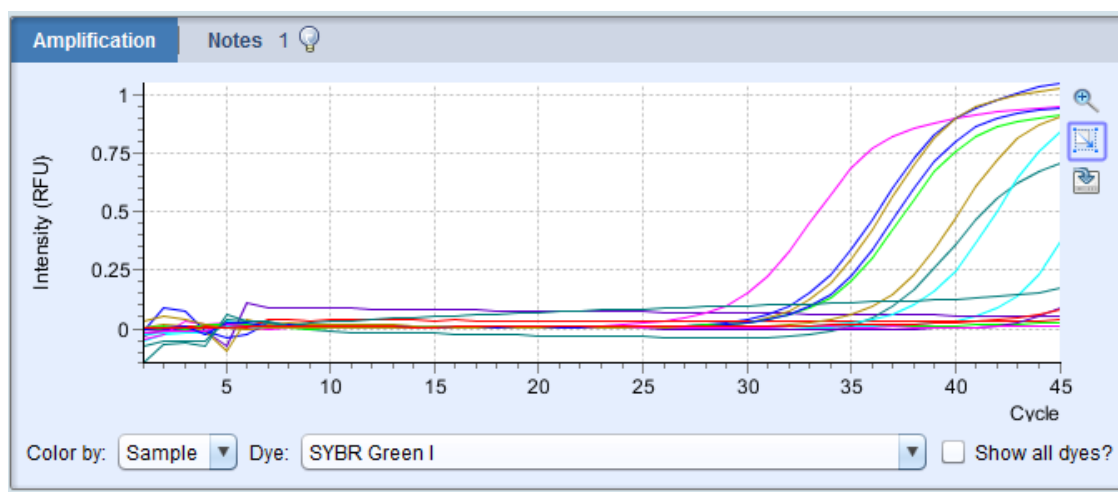


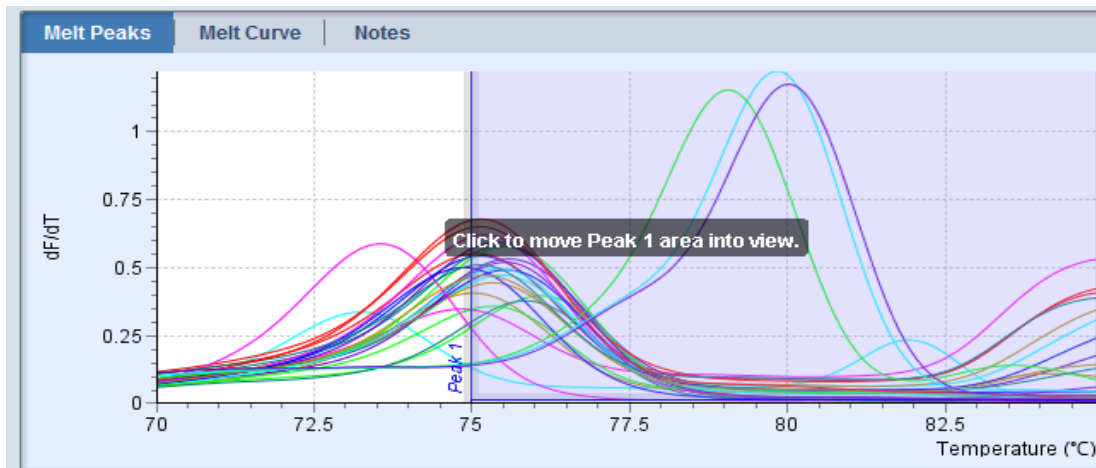
Fuente: elaboración propia.

• Virus de Parálisis Aguda

Las muestras positivas a ABPV por PCR en tiempo real con los iniciadores publicados por Tentcheva et al., (2004), presentaron TMs de 80°C; y el control positivo (plásmido) de 79°C (Figura 2-7). El tamaño del amplificado (452 pb) fue verificado por electroforesis (Figura 2-8).

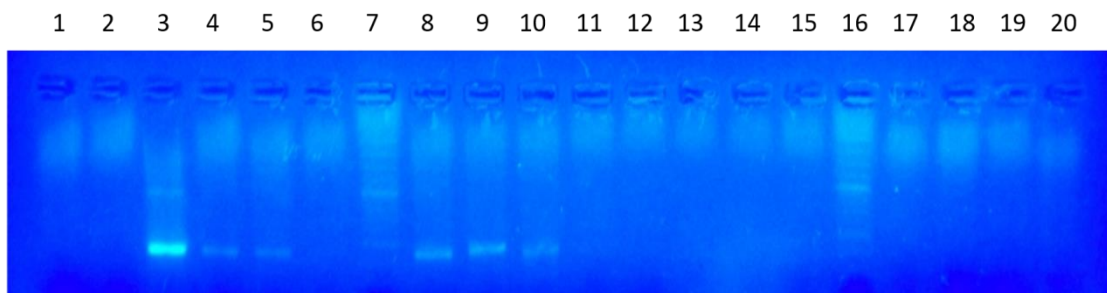
Figura 2-7: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para ABPV con los iniciadores publicados por Tentcheva et al., (2004).





Las líneas morada y azul corresponden a muestras positivas (TM 80°C), la línea verde al control positivo. Fuente: elaboración propia.

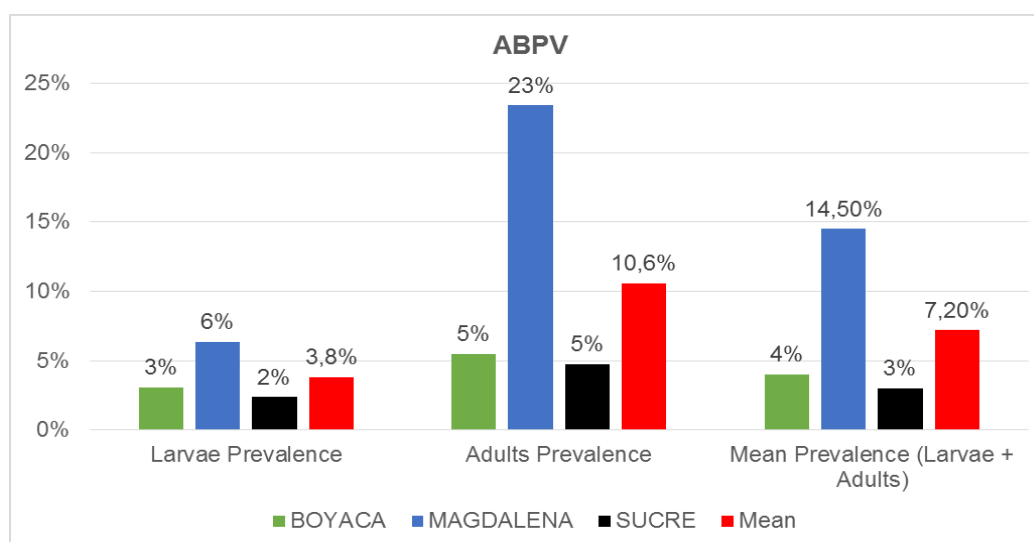
Figura 2-8. Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de ABPV.



Agarosa 2% en buffer TAE 1x. Las muestras positivas generaron bandas de 452 pb. Carril 3: control positivo. Carril 7 y 16: marcador de peso de 100 pb GeneRuler ladder (Thermo Scientific) la banda más intensa es de 1000pb. Carril 20 control negativo. Fuente: elaboración propia.

La prevalencia promedio de ABPV en las 491 colmenas de las tres regiones, fue del 7,2%. La región con mayor prevalencia fue Magdalena (M) 14,5%, seguida de Boyacá (B) con 4% y la de Sucre (S) con 3%. La prevalencia de muestras de larvas positivas a este virus, fue de 3,8% (n=19): (B) 3%, (M) 6% y (S) 2%. En las muestras de adultas, la prevalencia promedio fue del 10,6% (n=52): (B) 5%, (M) 23% y (S) 4%, (Figura 2-9).

Figura 2-9: Prevalencia de Virus de Parálisis Aguda (ABPV)

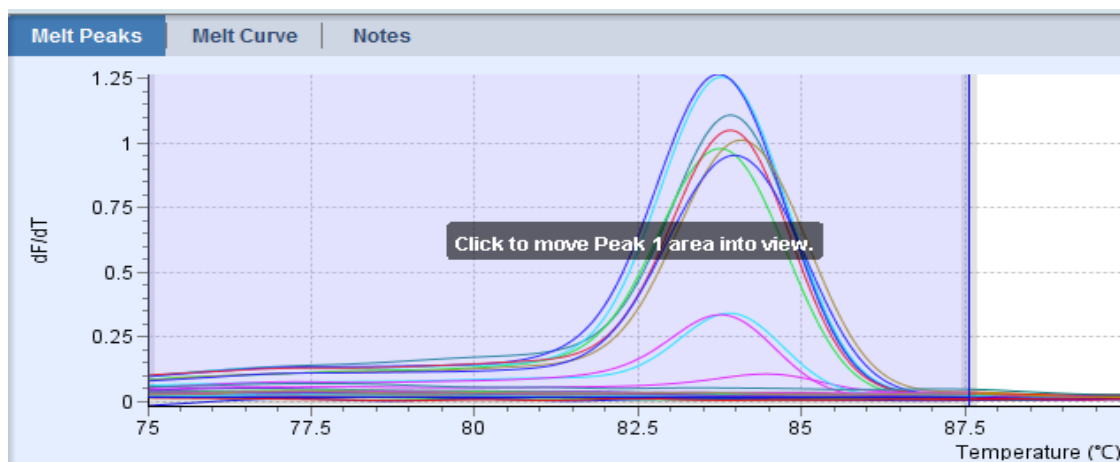


Fuente: elaboración propia.

• Virus de Cría Ensacada

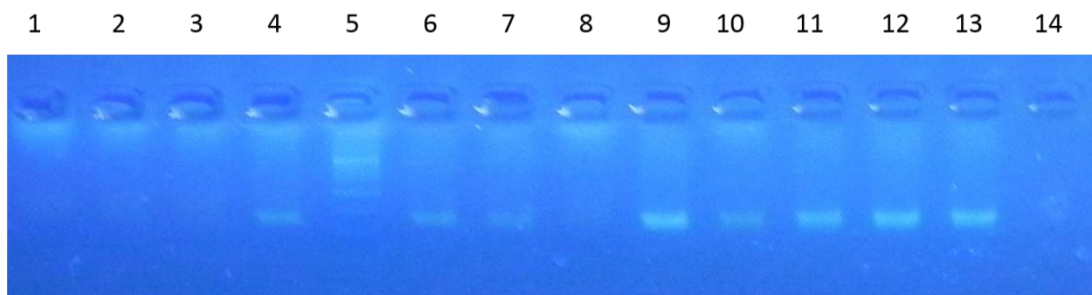
Las muestras positivas por PCR en tiempo real a SBV, con los iniciadores publicados por Kukielka et al., (2009) presentaron TMs de 83,7 a 83,9°C; y el control positivo (plásmido) de 82,7°C (Figura 2-10). El tamaño del amplificado (340 pb) fue verificado por electroforesis (Figura 2-11).

Figura 2-10. Curvas temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para SBV con los iniciadores publicados por Kukielka et al., (2009).



Las líneas corresponden a muestras positivas (TM 83,7 a 83,9°C). Fuente: elaboración propia.

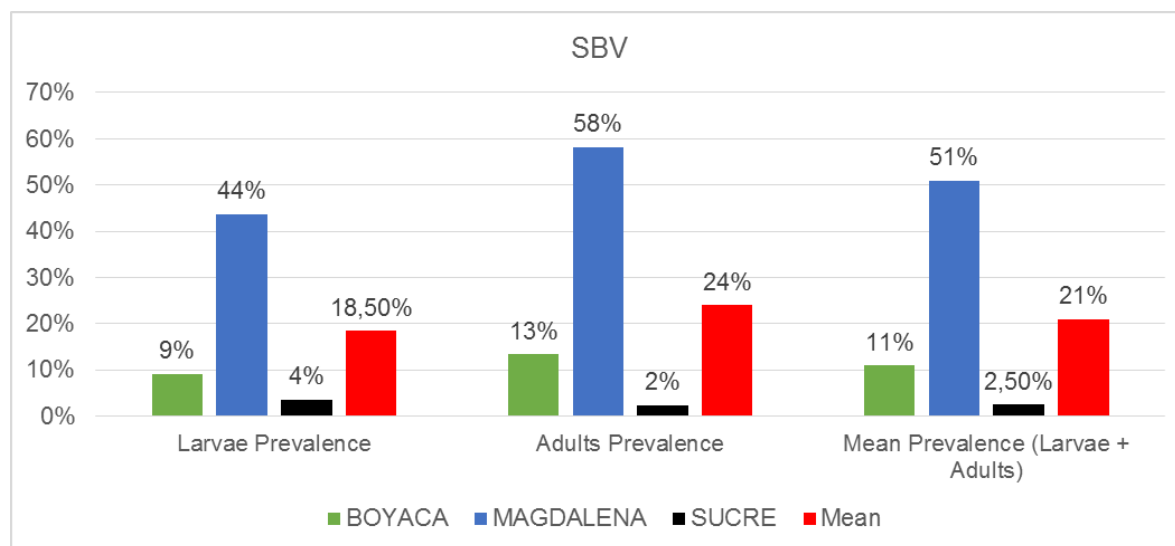
Figura 2-11: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de SBV.



Agarosa 2% en buffer TAE 1x. Las muestras positivas generaron bandas de 340 pb. Carril 4: control positivo. Carril 5: marcador de peso de 100 pb GeneRuler ladder (Thermo Scientific). Carril 14 control negativo. Fuente: elaboración propia.

En las tres regiones la prevalencia promedio de SBV fue del 21%. La región con mayor prevalencia fue Magdalena (M) 51%, seguida de Boyacá (B) 11% y Sucre (S) con 2,5%. La prevalencia de larvas positivas fue de 18,5% (n=91): (B) 9%, (M) 44% y (S) 3%. En las muestras de adultas, la prevalencia fue del 24% (n=118): (B) 13%, (M) 58% y (S) 2%. Figura 2-12.

Figura 2-12: Prevalencia de Virus de Cría Ensacada (SBV)

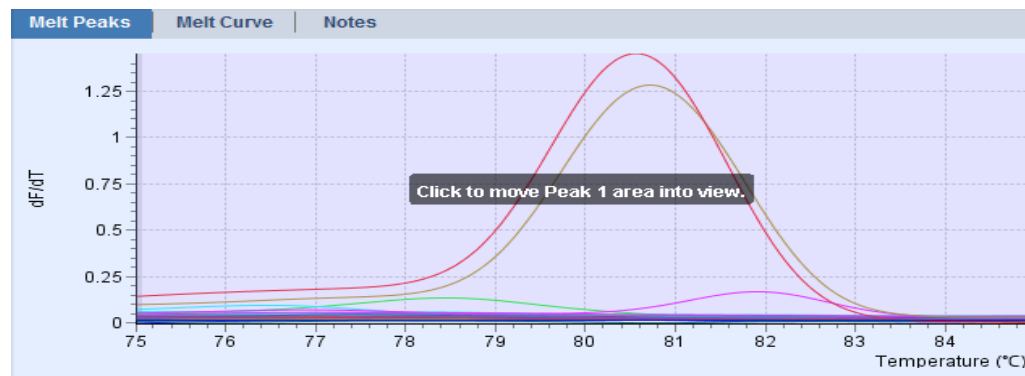


Fuente: elaboración propia.

- **Virus de Celda Real Negra**

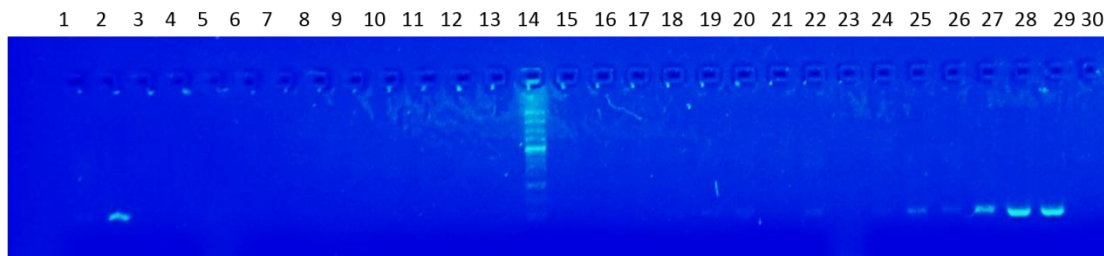
Las muestras positivas a BQCV por PCR en tiempo real con los iniciadores publicados por Kukielka et al., (2008), presentaron TMs de 80,5°C (Figura 2-13). El tamaño del amplificado (284 pb) fue verificado por electroforesis (Figura 2-14).

Figura 2-13: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para BQCV con los iniciadores publicados por Kukielka et al., (2008).



Fuente: elaboración propia.

Figura 2-14: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR en tiempo real de BQCV.

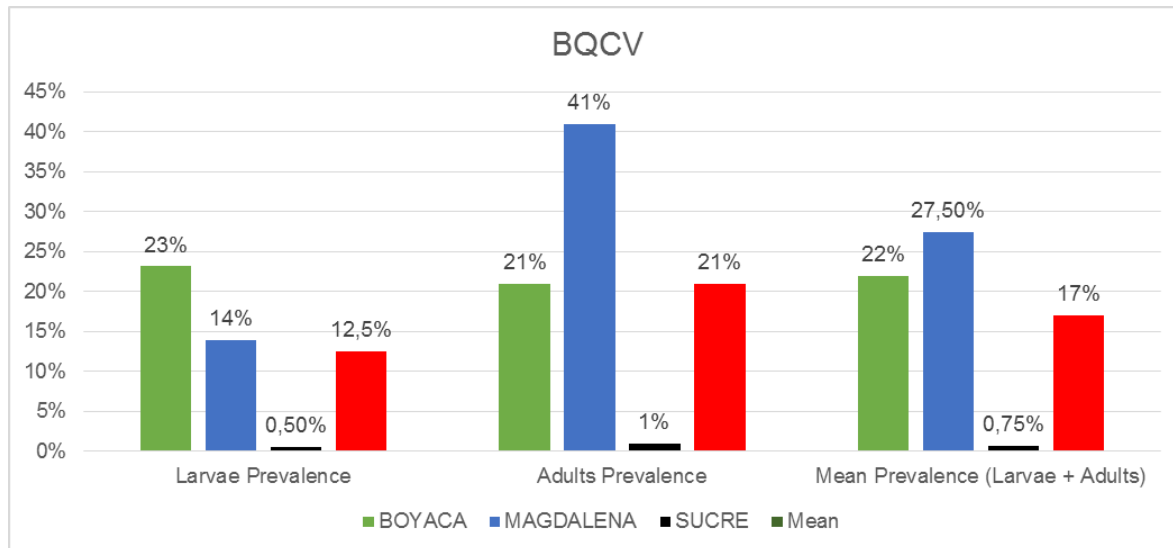


Agarosa 2% en buffer TAE 1x. Carril 1 control negativo, carril 2: control positivo. Carril 14: marcador de peso de 100 pb GeneRuler ladder (Thermo Scientific). Las muestras positivas generaron bandas de 284 pb. Fuente: elaboración propia.

Se determinó que la prevalencia promedio de colmenas infectadas con BQCV, en las tres regiones en estudio, fue del 17%: (B) 22%, (M) 27.5% y (S) 0.75%. En cuanto a larvas, se obtuvo un 12,5% de prevalencia promedio (n=61): (B) 23%, (M) 14% y (S) 0,5%. En el caso

de adultas, se determinó una prevalencia promedio del 21% (n= 102): (B) 21%, (M) 41% y (S) 1% Figura 2-15.

Figura 2-15: Prevalencia de virus de la celda real negra (BQCV).

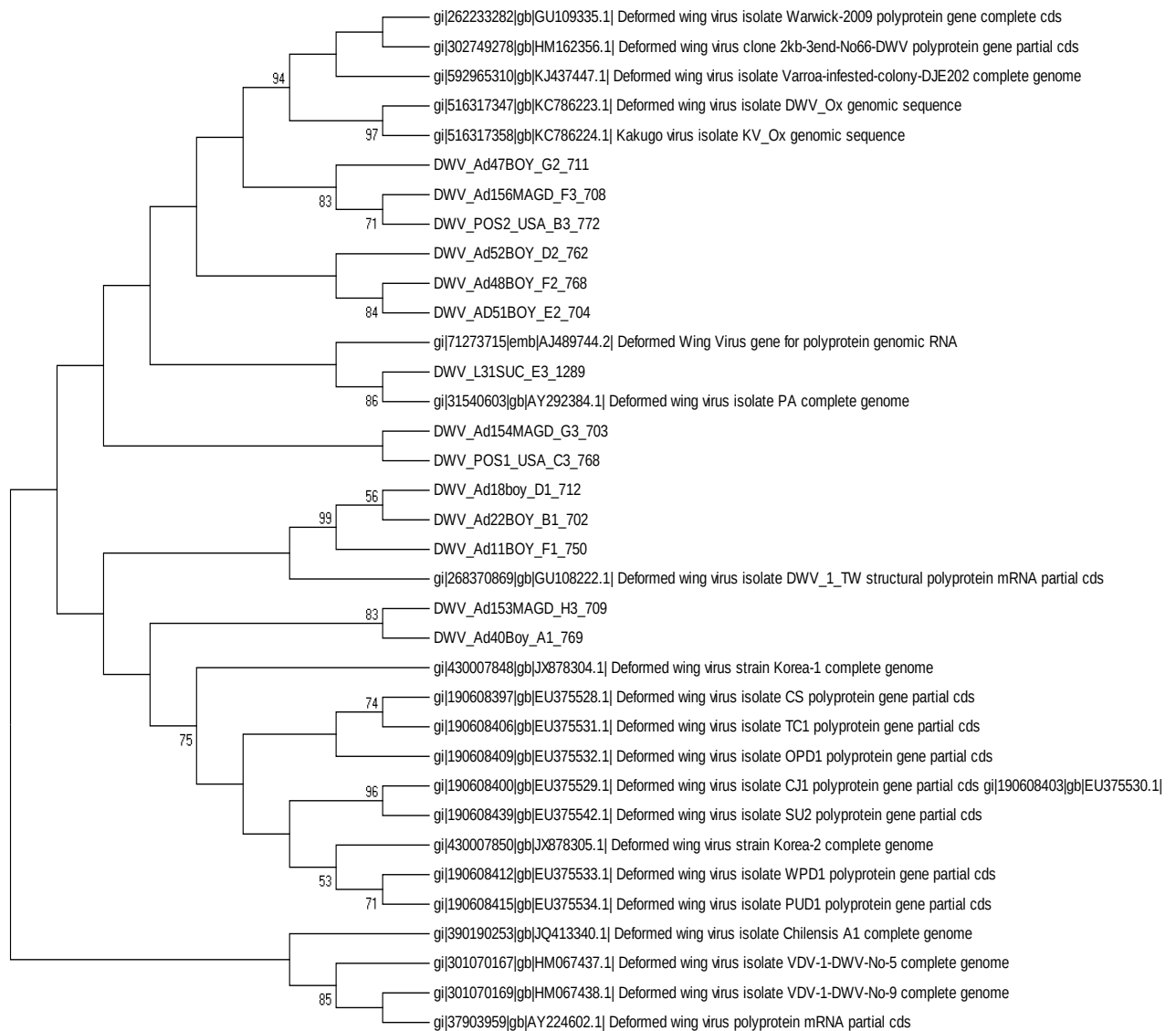


Fuente: elaboración propia.

2.4.3 Análisis filogenético de amplicones obtenidos de muestras positivas a virus

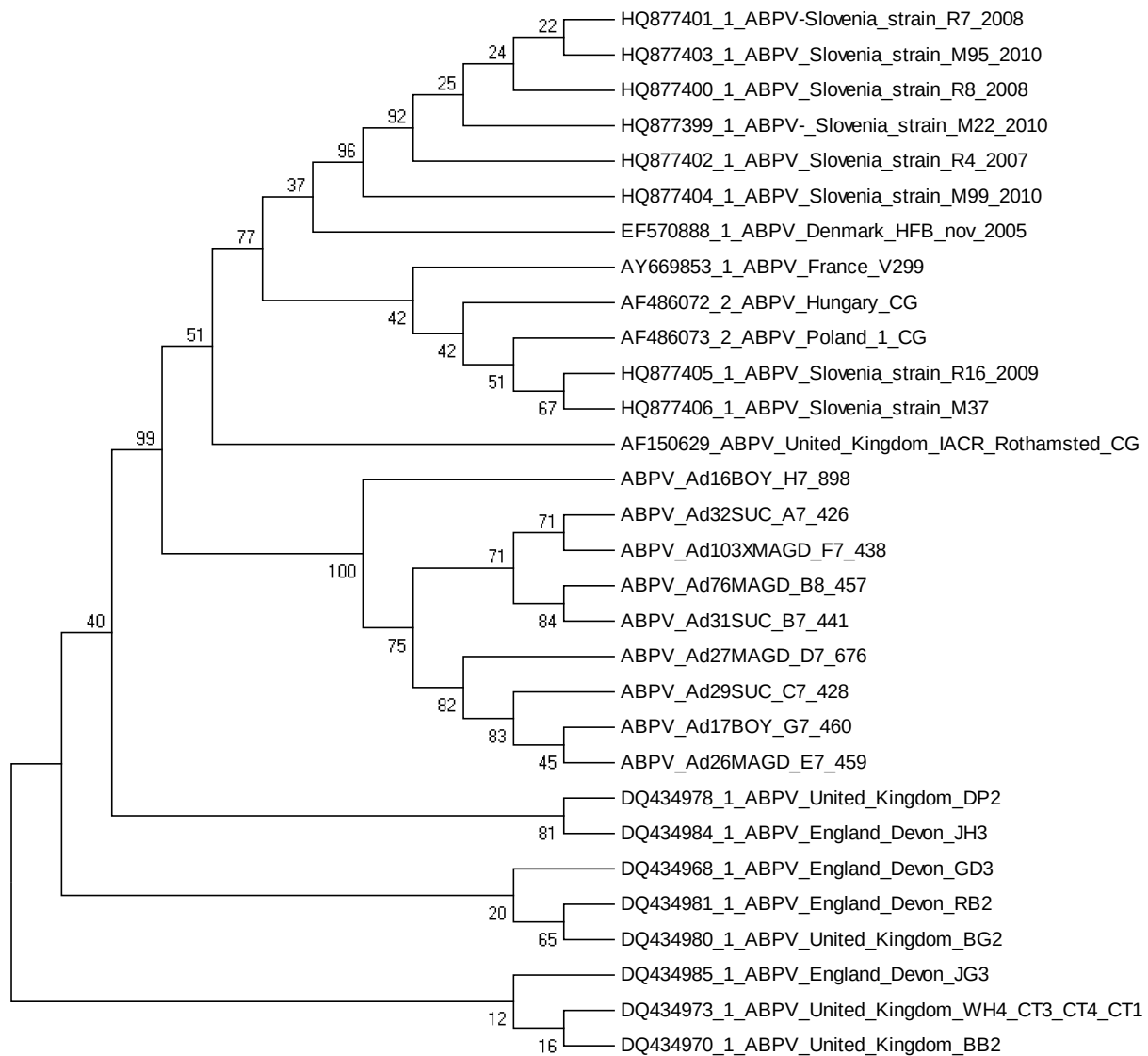
Por medio de la secuenciación y alineamiento en BLASTn, de las secuencias obtenidas a partir de los productos de PCR convencional, se confirmó una correcta amplificación de las muestras positivas a virus de parálisis aguda (ABPV), cría ensacada (SBV), virus de la celda real negra (BQCV) y virus de alas deformes (DWV). En todos los casos se observó una alta similitud de las secuencias obtenidas, con las reportadas en GenBank para el fragmento diana de cada virus. Los porcentajes de similitud presentaron valores entre el 93 a 99%. En cuanto a la filogenia realizada, los arboles de distancias obtenidos por Máxima Parsimonia para cada uno de los virus, permitió observar homología de las secuencias obtenidas comparadas con las secuencias reportadas. (Figuras 2-16, 2-17, 2-18 y 2-19).

Figura 2-16: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de DWV.



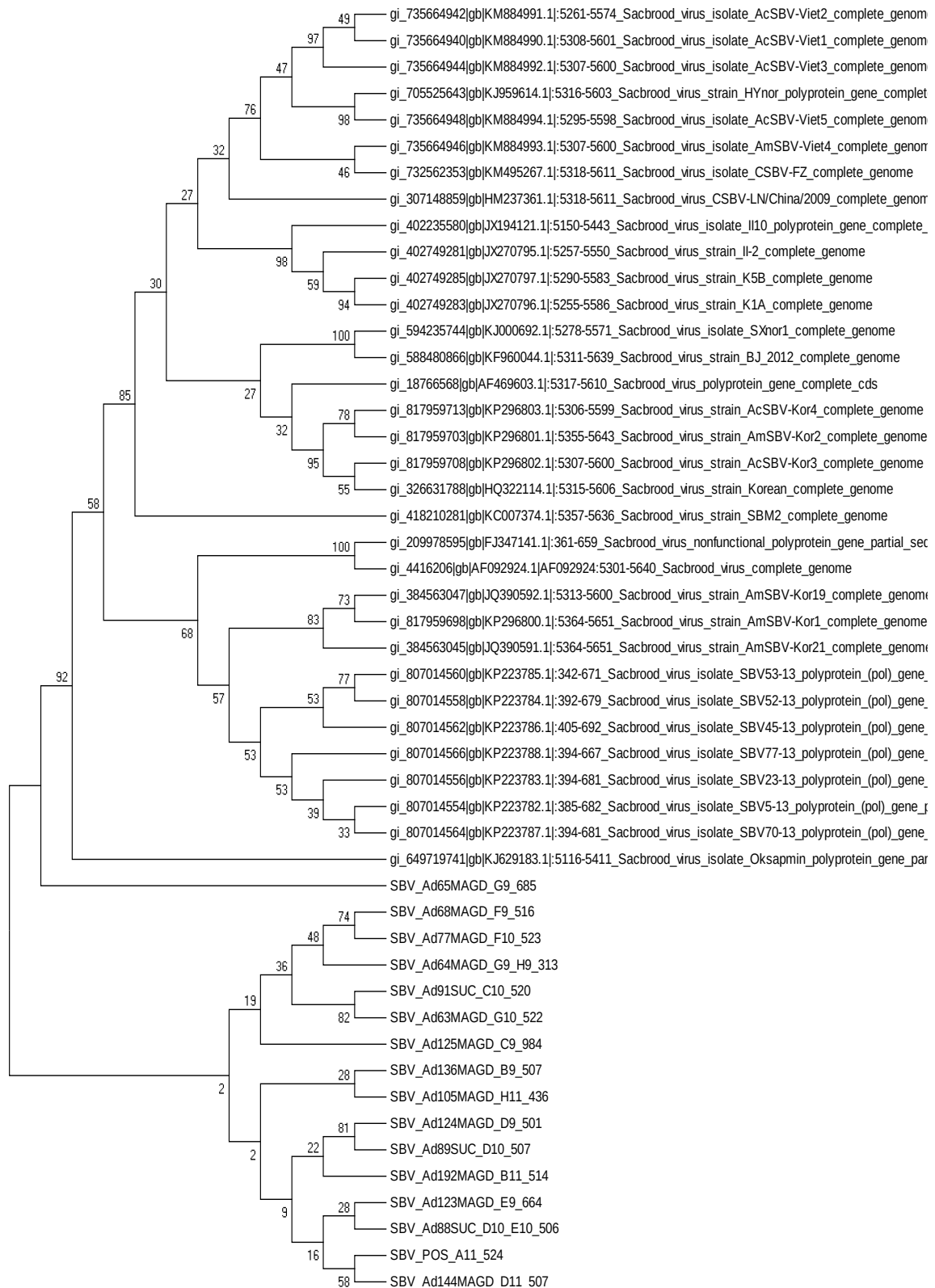
Filogenia realizada con un fragmento de 702pb del gen de la Helicasa (6241 – 6940 nc) (Chen et al., 2005b). Cada muestra del estudio se identifica con DWV, seguido de un número, una abreviación del área de origen: BOY (Boyacá), SUC (Sucre), MAG (Magdalena) y un número interno asignado para cada archivo abi. Fuente: elaboración propia.

Figura 2-17: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de ABPV.



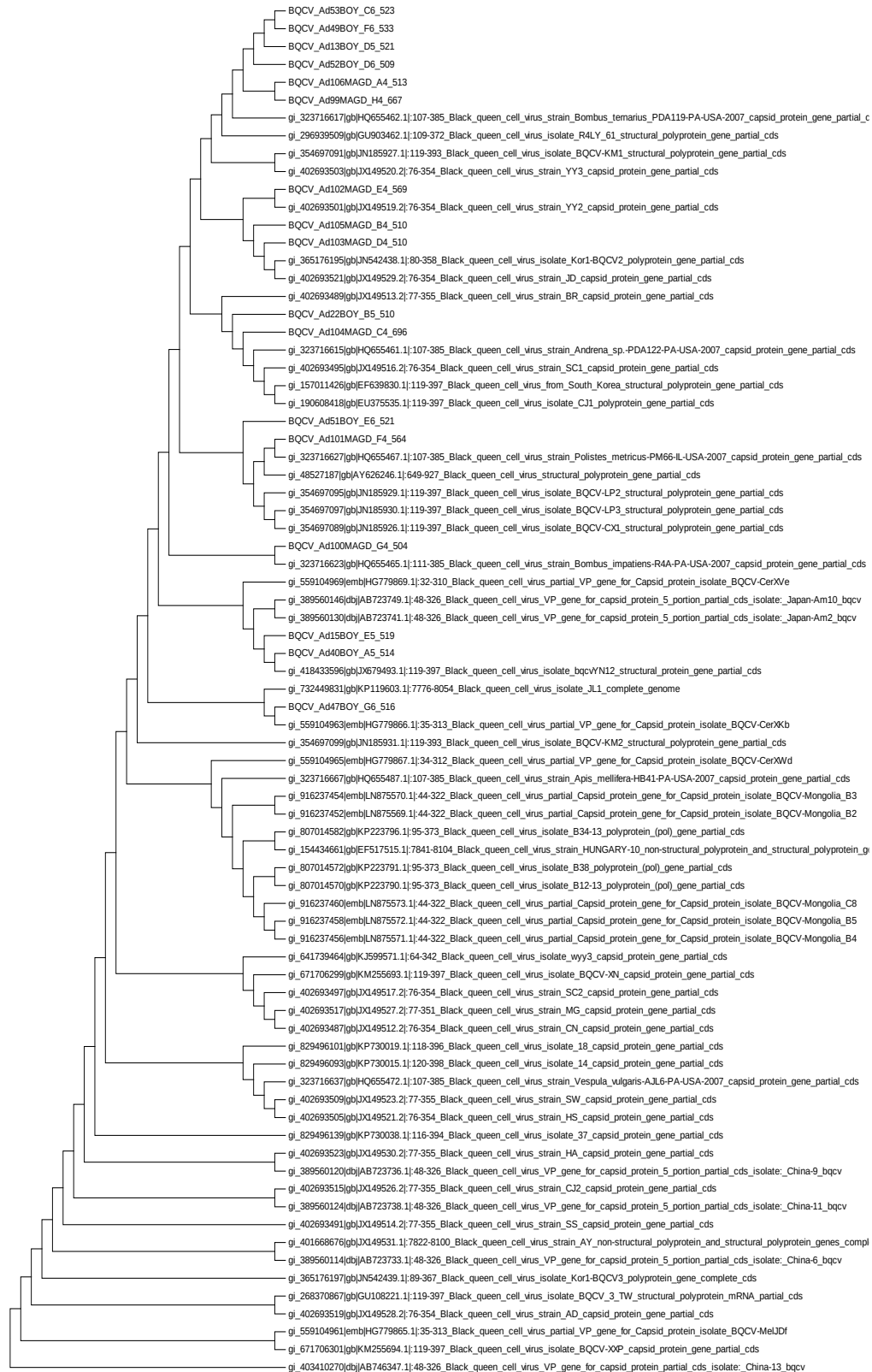
Filogenia realizada con un fragmento de 452 pb del gen de la ARN polimerasa (5271-5722 nc) (Tentcheva et al., 2004). Cada muestra del estudio se identifica con ABPV, seguido de un número, una abreviación del área de origen: BOY (Boyacá), SUC (Sucre), MAG (Magdalena) y un número interno asignado para cada archivo abi. Fuente: elaboración propia.

Figura 2-18: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de SBV.



Filogenia realizada con un fragmento de 340 pb del gen de la poliproteína no estructural (5307-5647 nc) (Kukielka et al., 2009). Cada muestra del estudio se identifica con SBV, seguido de un número, una abreviación del área de origen: BOY (Boyacá), SUC (Sucre), MAG (Magdalena) y un número interno asignado para cada archivo abi. Fuente: elaboración propia.

Figura 2-19: Árbol de distancias de Máxima Parsimonia de BQCV.



Filogenia realizada con un fragmento de 284 pb del gen de la poliproteína estructural (7933-8217 nc) (Kukielka et al., 2008). Cada muestra del estudio se identifica con BQCV, seguido de un número, una abreviación del área de origen: BOY (Boyacá), SUC (Sucre), MAG (Magdalena) y un número interno asignado para cada archivo abi.

Las secuencias de ABPV y SBV colombianas, fueron agrupadas en clusters, mientras que para BQCV y DWV, no tuvieron un patrón de agrupamiento distinguible y fueron virtualmente idénticas a las secuencias procedentes de diferentes lugares del mundo. El posible origen de las variantes virales encontradas en Colombia debe ser elucidado, sin embargo una limitante es la escasez de reportes de secuencias de países vecinos, donde también se encuentran híbridos africanizados, como Brasil, Argentina, Chile, Uruguay y México y aún de países europeos de la península Ibérica y de los Apeninos, como España, Portugal e Italia, de donde proceden los linajes europeos. Adicionalmente no hay control ni registros de importación de especímenes europeos al país y como se mencionó anteriormente tampoco hay estudios previos de enfermedades en las abejas de Colombia.

Para el caso de ABPV, las secuencias colombianas obtenidas de la amplificación de un fragmento del gen de la polimerasa, aunque tuvieron una alta homología con las secuencias reportadas, fueron agrupadas en un solo cluster, separadas de otros dos grandes grupos, uno conformado por aislados del Reino Unido y el otro por secuencias provenientes de otros países europeos: Slovenia, Dinamarca, Polonia, Dinamarca, Hungría y Francia; esta separación demuestra una divergencia de los virus locales con estos grupos. Una situación similar ocurrió con las secuencias colombianas de SBV, obtenidas de la amplificación del gen de la poliproteína no estructural; las cuales se agruparon en un solo cluster con alta homología entre ellas, pero separadas de otro gran cluster formado por las secuencias reportadas de otros países del mundo, principalmente de Korea, China, Lituania y Estados Unidos, indicando la divergencia, dada quizás por la adaptación los híbridos africanizados y a la separación geográfica.

En cuanto a la filogenia de secuencias colombianas de la glicoproteína de BQCV, se observó que no formaron un cluster, sino que se distribuyeron sin ningún patrón en particular, presentando alta homología con las demás secuencias, incluso con algunas obtenidas de especies de *Bombus*. Una filogenia similar se obtuvo con las secuencias de

la poliproteína de DWV, las cuales presentaron alta homología entre ellas y con las reportadas de los diferentes países, pero que tampoco presentaron un patrón de agrupamiento definido.

2.5 Discusión

Desde la introducción de las abejas europeas a América Latina, durante la conquista, este linaje ha sido parte de la apicultura en esta región, como en el caso de Colombia, sin embargo con la llegada de las abejas africanizadas a nuestro país en la década de los 70s, muchos apicultores desertaron de la actividad, principalmente por la alta defensividad de los híbridos africanizados, reduciéndose así la producción. No obstante, en los siguientes años y hasta hoy, los apicultores aprendieron a trabajar con los híbridos resultantes, argumentando que generan un mayor rendimiento en producción y se cree que son más resistentes a enfermedades. De otra parte, algunos apicultores continúan importando reinas europeas, pues según ellos confieren mayor producción y mansedumbre, pero otro sector afirma que su producción es menor y que con su introducción, podrían haber entrado al país agentes infecciosos que hoy día, afectan productiva y sanitariamente a la apicultura mundial (Sánchez et al., 2013)

Actualmente en nuestro país no hay ningún sistema de detección, información y valoración tanto a nivel oficial como privado, que permita determinar cuáles patógenos están presentes en Colombia y su impacto económico; así como tampoco se tiene certeza, de cuál es el grado de africanización de las abejas que se manejan productivamente en el país y si existe una relación entre la africanización y la presencia o ausencia de enfermedades. Por tal razón, el implementar técnicas diagnósticas sensibles y específicas como las moleculares, para detectar en el país las enfermedades infecciosas apícolas reportadas mundialmente, así como para establecer una posible relación de la prevalencia de virus, con las poblaciones africanizadas, constituye un primer paso hacia el mejoramiento de la productividad de la apicultura en Colombia.

Es de suma importancia el establecer esta relación de la presencia de virus en estos biotipos, pues se tiene la concepción que los híbridos africanizados son más resistentes a la infestación por *Varroa destructor* y por ende, al parecer son menos propensos a infecciones. Como se mencionó anteriormente los apiarios involucrados en este estudio

emplean abejas africanizadas y en éstos la prevalencia por *Varroa*, fue alta (92%), pero interesantemente el nivel de infestación fue bajo (4,6% en promedio). Adicionalmente, como se puede observar en la tabla 2-4, el 68% de las colmenas presentaron un IVA menor al 5%. Estos hallazgos son muy notorios, considerando que en estos apiarios no se aplican tratamientos acaricidas, lo cual es una costumbre en el territorio colombiano, en particular porque según los apicultores, las abejas toleran la infestación de *Varroa* y no se ven afectadas en morbilidad y mortalidad y en sus niveles de producción de miel y polen. El departamento de Magdalena, fue el que presentó el mayor IVA en promedio (6,1%) y a su vez, comparado con Boyacá y Sucre, fue el que tuvo el mayor porcentaje de colmenas con un IVA mayor al 5, 10 y 15%; interesantemente en este departamento fue donde se halló la mayor prevalencia de ABPV, BQCV y SBV; y la segunda de DWV (más alta en Boyacá). En contraste, Sucre presentó el menor número de muestras (20%) con un IVA mayor al 5% y a su vez fue el que registró las menores prevalencias de los 4 virus. Estos datos son muy interesantes, pues muestran una correlación entre niveles de IVA superiores al 5% de IVA y la prevalencia de virus.

Tabla 2-4: Correlación entre la prevalencia de *Varroa*, el índice de infestación (IVA) y la prevalencia de virus.

Departamento	Prev. Varroa %	IVA %	% de muestras IVA >5%	Prev. DWV %	Prev. ABPV %	Prev. SBV %	Prev. BQCV %
Boyacá	89	4	24	28	4	11	22
Magdalena	96	6.1	53	21	14	51	27,5
Sucre	90	3.7	20	7	3	2,5	0,8
Promedio en los tres dptos	92	4,6	32	19	7,2	21	17

Fuente: Elaboración propia.

En las colmenas de las tres regiones, se detectó la presencia de cuatro virus, cuyas prevalencias fueron: DWV 19%, ABPV 7.2%, SBV 21% y BQCV 17%; éstos porcentajes son aparentemente más bajos comparados con las prevalencias reportadas en otros países de Sur América (Antúnez et al., 2005 and 2015; Freiberg et al., 2012; Reynaldi et al., 2010; Rodríguez et al., 2014, Texeira et al., 2008;) (Tabla 2-4). Estos datos son muy

significativos, considerando que este estudio involucró un gran número de colmenas y a su vez, comparado con estos países, Colombia tiene el número más bajo de éstas, representando un 10%, con respecto a esas naciones. Adicionalmente durante el muestreo, no se evidenciaron síntomas de enfermedad, relacionados con los virus detectados.

Tabla 2-5: Reportes de prevalencia de virus en algunos países de Suramérica comparados con el actual estudio.

País	Uruguay	Brasil	Argentina	Chile	Uruguay	Colombia
Año	2006	2008	2010	2014	2015	2016
# colmenas	52	192	61	60	40	491
ABPV	9%	27%	16,3%	2%	95%	7,2%
BQCV	0%	37%	0%	10%	84%	17%
DWV	100%	20,3%	0%	42%	95%	19%
SBV	100%	1 apiario (2012)**	14,7%	0%	Mayoría de apiarios*	21%
CBPV	47%	0	26,2%	No buscado	No buscado	0%
IAPV	No buscado	Detectado en 2012**	Detectado en 2011**	No buscado	0%	0%
KBPV	0%	0%	No buscado	No buscado	No buscado	0%

*Reportado sin porcentaje numérico **Recientemente publicado. Fuente: elaboración propia.

En esta investigación no se detectaron los virus de parálisis Israelí, parálisis de Kashmir, ni de parálisis crónica (IAPV, KPV, CBPV). Estos resultados son similares a lo que inicialmente se encontró en los otros países de Sur América, aunque recientemente en Argentina y Brasil, la presencia de IAPV fue detectada (Reynaldi et al.; 2011; Texeira et al., 2012).

Acerca de la comparación entre la apicultura basada en híbridos africanizados y otros sistemas, interesantemente en países como Estados Unidos y de Europa, donde otra clase de abejas son empleadas en polinización comercial, los virus patogénicos como DWV han incrementado su prevalencia y su virulencia, tanto en poblaciones manejadas como en silvestres, cambiando de infecciones inaparentes a manifiestas, con mortalidades

de las colmenas; por ejemplo, de acuerdo a Wilfert et al., (2016), hay una pandemia global de DWV, mediada por poblaciones de abejas europeas y amplificada por el traslado de colmenas, de materiales infectados y adicionalmente por la presencia de *V. destructor*. Sin embargo se necesitan más estudios con el fin de determinar la prevalencia de estos virus y su correlación con los niveles de *Varroa*.

Uno de estos estudios en este aspecto, fue publicado por Locke, Forsgren y Miranda (2014), quienes correlacionaron la carga viral por RT-PCR en tiempo real de DWV, SBV y BQCV con los niveles de infestación de *Varroa* en dos poblaciones de abejas europeas ubicadas en la isla de Gotland en Suecia: una naturalmente resistente a *Varroa* y otra susceptible. Los hallazgos indican que la población resistente a los ácaros, aunque tenía niveles similares de DWV, tenía menores cargas virales de SBV y de BQCV; y a su vez lograron sobrevivir al otoño, mientras que la población susceptible pereció.

Acerca de la resistencia natural contra los virus en abejas africanizadas, comparadas con las abejas europeas, pocos estudios se han reportado; tan solo recientemente Mendoza et al., (2014), en su investigación hecha en abejas colectadas en Uruguay, determinó que poblaciones africanizadas tenían un nivel de infección de BQCV menor que las poblaciones europeas y que a su vez eran más grandes y más productivas. En otro estudio, realizado por Hamiduzzaman et al., (2015) se estableció que una población de abejas africanizadas, parasitadas con *Varroa* (grupo experimental de México), tenía menores niveles relativos de replicación de BQCV y de DWV, comparado con una población de abejas europeas (grupo experimental de Canadá). Los autores sugieren que la resistencia natural de las abejas africanizadas a *Varroa*, puede también estar relacionada con una posible resistencia al virus.

Nuestros resultados son concordantes con los datos obtenidos de estos estudios, pues también se encontró una relativa baja prevalencia de virus en las poblaciones africanizadas en las tres regiones y una baja infestación de *Varroa*. Estos hallazgos junto con la práctica de no emplear acaricidas en estos apiarios y la aparente ausencia de síntomas de enfermedades virales, sugiere que las abejas de nuestro país pueden haber desarrollado un proceso de resistencia natural contra *Varroa* y por ende una baja carga viral de patógenos transmitidos por éste ectoparásito. Este proceso puede haberse desarrollado

en razón a que la apicultura colombiana usa híbridos africanizados y a su vez el sistema de producción de miel y de polen, no es intensivo y la práctica de polinización de cultivos con abejas es mínima, esto resulta en una baja movilidad de las colmenas a lugares distantes, lo cual disminuye la diseminación de patógenos. De otra parte, comparado con los otros países, la mayoría de apicultores en Colombia tiene un bajo número de colonias (no más de 200), distribuidas en diferentes apiarios, lo cual reduce el manejo intensivo de las colmenas.

En cuanto a las relaciones filogenéticas de las secuencias virales obtenidas, desafortunadamente no hay disponibles muchas secuencias reportadas en las bases de datos, provenientes de otros países Suramericanos, como Brasil, de donde provinieron los híbridos africanizados que llegaron a Colombia, de igual forma tampoco se dispone de secuencias de naciones del Mediterráneo, como España, Italia o Portugal, de donde procedieron los ejemplares de abejas europeas que fueron traídas al país desde el inicio de la apicultura y que se han importado en los últimos años. Esta situación hace que no se pueda determinar un posible origen de los virus detectados en este estudio y tampoco establecer relaciones filogenéticas con aislados de esos países; adicionalmente es de anotar que para tal efecto, es muy importante el emplear los mismos genes que se han utilizado por otros autores o mejor aún el involucrar varios genes. A manera de ejemplo, en el caso de ABPV, sí se han reportado secuencias de Brasil, Chile y Uruguay, pero corresponden al gen de la cápside viral, lo cual impide su comparación con las secuencias de la polimerasa del presente estudio.

Por tanto para verificar la dinámica y la prevalencia de estos virus y su correlación con los ácaros, se necesitan más estudios en estas tres regiones y en otras zonas de Colombia, enfocadas a determinar las cargas virales y establecer sus relaciones con los diferentes niveles de infestación por *Varroa*, al igual que implementar programas de monitoreo para detectar síntomas de la enfermedad.

Finalmente debe notarse que a pesar de los mecanismos de defensa natural, las abejas pueden ser afectadas por patógenos que llegan a los apiarios, por migración, venta y transferencia de colmenas y de reinas infectadas o por uso de equipo contaminado. Esta situación se ha incrementado por la globalización, que ha permitido que todos estos

elementos puedan ser transportados a grandes distancias y aún entre continentes, introduciendo enfermedades en lugares donde no se encontraban previamente.

Los hallazgos de este estudio pionero en Colombia, pueden ser empleados por los entes de gubernamentales del país, para la toma de decisiones en programas de salud y control apícola y en la implementación de planes de mejoramiento genético, para aumento de la competitividad de la apicultura nacional.

2.6 Agradecimientos

Los autores desean expresar sus más sinceros agradecimientos a Andrés Sánchez, Edgar Arias, Carlos Baez, Viviana Gamboa, Umberto Moreno y Rogelio Rodríguez por ayudar en la colecta y procesamiento de las muestras; de igual forma agradecer a las asociaciones de apicultores por proveer las muestras. También se agradece la colaboración de los doctores Jay Evans y Yudy Chen, del Bee Research Lab del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (Beltsville MD-USA) por suministrar asistencia científica y los controles positivos; de igual forma al doctor Nor Chejanovsky del Entomology Department, Volcani Center, Bet Dagan – Israel.

Este trabajo fue financiado por el Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación – COLCIENCIAS. Programa Nacional 202010018161: “Identificación de patógenos causantes de enfermedades en *Apis mellifera* e implementación de un plan de mejoramiento genético, basado en la selección de parentales con características sanitarias y productivas superiores, para aumento de la competitividad en tres regiones de Colombia”, El proyecto se denominó: “Identificación de patógenos y determinación de infestación por *Varroa destructor* en *Apis mellifera*, causantes de pérdidas económicas en la apicultura colombiana”

2.7 Bibliografía

Antúñez, K., D'Alessandro, B., Corbella, E., & Zunino, P. (2005). Detection of chronic bee paralysis virus and acute bee paralysis virus in Uruguayan honeybees. *Journal of invertebrate pathology*, 90(1), 69-72.

Antúñez, K., Anido, M., Branchiccela, B., Harriet, J., Campa, J., Invernizzi, C., ... & Zunino, P. (2015). Seasonal variation of honeybee pathogens and its association with pollen diversity in Uruguay. *Microbial ecology*, 70(2), 522-533.

Blanchard, P., Ribiere, M., Celle, O., Lallemand, P., Schurr, F., Olivier, V., ... & Faucon, J. P. (2007). Evaluation of a real-time two-step RT-PCR assay for quantitation of Chronic bee paralysis virus (CBPV) genome in experimentally-infected bee tissues and in life stages of a symptomatic colony. *Journal of virological methods*, 141(1), 7-13.

Chen, Y. P., Higgins, J. A., & Feldlaufer, M. F. (2005)a. Quantitative real-time reverse transcription-PCR analysis of deformed wing virus infection in the honeybee (*Apis mellifera* L.). *Applied and Environmental Microbiology*, 71(1), 436-441. (a)

Chen, Y., Pettis, J. S., & Feldlaufer, M. F. (2005)b. Detection of multiple viruses in queens of the honey bee *Apis mellifera* L. *Journal of invertebrate pathology*, 90(2), 118-121.

De Blas I, Ruiz-Zarzuela I, Bayot B, Ferreira Ch. (2008) Manual de Epidemiología Veterinaria. Unidad de Patología Infecciosa y Epidemiología. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Zaragoza. España. 2008. Ed. ReGABA.

De Jong, D., Roma, D. D. A., & Goncalves, L. S. (1982). A comparative analysis of shaking solutions for the detection of *Varroa jacobsoni* on adult honeybees. *Apidologie*, 13(3), 297-306.

De Miranda, J. R., Cordoni, G., & Budge, G. (2010). The acute bee paralysis virus–Kashmir bee virus–Israeli acute paralysis virus complex. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S30-S47.

De Miranda, J. R., & Genersch, E. (2010). Deformed wing virus. *Journal of Invertebrate Pathology*, 103, S48-S61.

Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC bioinformatics*, 5(1), 1.

Emsen, B., Hamiduzzaman, M. M., Goodwin, P. H., & Guzman-Novoa, E. (2015). Lower virus infections in *Varroa destructor*-infested and uninfested brood and adult honey bees (*Apis mellifera*) of a low mite population growth colony compared to a high mite population growth colony. *PloS one*, 10(2), e0118885.

Freiberg, M., De Jong, D., & Cox-Foster, D. (2013). First report of sacbrood virus in honey bee (*Apis mellifera*) colonies in Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 11(3), 3310-3314.

Genersch, E., Evans, J. D., & Fries, I. (2010). Honey Bee Disease Overview. 41st Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Warwick, Coventry, UK, 3-7 August 2008. In *Journal of Invertebrate Pathology* (Vol. 103, No. suppl. 1, pp. S1-S131). Elsevier Inc..

Govan, V. A., Leat, N., Allsopp, M., & Davison, S. (2000). Analysis of the complete genome sequence of acute bee paralysis virus shows that it belongs to the novel group of insect-infecting RNA viruses. *Virology*, 277(2), 457-463.

Hamiduzzaman, M. M., Guzman-Novoa, E., Goodwin, P. H., Reyes-Quintana, M., Koleoglu, G., Correa-Benítez, A., & Petukhova, T. (2015). Differential responses of Africanized and European honey bees (*Apis mellifera*) to viral replication following mechanical transmission or *Varroa destructor* parasitism. *Journal of invertebrate pathology*, 126, 12-20.

Hou, C., Rivkin, H., Slabezki, Y., & Chejanovsky, N. (2014). Dynamics of the presence of israeli acute paralysis virus in honey bee colonies with colony collapse disorder. *Viruses*, 6(5), 2012-2027.

Kukielka, D., Esperón, F., Higes, M., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2008). A sensitive one-step real-time RT-PCR method for detection of deformed wing virus and black queen cell virus in honeybee *Apis mellifera*. *Journal of virological methods*, 147(2), 275-281.

Kukielka, D., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2009). One-step real-time quantitative PCR assays for the detection and field study of Sacbrood honeybee and Acute bee paralysis viruses. *Journal of virological methods*, 161(2), 240-246.

Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, msw054.

Locke, B., Forsgren, E., & de Miranda, J. R. (2014). Increased Tolerance and Resistance to Virus Infections: A Possible Factor in the Survival of *Varroa destructor*-Resistant Honey Bees (*Apis mellifera*). *PloS one*, 9(6), e99998.

Luna, J. M. (2005). Técnicas de colecta y preservación de insectos. *Boletín sociedad entomológica Aragonesa*, 37, 385-408.

Maori, E., Tanne, E., & Sela, I. (2007). Reciprocal sequence exchange between non-retroviruses and hosts leading to the appearance of new host phenotypes. *Virology*, 362(2), 342-349.

Mendoza, Y., Antúnez, K., Branchiccela, B., Anido, M., Santos, E., & Invernizzi, C. (2014). *Nosema ceranae* and RNA viruses in European and Africanized honeybee colonies (*Apis mellifera*) in Uruguay. *Apidologie*, 45(2), 224-234.

Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford university press.

Reynaldi, F. J., Sguazza, G. H., Pecoraro, M. R., Tizzano, M. A., & Galosi, C. M. (2010). First report of viral infections that affect argentine honeybees. *Environmental microbiology reports*, 2(6), 749-751.

Reynaldi, F. J., Sguazza, G. H., Tizzano, M. A., Fuentealba, N., Galosi, C. M., & Pecoraro, M. R. (2011). First report of Israeli acute paralysis virus in asymptomatic hives of Argentina. *Rev Argent Microbiol*, 43, 84-6.

Ribière, M., Triboulot, C., Mathieu, L., Aurières, C., Faucon, J. P., & Pépin, M. (2002). Molecular diagnosis of chronic bee paralysis virus infection. *Apidologie*, 33(3), 339-352.

Ribiere, M., Lallemand, P., Iscache, A. L., Schurr, F., Celle, O., Blanchard, P., ... & Faucon, J. P. (2007). Spread of infectious chronic bee paralysis virus by honeybee (*Apis mellifera* L.) feces. *Applied and environmental microbiology*, 73(23), 7711-7716.

Ribière, M., Olivier, V., & Blanchard, P. (2010). Chronic bee paralysis: A disease and a virus like no other?. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S120-S131.

Rodríguez, M., Vargas, M., Antúnez, K., Gerding, M., Ovidio Castro, F., & Zapata, N. (2014). Prevalence and phylogenetic analysis of honey bee viruses in the Biobío Region of Chile and their association with other honey bee pathogens. *Chilean journal of agricultural research*, 74(2), 170-177.

Rosenkranz, P., Aumeier, P., & Ziegelmann, B. (2010). Biology and control of *Varroa destructor*. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S96-S119.

Sambrook, J., & Russell, D. W. (2001). Molecular cloning: a laboratory manual 3rd edition. *Coldspring-Harbour Laboratory Press, UK*.

Sánchez, O. A., Castañeda, P. C., Muños, G., & Tellez, G. (2013). Aportes para el análisis del sector apícola Colombiano. *Journal of Agricultural science and Technology*, 2(4), 469-483.

Stoltz, D., Shen, X. R., Boggis, C., & Sisson, G. (1995). Molecular diagnosis of Kashmir bee virus infection. *Journal of apicultural research*, 34(3), 153-160.

Strauss, U., Human, H., Gauthier, L., Crewe, R. M., Dietemann, V., & Pirk, C. W. (2013). Seasonal prevalence of pathogens and parasites in the savannah honeybee (*Apis mellifera scutellata*). *Journal of invertebrate pathology*, 114(1), 45-52.

Swofford, D. L., & Sullivan, J. (2003). Phylogeny inference based on parsimony and other methods using PAUP*. *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny*, cáp, 7, 160-206.

Tentcheva, D., Gauthier, L., Zappulla, N., Dainat, B., Cousserans, F., Colin, M. E., & Bergoin, M. (2004). Prevalence and seasonal variations of six bee viruses in *Apis mellifera*

L. and *Varroa destructor* mite populations in France. *Applied and environmental microbiology*, 70(12), 7185-7191.

Teixeira, E. W., & Chen, Y. Message, D., Pettis, J., Evans, JD (2008). Virus infections in Brazilian honey bees. *J. Invertebr. Pathol*, 99(1), 117-119.

Teixeira, E. W., Chen, Y. P., Message, D., Boncristiani, H. F., Pettis, J. S., & Evans, J. D. (2012). Israeli acute paralysis virus in Africanized honey bees in southeastern Brazilian Apiaries. *Journal of Apicultural Research*, 51(3), 282-284.

[USDA] United States Department of Agriculture. (2012). Colony Collapse Disorder CCD. [Citado 2015 sept 10]. Disponible en: www.ars.usda.gov/CCD.

vanEngelsdorp, D., Evans, J. D., Saegerman, C., Mullin, C., Haubruge, E., Nguyen, B. K., ... Pettis, J. S. (2009). Colony Collapse Disorder: A Descriptive Study. *PLoS ONE*, 4(8), e6481. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0006481>

Wilfert, L., Long, G., Leggett, H. C., Schmid-Hempel, P., Butlin, R., Martin, S. J. M., & Boots, M. (2016). Deformed wing virus is a recent global epidemic in honeybees driven by *Varroa* mites. *Science*, 351(6273), 594-597.

Yue, C., & Genersch, E. (2005). RT-PCR analysis of Deformed wing virus in honeybees (*Apis mellifera*) and mites (*Varroa destructor*). *Journal of General Virology*, 86(12), 3419-3424.

$$-r = -\frac{dW_c/dt}{W_c} = f(T_G) \cdot f(C_{H_2O}) \quad (2.1)$$

La edición de ecuaciones para textos editados en Microsoft Word, se realiza a través del editor de ecuaciones disponible en el menú “Insertar” en la opción “Ecuación”. Si edición se realiza en LaTeX, este programa tiene instrucciones propias para ello.

Para el manejo de cifras se debe seleccionar la norma según el área de conocimiento de la tesis o trabajo de investigación.

3. Determinación de los mitotipos de africanización de Abejas *Apis mellifera* en 6 departamentos de Colombia

Víctor Manuel Tibatá ^{ab*}, Edgar Arias ^a, Howard Junca ^{ac}, Miguel Corona ^d, Manuel F. Ariza ^a, Judith Figueroa ^a

Grupo AYNi – Ciencia y Tecnología Apícola. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia

^aUniversidad Nacional de Colombia –Bogotá Colombia Suramérica.

^bVM LAB Veterinary Molecular Diagnostics and Research, Bogotá, Colombia

^cRG Microbial Ecology Div. Ecogenomics & Holobionts | Microbiomas Foundation, Chia, Colombia

^dBee Research Lab – United States Department of Agriculture USDA Beltsville MD-USA

*Autor correspondiente: vmtibatar@unal.edu.co Teléfono: 57+3013688977

3.1 Resumen

La apicultura en Colombia ha contado desde sus inicios con linajes europeos, traídos por los colonizadores de América. Con la llegada en la década del 70 de las abejas africanizadas que escaparon accidentalmente en Brasil en los 50s, se dio inicio a un cruce genético natural de éstas con las abejas europeas manejadas y silvestres en el país. Hoy día se considera empíricamente que la gran mayoría de la apicultura del área continental de Colombia, es de tipo africanizado, aunque algunos apicultores continúan importando reinas europeas, para conferir mansedumbre. Puesto que los híbridos africanizados son indistinguibles de sus progenitores por análisis morfométrico, en el mundo la mayoría de estudios de determinación de africanización en abejas se hacen por genética molecular. En Colombia son pocos los estudios que se han hecho para caracterizar las poblaciones apícolas, por tal razón, en el presente estudio se

emplearon las técnicas de amplificación por PCR y secuenciación de un fragmento de la región intergénica de los genes de la citocromo oxidasa I y II (COI y COII) mitocondrial. Los resultados indicaron que las poblaciones de *Apis mellifera* de seis departamentos de Colombia: Antioquia, Huila, Cundinamarca, Magdalena, Sucre y Boyacá; poseen casi en su totalidad mitotipos de africanización (98,7%). Fueron encontrados 17 mitotipos africanizados (A): A1, A1b, A1e, A4, A11. A26, A26a, A26b, A26c, A26d, A29a, A30, A36, A39, A44, A46 y A47; y 2 correspondientes a mitotipos europeos (C): *ligística* y *cárnica*, que solo representaron el 1,3%. Estos resultados indican que en realidad la apicultura de estas áreas del país, es de tipo africanizado.

3.2 Introducción

La especie *Apis mellifera*, originalmente nativa de Europa, África y Asia, es la más empleada por todo el mundo para la producción de miel, polen, propóleo, jalea real y cera. *A. mellifera* incluye varias sub-especies, clasificadas en 5 linajes: Linaje 'C' (Grupo Carnica: *A. m. carnica* y *A. m. ligustica*); 'M' (abejas melíferas de Europa: *A. m. mellifera*, *A.m. iberica*, y *A. m. intermissa*); 'A' (Grupo Africano: *A. m. scutellata*, *A. m. capensis*, *A. m. lamarckii*, *A. m. litorea*, *A. m. dansonii*, y *A. m. unicolor*); 'Y' (abejas de Etiopia); y el grupo 'O' (abejas de Oriente que incluye *A. m. natolica*, *A. m. caucasica*, *A. m. syriaca*, *A. m. pomonella*, y *A. m. cypria*) (Szalanski y Magnus 2010).

A nivel molecular los 5 linajes de *A. mellifera* pueden identificarse sobre la base de marcadores de ADN nuclear y mitocondrial. En el mundo, la mayoría de estudios de determinación de africanización en abejas por genética molecular, han empleado la técnica de PCR-RFLP ó la secuenciación de la región del citocromo b (cyt b) del ADN mitocondrial (mtADN). Otra aproximación más robusta que las dos anteriores, la constituye la genotipificación por secuenciación de los genes de la citocromo oxidasa I y II (COI y COII) del ADN mitocondrial de *A. mellifera*, los cuales exhiben un alto grado de variación genética entre los diferentes linajes y por tanto se constituye en un marcador molecular ideal para detectar mitotipos que representan variaciones genéticas intraespecíficas. Este marcador se ha empleado para análisis genético por PCR RFLP, en poblaciones de abejas en Turquía (Solorzano et al., 2009); México (Kraus et al., 2007); Suramérica (Collet et al., 2006; Ferreira et al., 2009); Africa (Franck et al., 2001); y Australia (Chapman et al., 2008). En Estados Unidos de América, con

este estudio de caracterización mitocondrial, se determinó un total de 12 mitotipos, de los cuales dos, (A1 y A1d del linaje Africano), representaron el 77%, demostrando el alto grado de africanización de las poblaciones estudiadas (Szalanski y Magnus 2010).

En cuanto al tipo de abejas presentes en Colombia, la apicultura contó desde sus inicios con linajes europeos, traídos por los colonizadores de América y más tarde, a comienzos del siglo XIX por el sacerdote Remigio Rizardi. A comienzos del siglo XX, a través del Ministerio de Agricultura, se dio comienzo a la importación de abejas europeas y se inició el fomento de esta industria en nuestro país. En la década del 70 con la llegada a Colombia de las abejas africanizadas derivadas de *A. mellifera scutellata* que escaparon accidentalmente de Brasil, se dio inicio a un cruce genético natural de éstas con las abejas europeas manejadas en Suramérica; ante ésta situación muchos de los apicultores desertaron de la actividad, principalmente por la alta defensividad de las abejas africanizadas, reduciendo así el número de colmenas y por tanto la producción de miel (Francoy et al., 2009). No obstante, en los siguientes años y hasta hoy, los apicultores colombianos aprendieron a trabajar con los híbridos resultantes, argumentando que generan un mayor rendimiento en producción y se cree que son más resistentes a enfermedades; sin embargo algunos apicultores continúan importando reinas europeas, pues según ellos confieren mansedumbre, lo cual contribuiría a facilitar el manejo de las colmenas y a disminuir los problemas por ataques de híbridos africanizados (Sánchez et al., 2013).

Actualmente se considera que a pesar de la introducción de reinas europeas, la gran mayoría de la apicultura del área continental de Colombia, es de tipo africanizado y que solo en el área insular (departamento de San Andrés Islas) se manejan linajes europeos, puesto que los híbridos africanizados no han llegado a esos territorios. Sin embargo no hay muchos estudios en el área continental que permitan determinar los mitotipos de las poblaciones de abejas que se emplean en estos territorios. Existe un reporte previo realizado por Prada et al., (2009), pero no realizado con base en secuenciación, sino en el análisis de patrones de restricción (RFLP) de amplificadores de PCR, obtenidos de las regiones del ARN ribosomal 16S y de COI y COII del ADN mitocondrial. En dicho estudio se determinó que en las poblaciones estudiadas había un 87% del haplotipo africano, representado en 6 mitotipos: A1, A4, A26, A28, A29 Y

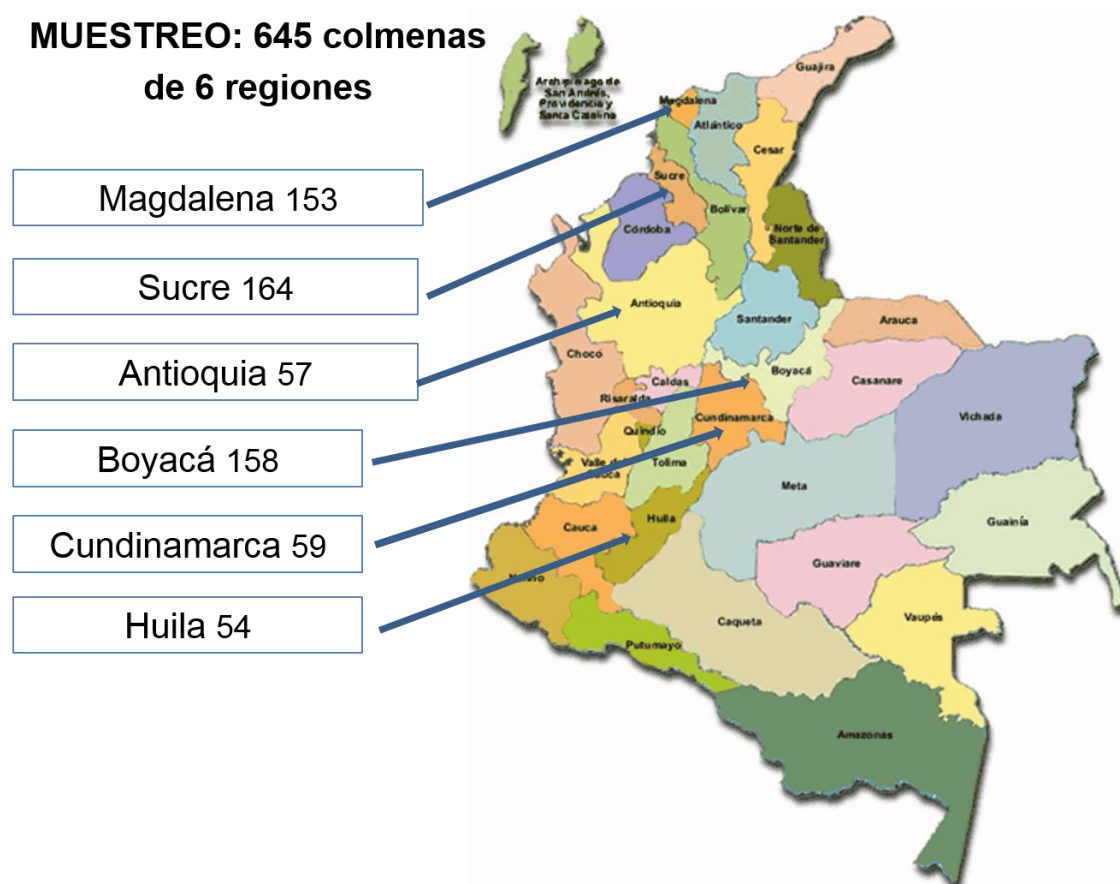
A30. Sin embargo, como se mencionó anteriormente, la técnica de RFLP, es más dispendiosa de realizar, de interpretar y por ende es más difícil de establecer relaciones filogenéticas, pues es baja su resolución, comparado con un análisis de similitud de secuencias. Por estas razones el objeto del presente estudio fue el de emplear técnicas de PCR y secuenciación, que permitieran determinar eficazmente los mitotipos presentes en un número de muestras representativas de una gran parte del país, a fin de confirmar el status genético de estas poblaciones de abejas y establecer relaciones filogenéticas. Dado que el nivel de africanización puede tener implicaciones en adaptabilidad, comportamiento y producción, así como en la incidencia y prevalencia de enfermedades en *A. mellifera*, este estudio es un primer paso para una comprensión fundamentada de estos aspectos en Colombia.

3.3 Metodología

3.3.1 Muestreo

Las muestras de abejas procedieron de apiarios pertenecientes a asociaciones de apicultores de seis departamentos del país: (1) Magdalena: 11 apiarios de la Asociación de Apicultores Conservacionistas de la Sierra Nevada de Santa Marta - APISIERRA. (2) Sucre: 13 apiarios de la Asociación Rural de Apicultores de Sucre - ARPA. (3) Boyacá: 15 apiarios de la Asociación de Apicultores de Boyacá - ASOAPIBOY. (4) Antioquia: Asociación de Apicultores de Betania - ASOAPIBE, (5) Huila: 3 apiarios de APISRED y (6) Cundinamarca: 6 apiarios de la Asociación de Fruticultores del Sumapaz (FRUTIPAZ). De las colmenas pertenecientes a las asociaciones de estos 6 departamentos, se muestrearon en total 645 colmenas: 153 colmenas de Magdalena, 164 de Sucre, 158 de Boyacá, 57 de Antioquia, 54 de Huila y 59 de Cundinamarca. Cada colmena fue seleccionada aleatoriamente dentro de cada apiario (Figura 3-1).

Figura 3-1: Muestreo en 6 departamentos de Colombia.



3.3.2 Método de extracción de ADN

Para este estudio se colectó una abeja adulta de cada una de las 645 colmenas seleccionadas y se sacrificaron por inhalación con acetato de etilo en cámara letal de acuerdo a estándares internacionales para el sacrificio de animales de experimentación (Márquez 2009); posteriormente se almacenaron en recipientes con etanol al 70%. Como controles de mitotipos de abejas europeas, se emplearon 12 abejas de este linaje, traídas desde Israel (4), Estados Unidos (4) y San Andrés Islas (4), preservadas en etanol al 70%.

La extracción de ADN, se realizó a partir del tórax de cada abeja, por el método de Fenol Cloroformo (Sambrook y Russell 2001). Brevemente: cada tórax fue lavado en tampón TE 1x y luego macerado con pistilos desechables y resuspendido en 500 uL de

solución tampón de lisis, más 10 uL de Proteinasa K (20 mg/ml), e incubado a 55°C por 12 horas. Se tomaron 500 uL del sobrenadante y se les añadieron 500 µL de una mezcla de fenol saturado (pH 8.0), cloroformo y alcohol isoamílico (25:24:1) y se mezcló con vortex; posteriormente se centrifugó a 12000 x g por 5 minutos. Se transfirió la fase acuosa a un nuevo vial y se le agregó un volumen de isopropanol más 1/10 del volumen de Acetato de Sodio 3 Molar. Se mezcló por inversión y se centrifugó a 12000 x g por 15 minutos. Se eliminó el isopropanol y se lavó el pellet con etanol 75%; Luego se centrifugó a 12000 x g por 5 minutos y se eliminó el etanol remanente. El ADN obtenido fue reconstituido en buffer TE 1X y se guardó en refrigeración a 4°C.

Con el fin de determinar la integridad y calidad del ADN obtenido, alícuotas de este material genético fueron cuantificadas por fluorometría (Qubit 2.0 Invitrogen) y varias muestras seleccionadas al azar, fueron visualizadas por medio de electroforesis en geles de agarosa, según la metodología descrita en Sambrook y Rusell (2001).

3.3.3 Amplificación de mitotipos por PCR

Una vez obtenidos los ADNs genómicos de las 645 abejas, se amplificó por PCR un fragmento de la región intergénica de los genes de la citocromo oxidasa I y II (COI y COII), con los iniciadores E2 (5'-GGC AGA ATAAGT GCA TTG-3') y H2 (5'-CAA TAT CAT TGATGA CC-3') (Garnery et al., 1993). El perfil de amplificación por PCR, consistió en un paso de denaturación de 94°C por 2 minutos, seguida por 35 ciclos de 94°C por 45 segundos, 46°C por 45 segundos y 72°C por 45 segundos; por último un paso de 72°C por 5 minutos. Con el fin de observar los tamaños de los amplificadores, se tomaron alícuotas de éstos y se visualizaron en electroforesis en gel de agarosa al 2%, en buffer TAE 1X y se compararon con el marcador GeneRuler de 100 pb (Thermo Scientific), en un transiluminador (Nyx Technik).

3.3.4 Secuenciación, determinación de mitotipos y análisis filogenético

Alícuotas de los amplificadores, fueron enviadas a secuenciar con el iniciador directo H2 (forward) por el método de Sanger en Macrogen (Korea del Sur). A fin de establecer la homología de las secuencias obtenidas con los mitotipos de *Apis mellifera* reportados en el GenBank, las secuencias de nucleótidos con un puntaje de calidad continua de

Phred >28, fueron utilizadas para el análisis en BLASTn (Basic Local Alignment Search Tool) del NCBI (National Center for Biotechnology Information. Bethesda, MD, USA), con los parámetros en default para nr/nt, con secuencias de alta similaridad (megablast) <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>.

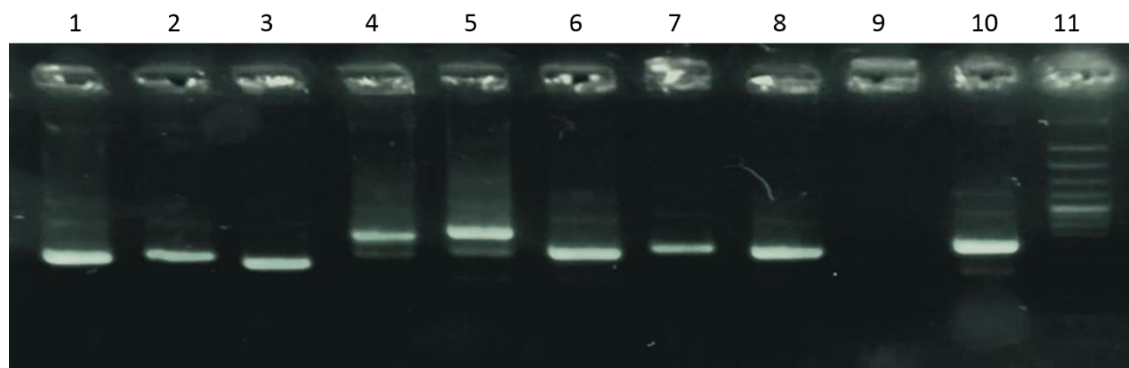
Para representar las relaciones filogenéticas estimadas de las secuencias intergénicas COI-COI obtenidas, las secuencias colombianas con tamaño superior a 400 pares de bases fueron alineadas en conjunto con las secuencias depositadas en las bases de datos de mitotipos de referencia, utilizando el programa ClustalW (Thompson, Gibson y Higgins, 2002), con parámetros por defecto, tanto para alineamiento de secuencias de ADN como para cálculo de árbol de distancias. Después de un primer alineamiento, éste se editó extrayendo un bloque con información común entre todas las secuencias obtenidas y las de referencia; esa base de datos de secuencias fue nuevamente alineada y a partir de dicho resultado se calculó el árbol de distancia por el método Neighbor Joining (NJ) con un bootstrap de 1000. El árbol resultante fue editado en el programa de visualización de MEGA (Tamura et al., 2013). Las secuencias alineadas se encuentran en material anexo.

3.4 Resultados

3.4.1 Amplificación por PCR

Se obtuvieron amplificaciones a partir de las 645 muestras. En razón a que ésta región es polimórfica en secuencia y en tamaño entre los diferentes linajes, se obtuvieron fragmentos de longitud variable (entre 600 a 1000 pares de bases), en las diferentes muestras (Figura 3-2).

Figura 3-2: Electroforesis en gel de agarosa de productos de PCR de la región intergénica de COI-COI, de algunas muestras de *A. mellifera* de Colombia.



Gel de agarosa al 2%, en buffer TAE 1X. Carriles 1 al 8: Amplificados de muestras de *A. mellifera*, carril 9 control negativo; carril 10 control positivo; carril 11 marcador GeneRuler de 100 pb (Thermo Scientific), la banda más intensa es de 1000 pb (Fuente: Elaboración propia).

3.4.2 Secuenciación y determinación de mitotipos

El análisis del alineamiento local en Blast de las 645 secuencias en la base de datos de GenBank, permitió definir que en los apiarios de las cinco regiones en estudio, están presentes 17 mitotipos africanizados (A): A1, A1b, A1e, A4, A11. A26, A26a, A26b, A26c, A26d, A29a, A30, A36, A39, A44, A46 y A47; y 2 correspondientes a mitotipos europeos (C): *A. m. ligústica* y C1. El soporte de las secuencias y sus alineamientos puede ser verificado en el anexo de Blast de GenBank. En cuanto a la frecuencia, los mitotipos más prevalentes comprendieron el 93%, compuestos de A1e (31,9%), A26a (23,1%), A1 (19,8%), A4 (12,4%), A26d 4% y A26c (2,2%). Los restantes 11 mitotipos africanizados, comprendieron el 5,3%, con porcentajes individuales que variaron entre el 0,1% y el 0,8%. Al sumar todos estos mitotipos, se determinó que el 98,7% de las muestras correspondieron al linaje africanizado, mientras que solo el 1,3% (11 muestras) correspondieron al linaje europeo; 7 correspondieron a la subespecie *cárnica* con el mitotipo C1: 4 muestras procedieron de Huila y 3 de Cundinamarca. Las 4 muestras que correspondieron a la subespecie *ligústica*, procedieron de 3 apiarios del departamento del Huila (Tabla 3-1 y Figura 3-3).

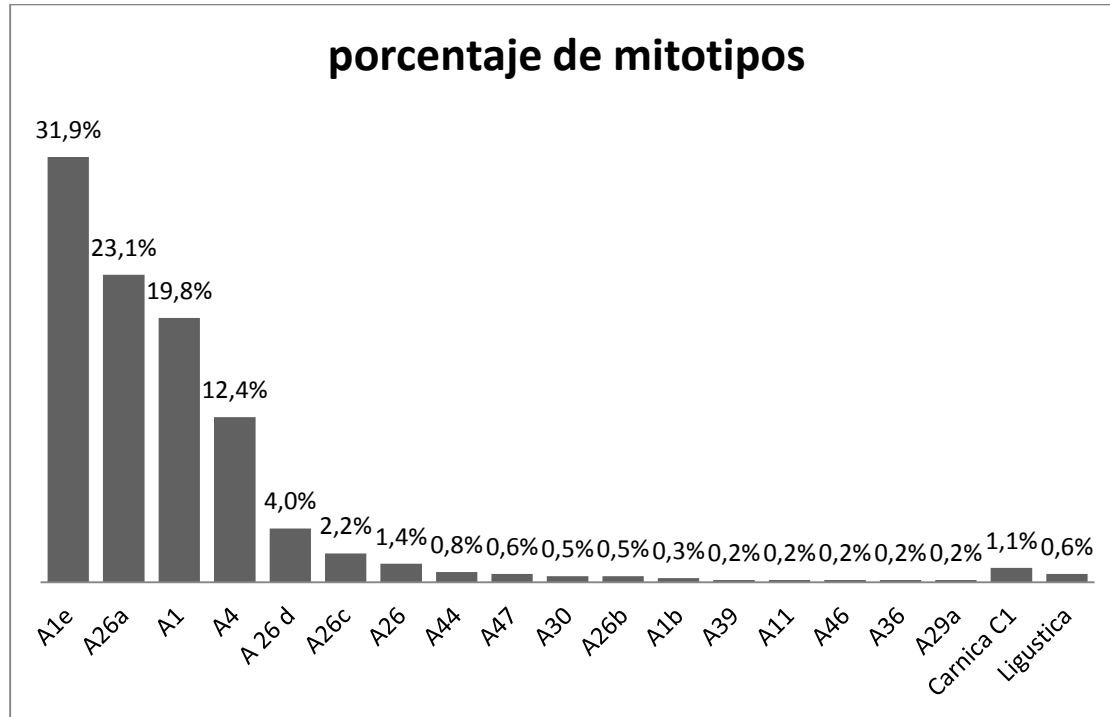
En cuanto a los controles de mitotipos europeos obtenidos de abejas traídas de San Andrés Islas, Estados Unidos e Israel; se obtuvieron los siguientes resultados: 4 muestras de San Andrés Islas: C1: (Cárnica), 4 muestras de Estados unidos: C11 (Cárnica) y 4 muestras de Israel: *ligústica*.

Tabla 3-1: Frecuencia de mitotipos obtenidos en los 6 departamentos de Colombia.

MITOTIPO	Boyacá	Magdal	Sucre	Antioq	Huila	C/marca	TOTAL	porcentaje
A1e	24	25	73	35	25	24	206	31,9%
A26a	48	52	5	17	13	14	149	23,1%
A1	48	22	43		3	12	128	19,8%
A4	18	29	30	1	2		80	12,4%
A 26 d	5	7	7	2	1	4	26	4,0%
A26c	7	3	1	1		2	14	2,2%
A26	5	4					9	1,4%
A44		5					5	0,8%
A47		1	2		1		4	0,6%
A30	1	2					3	0,5%
A26b		2	1				3	0,5%
A1b	1		1				2	0,3%
A39			1				1	0,2%
A11	1						1	0,2%
A46		1					1	0,2%
A36					1		1	0,2%
A29a				1			1	0,2%
Carnica C1					4	3	7	1,1%
Ligustica					4		4	0,6%
TOTAL	158	153	164	57	54	59	645	

Fuente: Elaboración propia.

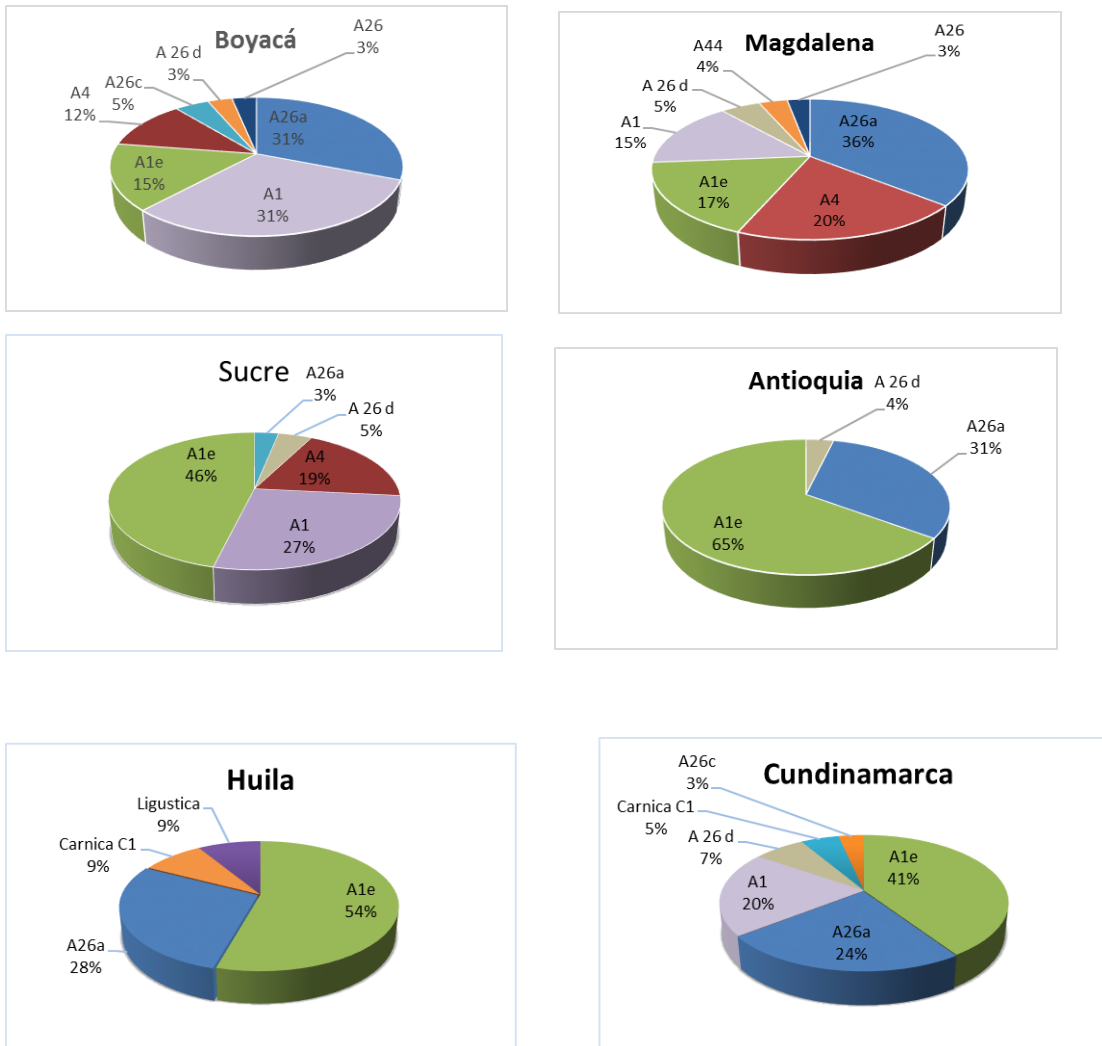
Figura 3-3: Frecuencia de mitotipos en total en los 6 departamentos.



Fuente: Elaboración propia.

En cuanto a la determinación de los mitotipos más prevalentes en los apiarios muestreados en cada región, el A1e fue el más prevalente en 4 de las 6 regiones, sin embargo en Boyacá y Magdalena, el de mayor frecuencia fue el A26a; adicionalmente estas regiones fueron las que contaron con más variedad de mitotipos (10 y 12 respectivamente). Como se mencionó anteriormente, los mitotipos europeos fueron hallados únicamente en tres apiarios de Huila y uno de Cundinamarca (18% y 5% respectivamente). En los apiarios muestreados de las otras 4 regiones: Boyacá, Magdalena, Sucre y Antioquia, el 100% de las muestras correspondieron a mitotipos africanizados (Figura 3-4).

Figura 3-4. Frecuencia de mitotipos en cada uno de los departamentos.



Fuente: Elaboración propia.

3.4.3 Análisis filogenético

Los resultados de las relaciones entre las secuencias de los amplicones de la región intergénica de COI-COII, obtenidas de los especímenes de abejas recolectadas en los 6 departamentos, muestran que la gran mayoría de las secuencias fueron altamente relacionadas con el mitotipo A de origen africano. Dentro del gran cluster de mitotipos africanizados, se identificó una variabilidad entre grupos dentro del país, pero que representan la homología con cada uno de los mitotipos y submitotipos africanizados. La minoría de secuencias colombianas del linaje europeo, se agruparon con los mitotipos de ese continente (Figura 3-5).

esta actividad agropecuaria cada día cobra más importancia económica en el país (Sánchez., et al 2013). A pesar de este crecimiento, no existe ningún sistema de información que permita determinar el estatus real de esta industria, según algunos productores este crecimiento ha sido posible gracias a los rendimientos productivos de la apicultura africanizada; sin embargo, los problemas asociados a los ataques de los híbridos africanizados, han hecho que algunos apicultores continúen importando reinas europeas, desde otros países o incluso desde el territorio insular de Colombia: San Andrés Islas; este departamento es el único que conserva su apicultura con abejas europeas. Aunque la introducción de estos núcleos europeos, ha sido encaminada principalmente a conferir mansedumbre, no son muchos los apicultores que las emplean, pues en su gran mayoría continúan trabajando con los híbridos africanizados, incluso con la captura de enjambres silvestres. Esta situación ha hecho que la mezcla genética de los apiarios sea cada vez más diversa, sin embargo hoy en día no se cuenta con un registro preciso de las importaciones, ni de la caracterización del material genético con el que se cuenta.

Como se mencionó anteriormente, el único trabajo de caracterización de mitotipos que se había realizado, antes fue el de Prada et al., (2009), quienes efectuaron un análisis de patrones de restricción (RFLP) de amplificadores de PCR, obtenidos de las regiones del ARN ribosomal 16S y de COI y COII del ADN mitocondrial. Este estudio reveló que las poblaciones estudiadas de 5 departamentos, había un 87% del haplotipo africano, representado en 6 mitotipos: A1, A4, A26, A28, A29 y A30. Estos resultados comparados con los de éste estudio actual basados en secuenciación, permiten comprobar que ahora fueron detectados más mitotipos (17) que en ese entonces.

Es probable que este menor número de mitotipos, sea debido a que la técnica de RFLP, es más difícil de interpretar y que por ende no haya permitido detectar más variedad; sin embargo se debe tener en cuenta que han pasado 6 años de ese estudio. No obstante en el estudio de mitotipos de Estados Unidos, realizado por Szalanski y Magnus en 2010, con la técnica de secuenciación permitió obtener 12 mitotipos, siendo este país uno de los últimos en ser colonizado por los híbridos africanizados, y por ende se esperaría que la variedad de mitotipos fuera más alta en Colombia. Estos autores sugieren que este hallazgo puede ser debido a la limitada resolución de la técnica de PCR-RFLP, que fue empleada en el estudio de Prada et al., (2009), al igual que otros realizados en México por

Kraus et al., (2007) y en Brasil y Uruguay por Collet et al., (2006), en donde también se hallaron poca variedad en mitotipos.

Interesantemente en el estudio norteamericano de los 12 mitotipos, 5 de ellos no fueron hallados en ninguno de estos países sudamericanos, ante lo cual Szalansky y Magnus (2010) argumentan que es debido al empleo de PCR-RFLP, en particular al uso de la enzima *Dra* I, la cual no permitiría la diferenciación de mitotipos de A1 y A 29, en sub mitotipos.

En el estudio de Prada et al., (2009), se detectó un 87% de mitotipos africanos, distribuidos en 6 mitotipos: A1, A4, A26, A28, A29 y A30; mientras que en el presente trabajo, se halló que la prevalencia de mitotipos africanizados fue más alta, del 98.7%, al igual que se detectaron 17 mitotipos, 11 más que en ese estudio: A1b, A1e, A11, A26a, A26b, A26c, A26d, A29a, A36, A39, A44, A46 y A47. El único mitotipo que no fue hallado en el presente trabajo fue el A28. Es de anotar que ese estudio fue realizado también en 6 departamentos, 5 de los cuales coincidieron con 5 de los que comprendieron el presente trabajo; el departamento diferente para ese caso, fue el Valle del Cauca, mientras que en este caso fue Antioquia. También es de resaltar que ese estudio solo cubrió 319 muestras, mientras que aquí se analizaron 645.

En cuanto a la presencia de mitotipos europeos en ese estudio, el 12,5% de esas muestras correspondieron al tipo *ligustica*, mientras que aquí, se obtuvo un 1,3 %, representados en 7 muestras del mitotipo *cárnica* y 4 de *ligústica*. La descripción de éstos dos mitotipos, correspondieron exactamente con lo declarado por los apicultores dueños de esas colmenas, pues ellos manifestaron que empleaban reinas europeas; estos apiarios estaban ubicados en Cundinamarca y Huila. Es de anotar que el mitotipo *cárnica*, coincide con el origen de ese material genético, pues fueron traídos de San Andrés Islas, de donde también se obtuvieron dos controles de abejas europeas, y que también presentaron el mismo mitotipo.

En cuanto a la comparación de los mitotipos hallados en Colombia, con respecto a Estados Unidos, en el país se encontraron más mitotipos (17), que en USA (12), de los cuales solamente 2 no fueron detectados en el país, pero sí estuvieron presentes en Norteamérica: A1a y A1d. Este último fue el más prevalente en ese país, contando con el

53,4% de las 172 muestras analizadas allí. Interesantemente 10 mitotipos fueron hallados en los dos países A1, A1e, A4, A26, A26a, A26b, A26c, A26d, A29a y A30. Coincidentemente la mayoría de estos mitotipos fueron los de mayor frecuencia en ambos países. Los 7 mitotipos detectados en Colombia que no fueron hallados en USA fueron: A1b, A11, A36, A39, A44, A46 y A47.

El mayor número de mitotipos africanizados obtenidos en Colombia, comparados con USA, concuerdan con la idea de que se han presentado un mayor número de introgresiones de híbridos africanos derivados de *Apis mellifera scutellata*, en razón a que Colombia está más cerca a Brasil, donde originalmente se diseminó este linaje, tras su escape accidental. Quizás, entre los factores que ha permitido la expansión de los híbridos africanizados en el país, ha sido la variedad climática y de flora que les ofrece un hábitat ideal para su desarrollo. De otra parte, el hecho de que la gran mayoría de los apicultores mantienen y reproducen sus colmenas con híbridos africanizados, aumenta su diseminación y adicionalmente muchos de ellos atrapan enjambres de vida silvestre para aumentar su pie de cría y de esta forma aumentar sus ingresos. Otro factor determinante en la expansión de los híbridos africanizados, lo constituye la aparición de *Varroa destructor* en la década de los 80s del siglo pasado, pues como es sabido los linajes europeos son más susceptibles a este parasitismo, lo cual diezmó su población en el continente americano y en este caso sucedió lo mismo en Colombia. Según Pinto et al., (2004 y 2005), el reemplazo de las poblaciones de abejas europeas en Texas, por híbridos africanizados, fue coincidente con el arribo de *Varroa* a ese país y con grandes pérdidas de colmenas europeas. En el caso de Colombia, la *Varroa* está presente en todo el territorio Colombiano, excepto en San Andrés Islas, en donde la población de abejas, aún es netamente Europea. Esta situación refuerza la idea de que la *Varroa* fue determinante en la selección de las poblaciones africanizadas y la declinación de las europeas.

El gran número de muestras analizadas, junto con la técnica de secuenciación empleada, permiten tener resultados confiables respecto a la situación actual de la apicultura en Colombia, pues a pesar de la introducción de reinas europeas a apiarios africanizados, todo parece indicar que la introgresión de los híbridos africanizados es un fenómeno dominante y que por ende es posible afirmar que la apicultura de estas áreas del país, es de tipo africanizado y que quizás es el reflejo de la situación en todo el área continental de

Colombia. Estos hallazgos podrán ser empleados en futuros estudios de genotipificación en otras zonas del país, así como en estudios de asociación entre la africanización y una posible resistencia natural de estos híbridos hacia parásitos como *Varroa* y la prevalencia de virus y otros patógenos.

3.6 Agradecimientos

Los autores desean expresar sus más sinceros agradecimientos a Judith Figueroa, Andrés Sánchez, Carlos Baez, Umberto Moreno y Rogelio Rodríguez por ayudar en la colecta y procesamiento de las muestras; de igual forma agradecer a las asociaciones de apicultores por proveer las muestras. También se agradece la colaboración de los doctores Jay Evans y Yudy Chen, del Bee Research Lab del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (Beltsville MD-USA) por suministrar asistencia científica; de igual forma al doctor Nor Chejanovsky del Entomology Department, Volcani Center, Bet Dagan – Israel, por sus excelentes aportes científicos.

Este trabajo fue financiado por la División de Investigaciones – Sede Bogotá de la Universidad Nacional de Colombia, bajo la convocatoria de apoyo a tesis de posgrados.

3.7 Bibliografía

Chapman, N. C., Lim, J., & Oldroyd, B. P. (2008). Population genetics of commercial and feral honey bees in Western Australia. *Journal of economic entomology*, 101(2), 272-277.

Collet, T., Ferreira, K. M., Arias, M. C., Soares, A. E. E., & Del Lama, M. A. (2006). Genetic structure of Africanized honeybee populations (*Apis mellifera* L.) from Brazil and Uruguay viewed through mitochondrial DNA COI–COII patterns. *Heredity*, 97(5), 329-335.

Ewing, B., Hillier, L., Wendl, M. C., & Green, P. (1998). Base-calling of automated sequencer traces using Phred. I. Accuracy assessment. *Genome research*, 8(3), 175-185.

Ferreira, K. M., e Silva, O. L., Arias, M. C., & Del Lama, M. A. (2009). Cytochrome-b variation in *Apis mellifera* samples and its association with COI–COII patterns. *Genetica*, 135(2), 149-155.

Franck, P., Garnery, L., Loiseau, A., Oldroyd, B. P., Hepburn, H. R., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (2001). Genetic diversity of the honeybee in Africa: microsatellite and mitochondrial data. *Heredity*, 86(4), 420-430.

Francoy, T. M., Wittmann, D., Steinhage, V., Drauschke, M., Müller, S., Cunha, D. R., ... & Arias, M. C. (2009). Morphometric and genetic changes in a population of *Apis mellifera* after 34 years of Africanization. *Genet. Mol. Res*, 8(2), 709-717.

Garnery, L., Solignac, M., Celebrano, G., & Cornuet, J. M. (1993). A simple test using restricted PCR-amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera* L. *Experientia*, 49(11), 1016-1021.

Johnson, M., Zaretskaya, I., Raytselis, Y., Merezuk, Y., McGinnis, S., & Madden, T. L. (2008). NCBI BLAST: a better web interface. *Nucleic acids research*, 36(suppl 2), W5-W9.

Prada Q, C. F., Duran, J. T., Salamanca G, G., & Del Lama, M. A. (2009). Population genetics of *Apis mellifera* L.(Hymenoptera: Apidae) from Colombia. *Journal of apicultural research*, 48(1), 3-10.

Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, msw054.

Márquez Luna Juan. Técnicas de colecta de insectos. Boletín Sociedad Entomológica Aragonesa, n1 37 (2005): 385 – 408.

Pinto, M. A., Rubink, W. L., Coulson, R. N., Patton, J. C., & Johnston, J. S. (2004). Temporal pattern of Africanization in a feral honeybee population from Texas inferred from mitochondrial DNA. *Evolution*, 58(5), 1047-1055.

Pinto, M. A., Rubink, W. L., Patton, J. C., Coulson, R. N., & Johnston, J. S. (2005). Africanization in the United States replacement of feral european honeybees (*Apis mellifera* L.) by an African hybrid swarm. *Genetics*, 170(4), 1653-1665.

Prada Q, C. F., Duran, J. T., Salamanca G, G., & Del Lama, M. A. (2009). Population genetics of *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) from Colombia. *Journal of apicultural research*, 48(1), 3-10.

Sambrook JJ and Rusell DW. Molecular Cloning. A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press 2001.

Sánchez, O. A., Castañeda, P. C., Muños, G., & Tellez, G. (2013). Aportes para el análisis del sector apícola Colombiano. *Journal of Agricultural science and Technology*, 2(4), 469-483.

Solorzano, C. D., Szalanski, A. L., Kence, M., McKern, J. A., Austin, J. W., & Kence, A. (2009). Phylogeography and population genetics of honey bees (*Apis mellifera*) from Turkey based on COI-COII sequence data. *Sociobiology*, 53(1), 237.

Szalanski AL, Magnus RM. 2010. Mitochondrial DNA characterization of Africanized honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from the USA. *Journal of Apicultural Research*. Bee World 49 (2): 177-185.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S. (2013). MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and evolution*, 30(12), 2725-2729.

Thompson, J. D., Gibson, T., & Higgins, D. G. (2002). Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Current protocols in bioinformatics*, 2-3.

4. Primer reporte de la presencia de *Melissococcus plutonius* y de la ausencia de *Paenibacillus larvae* en un muestreo a gran escala en apicultura colombiana

Víctor Manuel Tibatá^{a,b*}, Howard Junca^{a,c}, Andrés Sánchez^a, Fernando Ariza Botero^a, Judith Figueroa^a

^aGrupos de Investigación AYNI – Ciencia y Tecnología Apícola y Genética Molecular Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia –Bogotá, Colombia

^bVM LAB Veterinary Molecular Diagnostics and Research, Bogotá, Colombia

^cRG Microbial Ecology, Div. Ecogenomics & Holobionts | Microbiomas Foundation, Chia, Colombia

*Autor correspondiente: vmtibatar@unal.edu.co Phone: 57+3013688977

Palabras clave: *Melissococcus plutonius*, Loque Europea, *Paenibacillus larvae*, Loque Americana, *Apis mellifera*, Colombia

4.1 Resumen

En Colombia los apicultores emplean principalmente híbridos africanizados que por razones de percepción o empíricas se consideran más resistentes a enfermedades. Adicionalmente en el país no se han reportado pérdidas significantes de poblaciones de larvas y de abejas adultas, sin embargo, no existe un sistema de diagnóstico oficial que permita detectar la presencia de bacterias patógenas para *Apis mellifera*, tales como *Melissococcus plutonius* causante de Loque Europea y de *Paenibacillus larvae* causante de Loque Americana. Para poder verificar esta situación, en el presente trabajo se realizó

un estudio a gran escala en 491 colmenas de tres departamentos del país: Magdalena, Sucre y Boyacá, para detectar y determinar la prevalencia de éstos patógenos en muestras de larvas, por medio de técnicas de PCR convencional y en tiempo real. De las dos bacterias, solo *Melissococcus plutonius* fue detectada en 7 de las 491 muestras de larvas en las tres regiones (1,4%). Durante el muestreo no se evidenció sintomatología compatible con Loque Europea o Americana. Los hallazgos de este estudio, pionero en la apicultura del país, constituyen el primer reporte de detección de *M. plutonius* y de la no detección de *P. larvae*.

4.2 Introducción

La apicultura en Colombia, contó desde sus inicios con razas de linajes europeos, traídos por los colonizadores de América y posteriormente por los apicultores; sin embargo en la década de los 70s del siglo pasado, con la llegada de las abejas africanizadas derivadas de *A. mellifera scutellata* que escaparon accidentalmente de Brasil, se dio inicio a un cruce genético natural de éstas con las abejas europeas manejadas en nuestro medio (Francoy et al., 2010). De otra parte, algunos apicultores continúan importando abejas reinas europeas, pues según ellos confieren mayor producción y mansedumbre, pero otro sector afirma que con la introducción de estos especímenes europeos, podrían haber entrado al país agentes infecciosos que hoy día afectan productiva y sanitariamente a la apicultura mundial.

En la actualidad existen dos enfermedades bacterianas que afectan a la apicultura mundial, causando grandes pérdidas en diferentes países, especialmente en el hemisferio Norte; se trata de Loque Europea y Loque Americana (European Foulbrood - EFB y American Foulbrood - AFB, respectivamente). Estas dos enfermedades están incluidas en la lista del código sanitario de animales terrestres de la OIE (2016).

La bacteria Gram positiva causante de Loque Europea (LE) es *Melissococcus plutonius*. El signo más claro y frecuente de esta enfermedad es la muerte de las larvas poco antes de ser operculadas en sus celdas. La mayoría de las larvas enfermas salen de su posición de enroscamiento en el fondo de sus celdas antes de morir; muchas son detectadas rápidamente y retiradas por las abejas nodrizas, dejando celdas vacías diseminadas al azar entre las crías restantes. Las larvas infectadas que escapan a la detección de las

abejas adultas, mueren y se vuelven flácidas y su color se torna amarillo o marrón, convirtiéndose al mismo tiempo en una masa semilíquida; después se secan y forman escamas de color marrón oscuro que pueden extraerse fácilmente de las celdas. Las colonias gravemente afectadas pueden tener un olor muy rancio o agrio, algunas veces ácido como el vinagre, pero a menudo no hay olor. El diagnóstico se puede realizar por medio de la observación de los síntomas en la colmena, también por microscopía y cultivo microbiológico; sin embargo no es fácil identificar la bacteria por estos procedimientos y por lo tanto el método recomendado lo constituyen las pruebas moleculares como la PCR (Govan et al., 1998; Mckee et al., 2003; Forsgren 2010). De esta enfermedad se tienen reportes en varias partes del mundo, como en el Reino Unido (Wilkins et al., 2007), Australia (Djorjevic et al., 1999), Suiza (Forsgren et al., 2005), Japón (Arai et al., 2012). En Suramérica, aunque al parecer esta patología está presente, no se tienen publicaciones al respecto.

La loque americana (LA), afecta a las larvas de *Apis mellífera* causándoles la muerte. El microorganismo causante es un bacilo esporulado Gram positivo, conocido como *Paenibacillus larvae*, una bacteria que puede producir más de mil millones de esporas en cada larva infectada. Las esporas son extremadamente resistentes y pueden sobrevivir durante muchos años dentro de las colmenas, elementos y equipos para apicultura. Los panales de las colonias infectadas tienen una apariencia moteada debido a una mezcla de crías operculadas sanas, celdas no operculadas que contienen restos de larvas enfermas y celdas vacías. La infección puede transmitirse a las larvas a través de las abejas nodrizas o por las esporas que permanecen en la base de las celdas de las crías. La forma más común de propagación de la enfermedad de una colonia a otra es el intercambio de panales con restos de crías enfermas y por el robo de miel cargada de esporas, la alimentación con esta miel o el polen y cera contaminados y por la introducción de reinas procedentes de colonias infectadas. Esta enfermedad se encuentra presente en varias partes del mundo, incluyendo algunos países de Suramérica, como Argentina (Alippi et al., 2004), Chile (Rodríguez et al., 2014) y Uruguay (Antúnez et al 2015). El diagnóstico de LA se basa en la presencia de síntomas clínicos y la identificación del agente patógeno por microscopía, cultivo y pruebas bioquímicas. Para un diagnóstico eficaz, se recomienda el diagnóstico por técnicas de biología molecular, en el manual de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), se describen dos protocolos de identificación específica de esta

bacteria por medio de la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Dobbelaere et al., 2001; Lauro et al., 2003; Genersch 2010).

Actualmente en el país, no hay ningún sistema de detección, información y valoración tanto a nivel oficial como privado, que permita determinar cuáles patógenos apícolas están presentes en Colombia, incluyendo Loque Europea y Americana. Puesto que estas dos enfermedades causan importantes pérdidas para la apicultura mundial, es importante determinar si alguna de estas entidades está presente en Colombia; por tal razón en el presente trabajo se realizó un estudio a gran escala en tres departamentos del país: Magdalena, Sucre y Boyacá, para detectar su presencia por medio de técnicas de PCR convencional y en tiempo real.

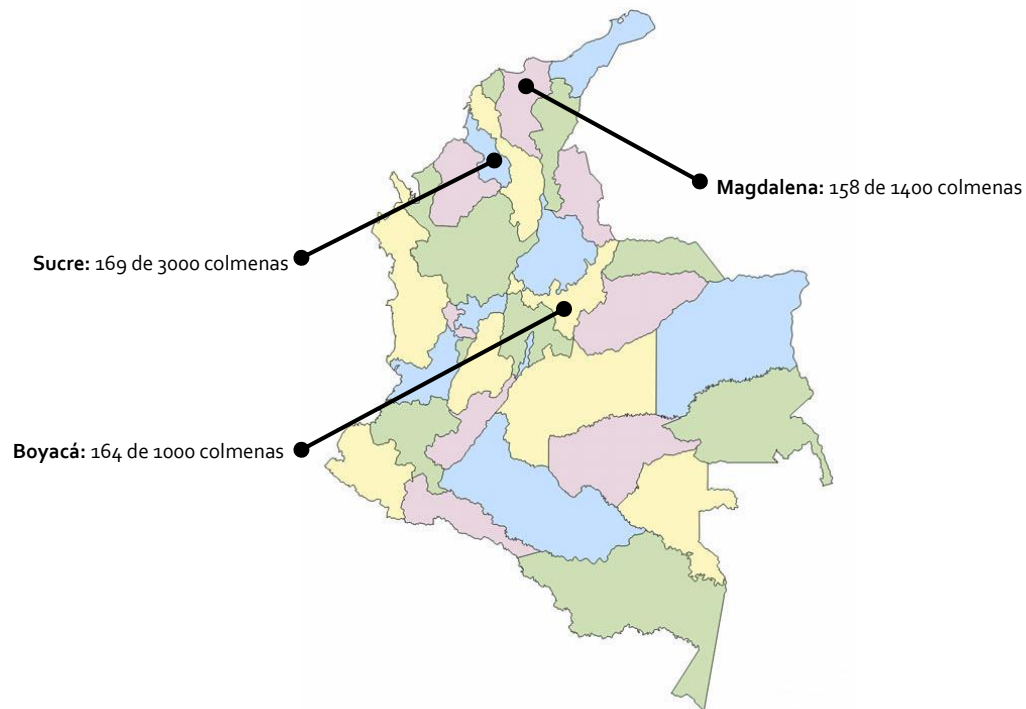
4.3 Materiales y métodos

4.3.1 Muestreo

De 5400 colmenas reportadas por las asociaciones de los tres departamentos, 491 fueron muestreadas aleatoriamente (9,1% de la población): 158 colmenas de Magdalena, 169 de Sucre y 164 de Boyacá (Figura 4-1). Este cálculo del número de colmenas a muestrear en cada región, fue obtenido mediante el programa Epidemiológico WinEpi, de la Universidad de Zaragoza (<http://www.winepi.net/>); empleando la fórmula para tamaño de población conocida (5400 colmenas), con un nivel de confianza del 97%, considerando una prevalencia mínima esperada del 2% para cada una de las enfermedades (de Blas et al., 2008). Los muestreos se hicieron al azar, sin búsqueda específica de sintomatología o de una enfermedad en particular; las muestras que resultaron positivas por biología molecular, se consideraron como muestras infectadas más no enfermas.

En cada colmena seleccionada, se tomó una muestra de 60 larvas tomadas en pool. Este número de larvas por colmena, también fue determinado con la misma fórmula para detección de enfermedad. Las larvas se tomaron vivas directamente de un cuadro de cada colmena y se depositaron en tubos Falcon, que contenían RNAlater (Quiagen) para evitar la degradación del ADN y ARN. Todas las muestras se guardaron en congelación a -70°C, hasta realizar el proceso de extracción de ADN.

Figura 4-1: Muestreo en 3 departamentos de Colombia.



Fuente: Elaboración propia

4.3.2 Extracción de ADN

Cada pool se maceró directamente en el tubo Falcon con pistilos desechables. El material genético se extrajo con el kit High Pure Nucleic Acid Kit DNA – RNA (Roche Diagnostics), según las recomendaciones del fabricante. Este método permite obtener conjuntamente ADN y ARN, el cual fue preservado a -70°C. Con el fin de determinar la integridad y calidad del ADN obtenido, alícuotas de éste, fueron cuantificadas por fluorometría (Qubit 2.0 Invitrogen) y varias muestras seleccionadas al azar, fueron visualizadas por medio de electroforesis en geles de agarosa según la metodología descrita en Sambrook y Rusell (2001). Para cada una de las PCR, se emplearon entre 5 y 10 ng de ADN genómico total por reacción.

Antes de realizar la detección, las muestras fueron sometidas a amplificación por PCR en tiempo real, de un fragmento de 184 pb del gen de Beta Actina de *Apis mellifera*, según el protocolo reportado por Chen et al., (2005), pero adaptado a formato de tiempo real con Sybrgreen. La amplificación de éste control interno, fue verificada por el análisis de las curvas de temperaturas

de fusión (Temperature Melting Curves -TM); adicionalmente el tamaño del fragmento amplificado fue verificado por electroforesis en gel de agarosa al 2%, en TAE 1X; visualizado bajo luz ultravioleta en un transiluminador Electronyx (Nyx Technich).

4.3.3 PCR convencional y en tiempo real para *Melisococcus plutonius*

Para la amplificación del ADN de esta bacteria, se emplearon los protocolos de PCR convencional recomendados por la OIE: El método de PCR sencilla reportada por Govan et al., (1998) y el de PCR semianidado publicado por Mckee et al. (2003). Con el fin de implementar un protocolo de PCR en tiempo real para la detección de *M. plutonius*, los dos métodos convencionales se implementaron en este trabajo, en formato de tiempo real con en el uso de Sybrgreen, con el kit FastStart Essential Green Master (Roche Diagnostics), en un termociclador LightCycler Nano (Roche Diagnostics). Los iniciadores empleados para la primera PCR sencilla publicados por Govan et al., (1998) fueron: EFB-F: 5'-GAAGAGGAGTTAAAAGGCGC-3'; EFB-R: 5'-TTATCTCTAAGGCGTTCAAAGG-3'; los cuales permiten amplificar un fragmento de 831 pb del ARN ribosomal de *M. plutonius*. Para el caso de la PCR semianidada convencional reportada por Mckee et al., (2003), se implementaron dos métodos de PCR sencilla en tiempo real, con las dos combinaciones de iniciadores por separado: MP1: 5'-CTTTGAACGCCTTAGAGA-3', con MP2: 5'-ATCATCTGTCCCACCTTA-3', los cuales permiten amplificar un fragmento de 486 pb del ARN ribosomal; la segunda combinación se hizo con el iniciador MP1, junto con el iniciador MP3: 5'-TTAACCTCGCGGTCTTGCGTCTCTC-3', que amplifican un fragmento de 276 pb. El control positivo consistió de ADN genómico de *M. plutonius*, el cual fue donado por el Laboratorio de Investigación en Abejas, del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA Beltsville MD-USA. Para los controles negativos, se añadió agua ultrapura en vez de ADN.

Las condiciones originales de las PCR convencionales fueron ajustadas a formato de PCR sencilla en tiempo real: Denaturación inicial y activación Taq Hot Start: 95°C x 10 minutos, 45 ciclos de 95°C x 20s, 55°C x 20s, 72°C x 20s, extensión final de 72°C x 2 minutos y Melting desde 55°C a 95°C a 0,1°C/s. La correcta amplificación de cada montaje en PCR en tiempo real, fue verificada por el análisis de los picos de las curvas de las temperaturas de fusión.

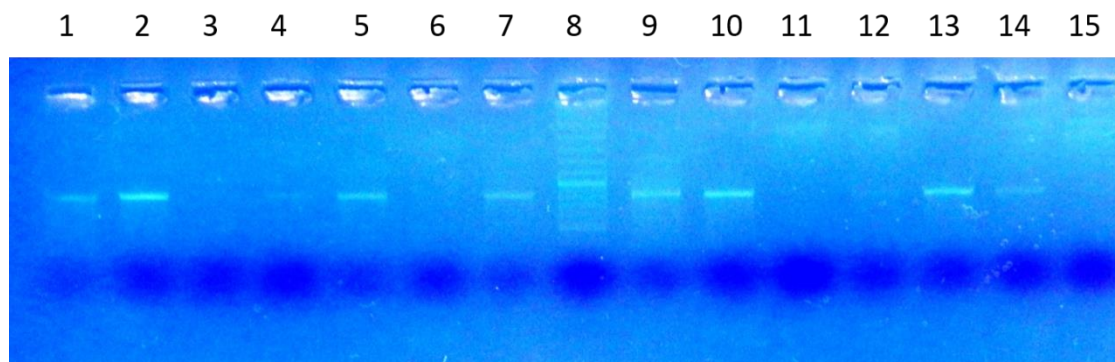
4.3.4 PCR convencional y en tiempo real para *Paenibacillus larvae*

Para la detección de esta bacteria, se implementaron los protocolos de PCR convencional recomendados por la OIE; el primero de éstos fue el publicado por Dobbelaere et al., (2001), con los iniciadores AFB-F: 5'-CTTGTGTTTCTTTCGGGAGACGCCA-3'; y AFB-R: 5'-TCTTAGAGTGCCACCTCTGCG-3', éstos permiten amplificar un fragmento de 1106 pb del ARN ribosomal. El segundo protocolo fue el de PCR anidada, reportada por Lauro et al., (2003), que amplifican un fragmento de 969 pb del ARN ribosomal, en la PCR externa con los iniciadores PleF: 5'-TCG-AGC-GGA-CCT-TGT-GTT-3' y PleR: 5'-CTA-TCT-CAA-AAC-CGG-TCA-GAG-3' y de 572 pb, en la PCR interna con PliF: 5'-CTT-CGC-ATG-AAG-TCA-TG-3' y PliR: 5'-TCA-GTT-ATA-GGC-CAG-AAA-GC-3'. Para el presente trabajo, éste método de PCR anidada, también fue implementado en formato de PCR en tiempo real, pero en reacciones sencillas separadas (no anidada). El control positivo consistió de ADN genómico de *P. larvae*, el cual fue donado por el Laboratorio de Investigación en Abejas, del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA Beltsville MD-USA. Para los controles negativos, se añadió agua ultrapura en vez de ADN.

4.4 Resultados y discusión

De las 491 muestras de larvas que se sometieron a amplificación por PCR convencional y en tiempo real para detección de las dos bacterias, ninguna fue positiva para *Paenibacillus larvae*; solamente 7 muestras fueron positivas para *Melissococcus plutonius*, las cuales correspondieron a: 3 muestras del departamento de Magdalena, 3 muestras de Sucre y una de Boyacá. Estas 7 muestras amplificaron tanto en los formatos de PCR convencionales, como en los de tiempo real. En las amplificaciones convencionales se obtuvieron los tamaños de banda esperados de 831 pb (Figura 4-2); y para la PCR semianidada de 486 y de 276 pb.

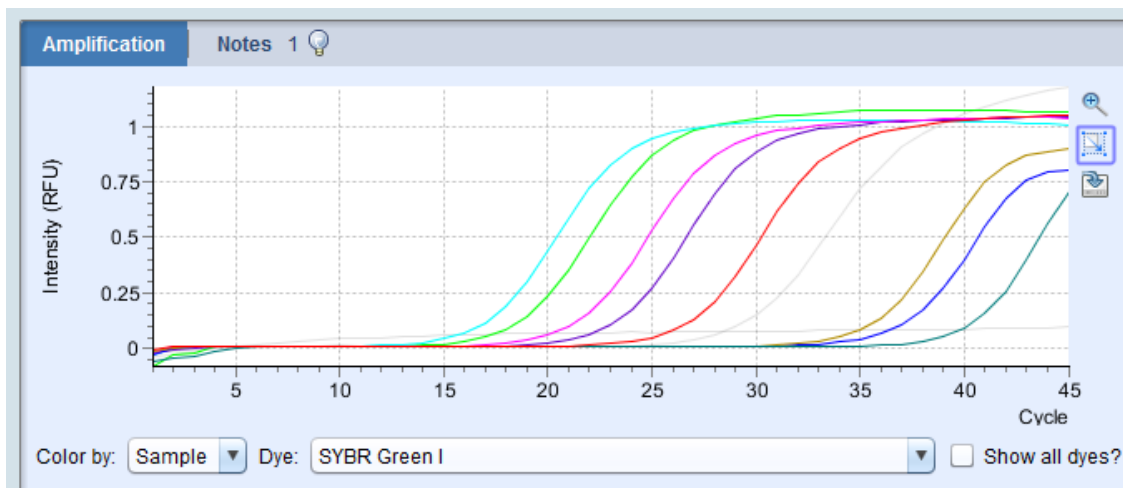
Figura 4-2: Electroforesis en gel de agarosa de los amplificados de PCR convencional de *M. plutonius*. (Protocolo de Govan et al., 1998).

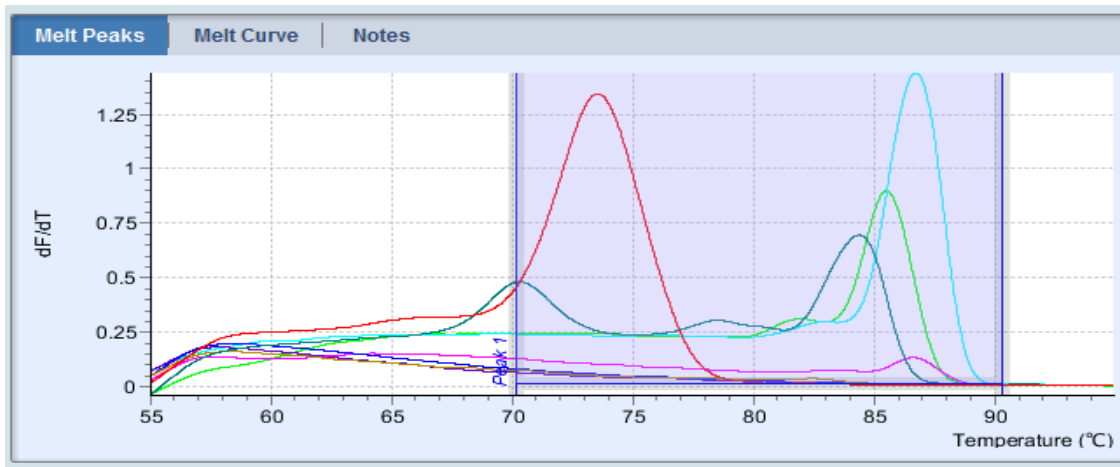


Agarosa 2% en buffer TAE 1x. Las muestras positivas generaron bandas de 831 pb (carriles 1, 2, 4, 5, 7, 9, 10, 13 y 14). Carril 8: marcador de peso de 100 pb GeneRuler ladder (Thermo Scientific) la banda más intensa es de 1000pb. Carril 15. Control negativo. Fuente: Elaboración propia.

En el caso de la amplificación por PCR en tiempo real, con los iniciadores reportados por Govan et al., (1998) se generaron picos de temperatura de fusión que oscilaron entre los 84,5°C y 86,5°C (Figura 4-3); mientras que con los iniciadores del protocolo de McKee et al., (2003), se obtuvieron picos únicos de 86,4°C para la PCR con los iniciadores MP1 - MP2 y de 85,6°C para la PCR con MP1 - MP3 (Figura 4-4).

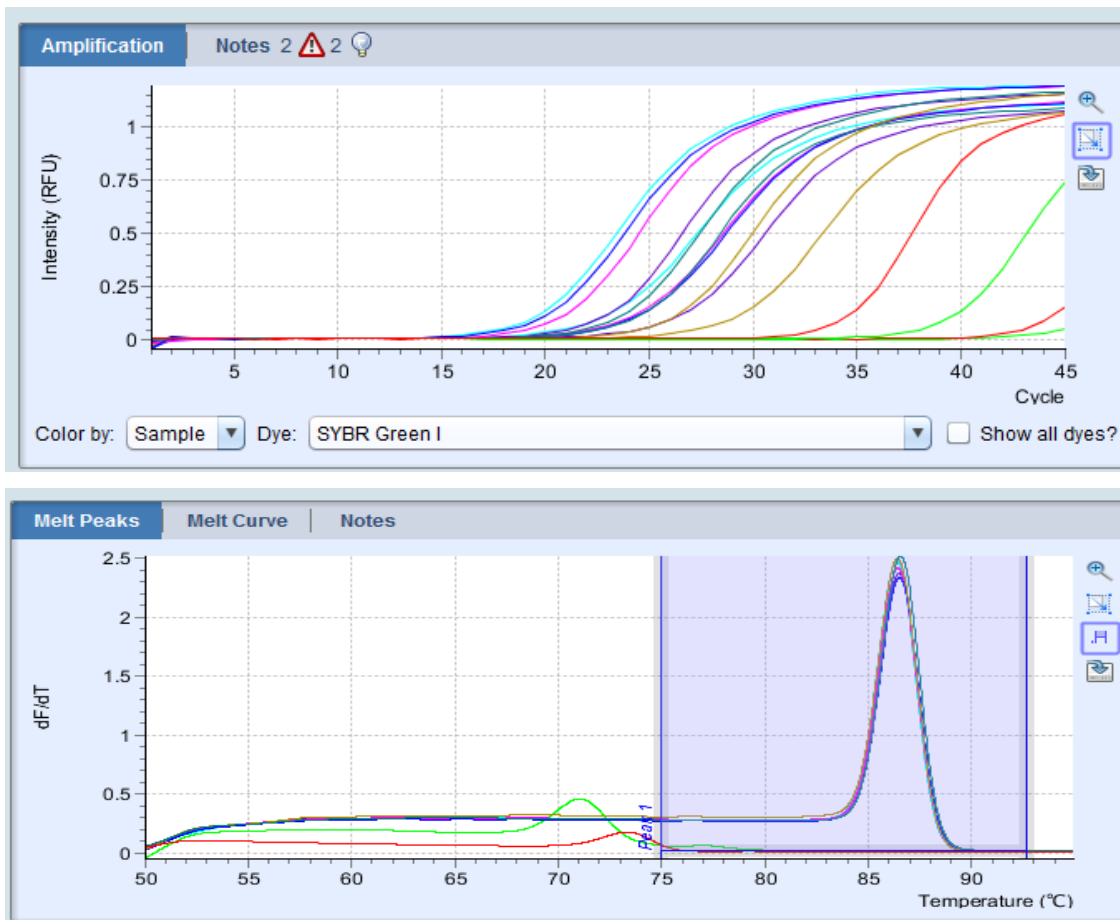
Figura 4-3: Curvas de amplificación y de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para *M. plutonius* con los iniciadores descritos por Govan et al., (1998).





Las líneas verdes y azules corresponden a muestras positivas (TMs de 84,5°C a 86,5°C), la línea roja al control negativo. Fuente: Elaboración propia.

Figura 4-4: Curvas de temperaturas de fusión de PCR en tiempo real para *M. plutonius* con los iniciadores MP1 – MP2, descritos por Mckee et al., (2003)



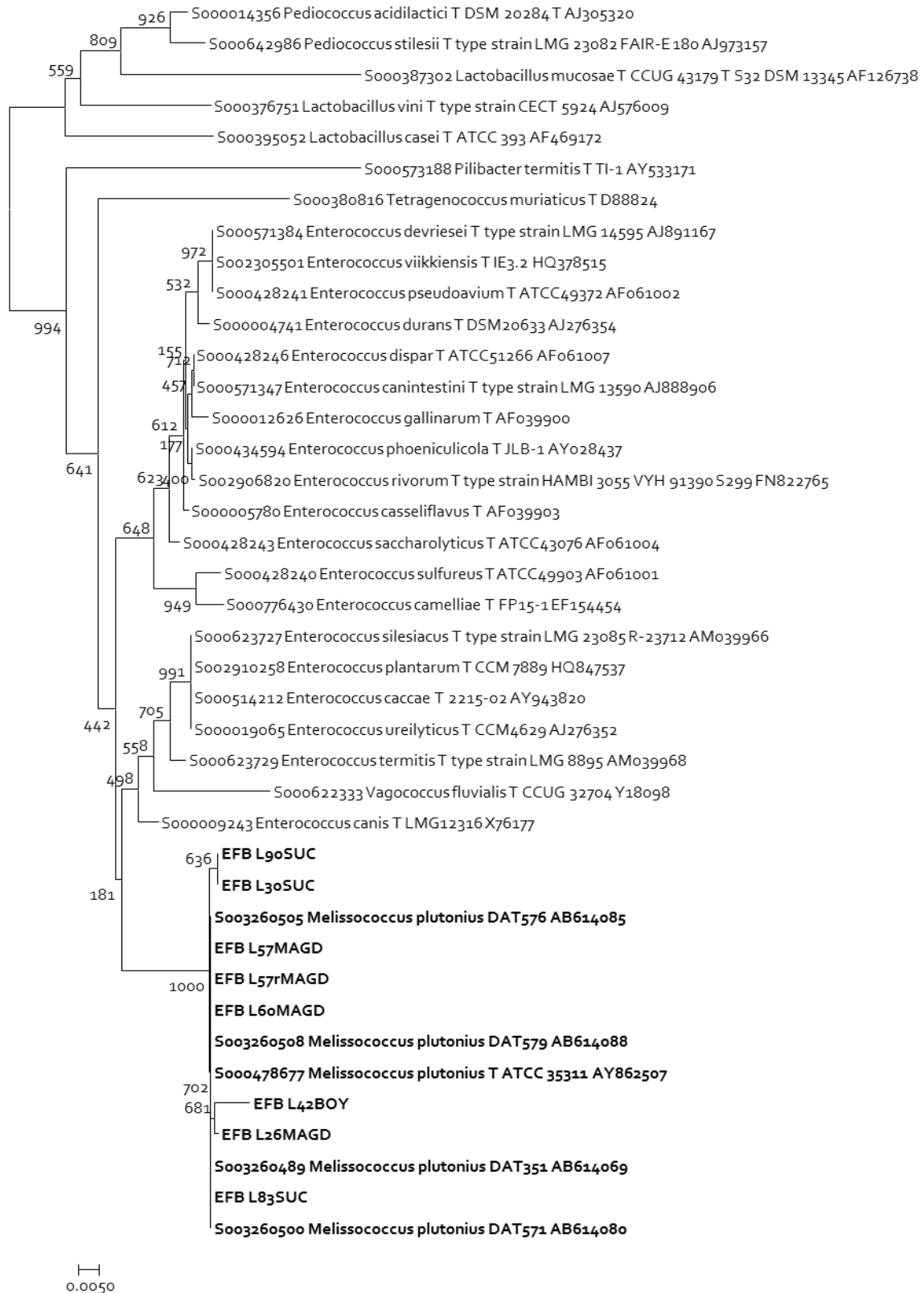
La línea verde corresponde a una muestra negativa, la línea roja al control negativo, las demás líneas a muestras positivas (TM 86,4°C). Fuente: Elaboración propia.

Para comprobar el tamaño de los productos amplificados por PCR en tiempo real, de las 7 muestras positivas, éstas fueron analizadas por electroforesis en gel de agarosa y se visualizaron en un transiluminador (Nyx Technik). Adicionalmente fueron amplificadas por PCR convencional con los iniciadores de Govan et al., (1998) y luego fueron enviadas a secuenciación de ADN (Macrogen Korea del Sur). Las secuencias de nucleótidos fueron utilizadas para análisis en BLASTn (Basic Local Alignment Search Tool) del NCBI (National Center for Biotechnology Information. Bethesda, MD, USA), con los parámetros en default para nr/nt, para ser comparadas con las secuencias depositadas de alta similitud (megablast) <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>. Por medio de este análisis de secuenciación de los productos de PCR convencional, se confirmó una correcta amplificación de las muestras positivas a *Melissococcus plutonius*. En todos los casos se observó una alta similitud de las secuencias obtenidas, con las reportadas para esta bacteria, con valores de identidad del 99%.

Con el fin de observar las relaciones filogenéticas de las secuencias obtenidas, éstas fueron alineadas por medio del programa ClustalW (Thompson, Gibson, y Higgins, 2002); con valores por defecto, con secuencias de especies tipo de *M. plutonius*, así como secuencias tipo representativas de géneros dentro de la Familia *Enterococcaceae* y de algunos géneros adicionales de especies tipo, que pertenecen a otras familias dentro de Orden *Lactobacillales*, a la cual pertenece *Melissococcus* sp. A partir de un alineamiento múltiple de un bloque de secuencias sin ambigüedades de 461 pb de las secuencias obtenidas con las secuencias tipo, se construyó un árbol de distancia por el método de Neighbor Joining y con un bootstrap de 1000 con un valor semilla de 111 (Figura 4-5).

Como se puede observar, las secuencias obtenidas confirman la correcta y específica detección de la especie bacteriana blanco, dado que efectivamente se afilian, siendo idénticas o teniendo muy alta similitud (>99,5%), con las secuencias ribosomales provenientes de la única especie tipo que define al género *Melissococcus*, dentro del contexto de secuencias de referencia de Orden y Familia que reconstruyen correctamente la taxonomía de las especies tipo incluidas.

Figura 4-5: Filogenia de las secuencias de loque europea.



Cada muestra del estudio se identifica con las letras EFB y un número, seguido por una abreviación del área de origen: BOY (Boyacá), SUC (Sucre), MAG (Magdalena). Los números adyacentes a las líneas representan los valores de bootstrap. Fuente: Elaboración propia.

Los hallazgos de este estudio, constituyen el primer reporte de la presencia de *Melissococcus plutonius* en Colombia y de la ausencia de *P. larvae*. Es de aclarar que durante el muestreo no se evidenció sintomatología compatible con ninguna de las dos Loques, incluso en las colmenas de donde procedieron las 7 muestras positivas a Loque Europea, por tanto se consideraron como muestras infectadas mas no enfermas. Este hallazgo junto con la práctica de no emplear tratamientos antibióticos en estas poblaciones, sugiere que quizás las abejas de nuestro país han desarrollado un proceso de control natural contra esta bacteria, y/o que existen factores ambientales o de producción que no promueven su diseminación e infectividad. Estas condiciones pueden haberse desarrollado en razón a que la apicultura colombiana emplea híbridos africanizados y a su vez el sistema de producción de miel y de polen, no es intensivo y la práctica de polinización de cultivos con abejas es mínima, esto resulta en una baja movilidad de las colmenas a lugares distantes, lo cual disminuye la diseminación de patógenos. De otra parte, comparado con los otros países, la mayoría de apicultores en Colombia tiene un bajo número de colonias (no más de 200), distribuidas en diferentes apiarios, lo cual reduce el manejo intensivo de las colmenas (Sánchez et al 2013).

Finalmente debe notarse que a pesar de los mecanismos de defensa natural, las abejas pueden ser afectadas por bacterias patogénicas que llegan a los apiarios, por migración, venta y transferencia de colmenas y de reinas infectadas o por uso de equipo contaminado. Esta situación se ha incrementado por la globalización, que ha permitido que todos estos elementos puedan ser transportados a grandes distancias y aún entre continentes, introduciendo enfermedades en lugares donde no se encontraban previamente. Por estas razones, los resultados de este estudio pionero en Colombia, pueden ser empleados por los entes gubernamentales del país, para la toma de decisiones en programas de salud y control, que eviten la diseminación de la Loque Europea y la aparición de Loque Americana en la apicultura en Colombia.

4.6 Agradecimientos

Los autores desean expresar sus más sinceros agradecimientos a Andrés Sánchez, Edgar Arias, Carlos Baez, Viviana Gamboa, Umberto Moreno y Rogelio Rodríguez por ayudar en la colecta y procesamiento de las muestras; de igual forma agradecer a las asociaciones de apicultores por proveer las muestras. También se agradece la colaboración de los doctores Jay Evans y Yudy Chen, del Bee Research Lab del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (Beltsville MD-USA) por suministrar asistencia científica y los controles positivos; de igual forma al doctor Nor Chejanovsky del Entomology Department, Volcani Center, Bet Dagan – Israel.

Este trabajo fue financiado por el Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación – COLCIENCIAS. Programa Nacional 202010018161: “Identificación de patógenos causantes de enfermedades en *Apis mellifera* e implementación de un plan de mejoramiento genético, basado en la selección de parentales con características sanitarias y productivas superiores, para aumento de la competitividad en tres regiones de Colombia”, El proyecto se denominó: “Identificación de patógenos y determinación de infestación por *Varroa destructor* en *Apis mellifera*, causantes de pérdidas económicas en la apicultura colombiana”

4.7 Bibliografía

- Alippi, A. M., Reynaldi, F. J., López, A. C., De Giusti, M. R., & Aguilar, O. M. (2004). Molecular epidemiology of *Paenibacillus larvae larvae* and incidence of American foulbrood in Argentinean honeys from Buenos Aires province. *Journal of apicultural research*, 43(3), 135-143.
- Antúnez, K., Anido, M., Branchiccela, B., Harriet, J., Campa, J., Invernizzi, C., ... & Zunino, P. (2015). Seasonal variation of honeybee pathogens and its association with pollen diversity in Uruguay. *Microbial ecology*, 70(2), 522-533.
- Arai, R., Tominaga, K., Wu, M., Okura, M., Ito, K., Okamura, N., ... & Takamatsu, D. (2012). Diversity of *Melissococcus plutonius* from honeybee larvae in Japan and experimental reproduction of European foulbrood with cultured atypical isolates. *PLoS One*, 7(3), e33708.

Chen, Y., Pettis, J. S., & Feldlaufer, M. F. (2005). Detection of multiple viruses in queens of the honey bee *Apis mellifera* L. *Journal of invertebrate pathology*, 90(2), 118-121.

de Blas I, Ruiz-Zarzuela I, Bayot B, Ferreira Ch. (2008) Manual de Epidemiología Veterinaria. Unidad de Patología Infecciosa y Epidemiología. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Zaragoza. España. 2008. Ed. ReGABA.

Djordjevic, S. P., Smith, L. A., Forbes, W. A., & Hornitzky, M. A. (1999). Geographically diverse Australian isolates of *Melissococcus pluton* exhibit minimal genotypic diversity by restriction endonuclease analysis. *FEMS microbiology letters*, 173(2), 311-318.

Dobbelaere, W., De Graaf, D., & Peeters, J. (2001). Development of a fast and reliable diagnostic method for American foulbrood disease (*Paenibacillus larvae* subsp. *larvae*) using a 16S rRNA gene based PCR. *Apidologie*, 32(4), 363-370.

Forsgren, E., Lundhagen, A. C., Imdorf, A., & Fries, I. (2005). Distribution of *Melissococcus plutonius* in honeybee colonies with and without symptoms of European foulbrood. *Microbial ecology*, 50(3), 369-374.

Forsgren, E. (2010). European foulbrood in honey bees. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S5-S9.

Francoy, T. M., Wittmann, D., Steinhage, V., Drauschke, M., Müller, S., Cunha, D. R., ... & Arias, M. C. (2009). Morphometric and genetic changes in a population of *Apis mellifera* after 34 years of Africanization. *Genet. Mol. Res*, 8(2), 709-717.

Genersch, E. (2010). American Foulbrood in honeybees and its causative agent, *Paenibacillus larvae*. *Journal of invertebrate pathology*, 103, S10-S19.

Govan, V. A., Brözel, V., Allsopp, M. H., & Davison, S. (1998). A PCR Detection Method for Rapid Identification of *Melissococcus pluton* in Honeybee Larvae. *Applied and environmental microbiology*, 64(5), 1983-1985.

Lauro, F. M., Favaretto, M., Covolo, L., Rassu, M., & Bertoloni, G. (2003). Rapid detection of *Paenibacillus larvae* from honey and hive samples with a novel nested PCR protocol. *International journal of food microbiology*, 81(3), 195-201.

Mckee, B., Djordjevic, S., Goodman, R., & Hornitzky, M. (2003). The detection of *Melissococcus pluton* in honey bees (*Apis mellifera*) and their products using a hemi-nested PCR. *Apidologie*, 34(1), 19-27.

[OIE] Organización Mundial de la Sanidad Animal. 2016. Manual de la OIE sobre animales terrestres. Capítulo 2.2.2. Loque americana de las abejas melíferas. [Citado 2016 junio 5]. Disponible en: <http://www.oie.int/es/normas-internacionales/manual-terrestre/acceso-en-linea/>

[OIE] Organización Mundial de la Sanidad Animal. 2016. Manual de la OIE sobre animales terrestres. Capítulo 2.2.3. Loque europea de las abejas melíferas. [Citado 2016 junio 5]. Disponible en: <http://www.oie.int/es/normas-internacionales/manual-terrestre/acceso-en-linea/>

Rodríguez, M., Vargas, M., Antúñez, K., Gerding, M., Ovídio Castro, F., & Zapata, N. (2014). Prevalence and phylogenetic analysis of honey bee viruses in the Biobío Region of Chile and their association with other honey bee pathogens. *Chilean journal of agricultural research*, 74(2), 170-177.

Sambrook, J., & Russell, D. W. (2001). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2001. Sánchez, O. A., Castañeda, P. C., Muños, G., & Tellez, G. (2013). Aportes para el análisis del sector apícola Colombiano. *Journal of Agricultural science and Technology*, 2(4), 469-483.

Thompson, J. D., Gibson, T., & Higgins, D. G. (2002). Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Current protocols in bioinformatics*, 2-3.

Wilkins, S., Brown, M. A., & Cuthbertson, A. G. (2007). The incidence of honey bee pests and diseases in England and Wales. *Pest management science*, 63(11), 1062-1068.

5. Primer reporte de la presencia de *Acarapis woodi* y de *Nosema spp*, en abejas africanizadas *Apis mellifera* en Colombia

Víctor Manuel Tibatá^{a,b*}, Andrés Sánchez^a, Sara Calle, Carolina Portes, Fernando Ariza Botero^a, Judith Figueroa^a

^aGrupos de Investigación AYNi – Ciencia y Tecnología Apícola y Genética Molecular Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia –Bogotá, Colombia

^bVM LAB Veterinary Molecular Diagnostics and Research, Bogotá, Colombia

*Autor correspondiente: vmtibatar@unal.edu.co Phone: 57+3013688977

Palabras clave: *Acarapis woodi*, *Nosema*, *Apis mellifera*, Africanizadas, Colombia

5.1 Resumen

En Colombia los apicultores emplean principalmente híbridos africanizados, los cuales son considerados como más resistentes a enfermedades. Adicionalmente no se han reportado pérdidas notables de poblaciones de larvas y de abejas adultas; sin embargo no existe un sistema de diagnóstico oficial que permita detectar la presencia en el país, de parásitos patógenos para *Apis mellifera* tales como *Acarapis woodi* y *Nosema spp*. Para poder verificar esta situación, en el presente trabajo se realizó un estudio a gran escala en 491 colmenas de tres departamentos del país: Magdalena, Sucre y Boyacá, para detectar y determinar la prevalencia de éstos patógenos en muestras de abejas adultas, por medio de técnicas de microscopía. El ácaro *A. woodi* fue detectado solamente en 6 colmenas de 164 muestreadas en Boyacá y en 3 muestras de un caso de mortalidad de abejas adultas por plaguicidas en el departamento de Cundinamarca. En el caso del microsporidio *Nosema spp*, éste fue detectado en 25 de las 491 muestras (5,1%): 7 en Boyacá, 7 en Magdalena y 11 en Sucre. Los hallazgos de este estudio, constituyen el primer reporte de la presencia de *Acarapis woodi* y *Nosema spp* en abejas africanizadas de Colombia. La baja

prevalencia de estos parásitos y la ausencia de sintomatología en las colmenas muestreadas, sugiere que hasta el momento, estas poblaciones no se ven afectadas por estos organismos.

5.2 Introducción

La apicultura en Colombia contó desde sus inicios con linajes europeos, traídos por los colonizadores y posteriormente por importaciones de los apicultores locales; sin embargo en la década los 70s del siglo pasado, con la llegada de las abejas africanizadas derivadas de *A. mellifera scutellata* que escaparon accidentalmente de Brasil, se dio inicio a un cruce genético natural de éstas con las abejas europeas manejadas en nuestro medio (Francoy et al., 2010). De otra parte, algunos apicultores continúan importando abejas reinas europeas, pues según ellos confieren mayor producción y mansedumbre, pero otro sector afirma que con la introducción de estos especímenes europeos, podrían haber entrado al país agentes infecciosos que hoy día, afectan productiva y sanitariamente a la apicultura mundial (Sánchez et al., 2013). Dentro de éstas enfermedades se encuentran la acarapisosis y nosemosis, las cuales causan grandes pérdidas en diferentes países, especialmente en aquellos del hemisferio norte. Estas dos enfermedades están incluidas en la lista del código sanitario de animales terrestres de la lista de la OIE (2016).

Acarapis woodi es un ácaro que tiene un tamaño aproximado de 150 μm y es un parásito que vive y se reproduce en la gran tráquea protorácica de la abeja; y algunas veces también se encuentra en los sacos aéreos de la cabeza y en los torácicos y abdominales. Los ácaros se alimentan de la hemolinfa de su hospedador. Los efectos patológicos en las abejas infectadas dependen del número de parásitos en la tráquea y se deben tanto a daños mecánicos como a disfunciones fisiológicas derivadas de la obstrucción de los conductos aéreos, lesiones en las paredes traqueales y descenso de la hemolinfa. La mortalidad puede variar de moderada a alta. La infección se extiende por contacto directo (OIE 2016). Este ácaro se encuentra presente en varias partes del mundo; en Latinoamérica se registró su presencia en México en 1980 (Wilson y Nunamaker 1982 y 1985), sin embargo en Suramérica, no se tienen publicaciones al respecto. En Colombia solo se registró la presencia de éste parásito en una población de abejas europeas entre 1978 y 1979 (Menapece y Wilson, 1980), pero desde entonces no se han realizado más estudios al respecto, en especial en las poblaciones africanizadas que actualmente componen la mayoría de los apiarios en el país.

La nosemosis de las abejas es causada por dos parásitos microsporidianos: *Nosema apis* (Zander) y *Nosema ceranae* (Fries). *Nosema* invade las células epiteliales del ventrículo, alterando

la función digestiva, llevando a diarrea, malnutrición y por ende a baja producción. Las esporas son eliminadas por la materia fecal y por tanto se transmiten a otras colmenas durante la alimentación o la trofalaxis. *N. apis* es parásito de la abeja europea *Apis mellifera* y *N. ceranae* de la abeja asiática *Apis ceranae*, pero también se ha detectado en poblaciones de abejas *A. mellifera* en Europa (Higes et al., 2006) Norteamérica y Asia (Huang et al., 2005). Se ha postulado que *N. ceranae* es uno de los microorganismos que ha contribuido a la pérdida de colmenas en Europa y Norteamérica (Martínez-Hernández et al., 2007; Higes et al., 2008). Estos parásitos también se encuentran presentes en México (Martínez, Medina y Catzín 2011) y en algunos países de Suramérica (Klee et al., 2007), como Argentina (Plischuck et al., 2009), Chile (Rodríguez et al., 2011; Braboa et al., 2014) y Uruguay (Antúnez et al., 2015). En Colombia no existen reportes previos de la presencia de *Nosema spp* en *A. mellifera*, solo se existe un reporte reciente de la presencia de *N. ceranae* en poblaciones silvestres y criadas de *Bombus atratus* (Gamboa et al., 2015).

En la actualidad en Colombia no se han reportado pérdidas significantes de poblaciones de larvas y de abejas adultas; sin embargo no se cuenta con un sistema de diagnóstico apícola, que permita identificar cuáles patógenos están presentes en el país, incluyendo *Acarapis woodi* y *Nosema spp*. En razón a que estos dos patógenos están relacionados con pérdidas en la apicultura mundial, es importante determinar si están presentes en país; por tanto se realizó este estudio para detectar su presencia por medio de las técnicas de microscopia y estereoscopia recomendadas por la OIE, en muestras de abejas de apiarios de tres departamentos: Magdalena, Sucre y Boyacá. Las colmenas de estas regiones, como la gran mayoría de Colombia, cuentan con poblaciones de híbridos africanizados.

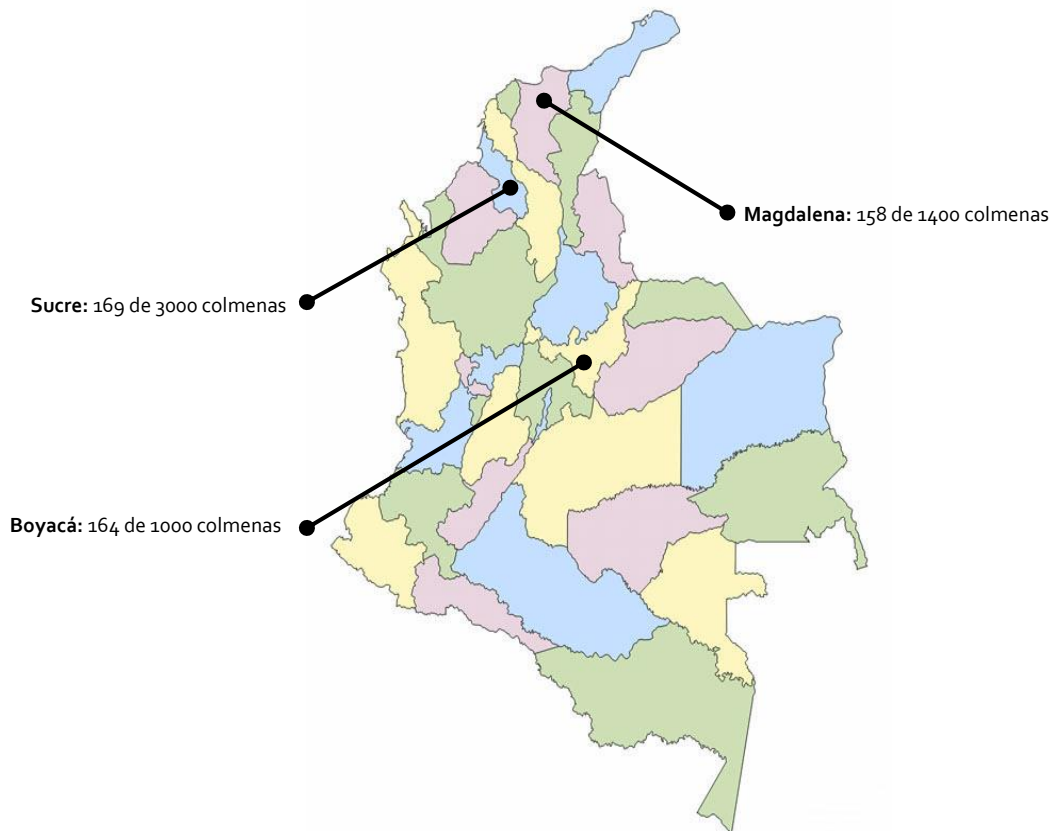
5.3 Materiales y métodos

5.3.1 Muestreo

De 5400 colmenas reportadas por las asociaciones de los tres departamentos, 491 fueron muestreadas aleatoriamente (9,1% de la población): 158 colmenas de Magdalena, 169 de Sucre y 164 de Boyacá (Figura 5-1). Este cálculo del número total de colmenas de cada región fue obtenido mediante el programa Epidemiológico WinEpi, de la Universidad de Zaragoza (<http://www.winepi.net/>); empleando la fórmula para tamaño de población conocida (5400 colmenas), con un nivel de confianza del 97%, considerando una prevalencia mínima esperada

del 2% para cada uno de los patógenos (de Blas et al., 2008). Los muestreos se hicieron al azar, sin búsqueda específica de sintomatología o de una enfermedad en particular; las muestras que resultaron positivas, se consideraron como muestras parasitadas más no enfermas. En cada colmena seleccionada, se tomó una muestra de 200 abejas adultas tomadas en pool y se depositaron en frascos que contenían etanol al 96% y luego transportadas hasta el laboratorio para efectuar el conteo de microsporidios y de ácaros traqueales. Adicionalmente se incluyeron 10 muestras de un caso de mortalidad de abejas adultas en un apiario, causada por fumigación con plaguicidas en cultivos agrícolas, en el municipio de Guasca en el departamento de Cundinamarca.

Figura 5-1: Muestreo en 3 departamentos de Colombia.



5.3.2 Detección de *Acarapis woodi* por estereoscopia

Con el fin de determinar la prevalencia de *A. woodi* en las 491 colmenas del estudio, de las 200 abejas adultas muestreadas por colmena, se tomaron 30 para realizar la disección

de las tráqueas, según la metodología de Ritter (1996) descrita en el manual de la OIE (2016), brevemente: A cada una de las 30 abejas se les cortó el abdomen y se fijó a una base para retirar la cabeza y las patas delanteras; posteriormente se eliminó el collar que rodea la abertura del cuello para exponer la tráquea, a la cual se le agregó una gota de ácido láctico para aclarar los tejidos y visualizarla en un microscopio estereoscópico Leica Led SD6 (Leica microsystems). Las muestras presumiblemente infestadas presentaron coloraciones marrones o cafés oscuros. Las tráqueas fueron retiradas y puestas en láminas porta objetos y observadas en microscopio óptico. Las muestras positivas al ácaro, fueron registradas y fotografiadas.

5.3.3 Detección de *Nosema spp* por microscopía

Para la detección de este microsporidio, se empleó el método reportado por Cantwell (1970) y recomendado por la OIE (2016), con algunas modificaciones: Se tomaron 60 abejas y se les retiró el abdomen, se conformaron pooles de 30 abdómenes y se depositaron en bolsas Ziploc, que contenían 15 mL de agua destilada. Cada pool fue macerado con rodillo y se agregaron 3 gotas de nigrosina y se homogenizó el contenido, de ésta suspensión se tomaron dos gotas y se colocaron en cámara de Neubauer, para hacer el conteo de esporas en microscopio óptico a 100X. El número total de esporas de los dos pooles, fue calculado mediante la fórmula: $\text{Número de esporas contadas} \times 10000 / \text{Número de cuadros contados}$. En razón a la dificultad de distinguir microscópicamente entre *N. apis* y *N. ceranae*, las muestras infestadas se reportaron como positivas a *Nosema spp.* El nivel de infestación fue determinado según el número de esporas de acuerdo a los niveles sugeridos por Fries, Ekbohm y Villumstad (1984).

5.4 Resultados y discusión

5.4.1 Prevalencia de *Acarapis woodi*

De las 491 colmenas que se analizaron para detección de *Acarapis woodi*, éste ácaro solo fue detectado en el 1.2%, correspondiente a 6 colmenas de Boyacá, de dos apiarios de un mismo apicultor (Figura 5-2); mientras que en los otros dos departamentos no se encontraron muestras infestadas. Adicionalmente en el caso de mortalidad de abejas por plaguicidas en un apiario de Cundinamarca, se detectó este ácaro en 3 de las 10 muestras,

lo cual fue un hallazgo incidental y según el apicultor, en estas colmenas no se habían detectado síntomas evidentes relacionados con éste ácaro. En este apiario, el único patógeno viral que se detectó fue DWV por RT-PCR en tiempo real.

En cuanto al nivel de infestación por muestra, de los 6 pooles de Boyacá, en 4 de éstos solamente se halló *A. woodi* en una de las 30 abejas que conformaban cada pool (3,3% de infestación), otra muestra presentó infestación en 5 abejas (16%) y la otra en 13 (43%), que correspondió al máximo nivel.

Es de resaltar que éste es el primer reporte de la presencia de *A. woodi* en Suramérica, posterior al proceso de africanización, pues como se mencionó anteriormente, el único estudio fue el de Menapace y Wilson en 1980, en abejas europeas de Colombia.

Figura 5-2: Disección y visualización de una muestra positiva a *Acarapis woodi*.

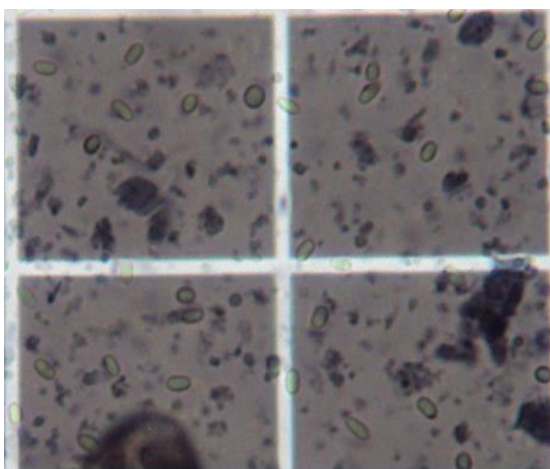


Fuente: Elaboración propia

5.4.1 Prevalencia de *Nosema spp.*

En cuanto a la detección y prevalencia de microsporidios, las muestras infestadas se reportaron como positivas por microscopía a *Nosema spp.* (Figura 5-3). Este parásito fue detectado en el 5,1% de las muestras (25 de las 491 colmenas). La prevalencia por departamento fue del 4,2% en Boyacá (7 colmenas de 1 mismo apiario); 4,4% en Magdalena (7 colmenas de 3 apiarios) y 6,5% en Sucre (11 colmenas de 4 apiarios).

Figura 5-3: Detección por microscopía de esporas de *Nosema spp.*



Fuente. Elaboración propia

Esta prevalencia del 5,1% *Nosema spp* de este muestreo en Colombia es baja, comparada con la de otros países latinoamericanos; por ejemplo en México se determinó una prevalencia del 74% en colmenas manejadas y del 53% en colmenas silvestres (Martínez, Medina y Catzín 2011); en el caso de Chile, en un estudio realizado en 2004 por Hinojosa y Gonzalez, en la región del secano, se determinó una prevalencia de hasta del 78%; y en la región de Biobío, del 18% para *N. apis* y del 5% para *N. ceranae* (Rodríguez et al., 2014). En Uruguay se determinó una prevalencia que varió con las estaciones desde el 10% hasta del 70%, la cual estuvo relacionada a pérdidas de colonias (Antúnez et al., 2015); desafortunadamente no existen más reportes al respecto en otros países del continente, a fin de establecer comparaciones adicionales.

En cuanto al nivel de infestación de las colmenas muestreadas que resultaron positivas, de los 25 casos, solo 3 colmenas del departamento de Boyacá presentaron un nivel de infestación alto (superior a un millón de esporas); los restantes 22 casos positivos presentaron un nivel de infestación bajo, (inferior a las 500.000 esporas). En la Tabla 5-1 se presenta el promedio de esporas en los casos positivos de cada departamento y los respectivos valores máximos y mínimos.

Tabla 5-1: Promedio de esporas de *Nosema spp.*, en las muestras positivas.

DEPARTAMENTO	Promedio esporas	Máximo	mínimo
Boyacá	519.271	2.663.125	22.500
Magdalena	68.125	94.375	33.125
Sucre	24.602	43.750	3.125

Este estudio constituye el primer reporte de la presencia de *Acarapis woodi* y *Nosema spp* en abejas africanizadas de Colombia. Es de aclarar que durante el muestreo no se evidenció sintomatología compatible con éstos dos patógenos, incluso en las colmenas de donde procedieron las 6 muestras positivas a *A. woodi*, y en las 28 a *Nosema spp*; por tanto se consideraron como infestadas mas no enfermas.

Es de anotar que en un apiario de Boyacá, en donde se hallaron 6 de las 7 colmenas positivas a *Nosema*, también se detectó una de las 6 muestras positivas a *Acarapis*, presentándose coinfección en esa colmena. Las restantes 5 muestras positivas a *Acarapis*, procedieron de otro apiario, pero de un mismo apicultor. En las 30 colmenas muestreadas de estos dos apiarios (en donde se hallaron *Nosema* y *Acarapis*), en otra parte de este estudio, se detectó por RT-PCR en tiempo real, 1 muestra de abejas adultas positiva a virus de alas deformes (DWV) en un apiario, mientras que en el otro, se hallaron 5 muestras positivas a virus de la celda real negra (BQCV), sin embargo no hubo ninguna correlación entre estos hallazgos. En las restantes colmenas positivas a *Acarapis* (5 de Magdalena y 11 de Sucre), algunas de ellas fueron positivas a BQCV o a virus de cría ensacada (SBV), pero tampoco hubo ninguna correlación.

Adicionalmente en las 491 colmenas muestreadas, no se evidenció la presencia de otros parásitos como *Aethina tumida* y *Tropilaelaps spp*, de los cuales no se ha tenido evidencia en el país.

La baja prevalencia de *Nosema* y *Acarapis*, junto con la práctica de no emplear tratamientos antibióticos y acaricidas en estas poblaciones, sugieren que las abejas de nuestro país pueden haber desarrollado un proceso de control natural contra todos estos agentes. Este proceso puede deberse a que la apicultura colombiana emplea híbridos africanizados y que a su vez el sistema de producción de miel y de polen no es intensivo y

a que la práctica de polinización de cultivos con abejas es mínima; esto resulta en una baja movilidad de las colmenas a lugares distantes, lo cual disminuye la diseminación de patógenos. De otra parte, comparado con los otros países, la mayoría de apicultores en Colombia tiene un bajo número de colonias (no más de 200), distribuidas en diferentes apiarios, lo cual reduce el manejo intensivo de las colmenas. Para corroborar esta situación es necesario implementar más estudios de diagnóstico, monitoreo y control en las regiones en estudio y en otras partes del país.

Finalmente debe notarse que a pesar de los mecanismos de defensa natural, las abejas pueden ser afectadas por patógenos que llegan a los apiarios, por migración, venta y transferencia de colmenas y de reinas infectadas o por uso de equipo contaminado. Esta situación se ha incrementado por la globalización, que ha permitido que todos estos elementos puedan ser transportados a grandes distancias y aún entre continentes, introduciendo enfermedades en lugares donde no se encontraban previamente. Por estas razones, los resultados de este estudio pionero en Colombia, puede ser empleados por los entes de gubernamentales del país, para la toma de decisiones en programas de salud y control, que eviten la diseminación de Nosemosis y de Acarapisosis en la apicultura en Colombia.

5.5 Agradecimientos

Los autores desean expresar sus más sinceros agradecimientos a Edgar Arias, Carlos Baez, Umberto Moreno y Rogelio Rodríguez por ayudar en la colecta y procesamiento de las muestras; de igual forma agradecemos a las asociaciones de apicultores por proveer las muestras.

Este trabajo fue financiado por el Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación – COLCIENCIAS. Programa Nacional 202010018161: “Identificación de patógenos causantes de enfermedades en *Apis mellifera* e implementación de un plan de mejoramiento genético, basado en la selección de parentales con características sanitarias y productivas superiores, para aumento de la competitividad en tres regiones de Colombia”, El proyecto se denominó: “Identificación de patógenos y determinación de infestación por *Varroa destructor* en *Apis mellifera*, causantes de pérdidas económicas en la apicultura colombiana”

5.6 Bibliografía

Antúñez, K., Anido, M., Branchiccela, B., Harriet, J., Campa, J., Invernizzi, C., ... & Zunino, P. (2015). Seasonal variation of honeybee pathogens and its association with pollen diversity in Uruguay. *Microbial ecology*, 70(2), 522-533.

Bravo, J., Carbonella, V., Valdebenito, J. T., Figueroa, C., Valdovinos, C. E., Martín-Hernández, R., ... & Delporte, C. (2014). Identification of *Nosema ceranae* in the Valparaíso District, Chile. *Arch Med Vet*, 46, 487-491.

de Blas I, Ruiz-Zarzuela I, Bayot B, Ferreira Ch. (2008) Manual de Epidemiología Veterinaria. Unidad de Patología Infecciosa y Epidemiología. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Zaragoza. España. 2008. Ed. ReGABA

Cantwell, G. E. (1970). Standard methods for counting *Nosema* spores. *Amer Bee J*. 110, 222-223.

Francoy, T. M., Wittmann, D., Steinhage, V., Drauschke, M., Müller, S., Cunha, D. R., ... & Arias, M. C. (2009). Morphometric and genetic changes in a population of *Apis mellifera* after 34 years of Africanization. *Genet. Mol. Res*, 8(2), 709-717.

Fries, I., Ekbohm, G., & Villumstad, E. (1984). *Nosema apis*, sampling techniques and honey yield. *Journal of Apicultural Research*, 23(2), 102-105.

Gamboa, V., Ravoet, J., Brunain, M., Smagghe, G., Meeus, I., Figueroa, J., ... & de Graaf, D. C. (2015). Bee pathogens found in *Bombus atratus* from Colombia: A case study. *Journal of invertebrate pathology*, 129, 36-39.

Higes, M., Martín, R., & Meana, A. (2006). *Nosema ceranae*, a new microsporidian parasite in honeybees in Europe. *Journal of invertebrate pathology*, 92(2), 93-95.

Hinojosa, A., & Gonzalez, D. (2004). Prevalencia de parásitos en *Apis mellifera* L en colmenares del secano costero e interior de la VI Región, Chile. *Parasitología latinoamericana*, 59(3-4), 137-141.

Huang, W., Jiang, J., Chen, Y., & Wang, C. (2005). Complete rRNA sequence of *Nosema ceranae* in honey bees in Europe. *J. Invertebr. Pathol*, 92, 81-83.

Klee, J., Besana, A. M., Genersch, E., Gisder, S., Nanetti, A., Tam, D. Q., ... & Message, D. (2007). Widespread dispersal of the microsporidian *Nosema ceranae*, an emergent pathogen of the western honey bee, *Apis mellifera*. *Journal of invertebrate pathology*, 96(1), 1-10.

Martín-Hernández, R., Meana, A., Prieto, L., Salvador, A. M., Garrido-Bailón, E., & Higes, M. (2007). Outcome of colonization of *Apis mellifera* by *Nosema ceranae*. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(20), 6331-6338.

Martínez Puc, J. F., Medina Medina, L. A., & Catzín Ventura, G. A. (2011). Frecuencia de *Varroa destructor*, *Nosema apis* y *Acarapis woodi* en colonias manejadas y enjambres silvestres de abejas (*Apis mellifera*) en Mérida, Yucatán, México. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 2(1), 25-38.

Menapace, D. M., & Wilson, W. T. (1980). *Acarapis woodi* mites found in honeybees [*Apis mellifera*] from Colombia, South America. *American Bee Journal (USA)*.

[OIE] Organización Mundial de la Sanidad Animal. 2016. Manual de la OIE sobre animales terrestres. Capítulo 2.9.1. Acariosis de las abejas melíferas. [Citado 2016 junio 5]. Disponible en: <http://www.oie.int/es/normas-internacionales/manual-terrestre/acceso-en-linea/>

[OIE] Organización Mundial de la Sanidad Animal. 2016. Manual de la OIE sobre animales terrestres. Capítulo 2.2.4. Nosemosis de las abejas melíferas. [Citado 2016 junio 5]. Disponible en: <http://www.oie.int/es/normas-internacionales/manual-terrestre/acceso-en-linea/>

Plischuk, S., Martín-Hernández, R., Prieto, L., Lucía, M., Botías, C., Meana, A., ... & Higes, M. (2009). South American native bumblebees (Hymenoptera: Apidae) infected by *Nosema*

ceranae (Microsporidia), an emerging pathogen of honeybees (*Apis mellifera*). *Environmental Microbiology Reports*, 1(2), 131-135.

Ritter, W (1996) Diagnostik und Bekämpfung der Bienenkrankheiten [Diagnosis and control of bee diseases]. Gustav Fischer Verlag; Jena, Stuttgart, Germany.

Rodríguez, M., Vargas, M., Antúnez, K., Gerding, M., Ovidio Castro, F., & Zapata, N. (2014). Prevalence and phylogenetic analysis of honey bee viruses in the Biobío Region of Chile and their association with other honey bee pathogens. *Chilean journal of agricultural research*, 74(2), 170-177.

Sánchez, O. A., Castañeda, P. C., Muños, G., & Tellez, G. (2013). Aportes para el análisis del sector apícola Colombiano. *Journal of Agricultural science and Technology*, 2(4), 469-483.

Wilson, W. T., & Nunamaker, R. A. (1982). The infestation of honeybees in Mexico with *Acarapis woodi* [*Apis mellifera*]. *American Bee Journal (USA)*.

Wilson, W. T., & Nunamaker, R. A. (1985). Further distribution of *Acarapis woodi* in Mexico. *The American bee journal (USA)*.

6. Discusión, Conclusiones y Recomendaciones

6.1 Discusión

Desde la introducción de las abejas europeas a América Latina, durante la conquista, este linaje ha sido parte de la apicultura en esta región, como en el caso de Colombia, sin embargo con la llegada de las abejas africanizadas a nuestro país en la década de los 70s, muchos apicultores desertaron de la actividad, principalmente por la alta defensividad de los híbridos africanizados, reduciéndose así la producción. No obstante, en los siguientes años y hasta hoy, los apicultores aprendieron a trabajar con los híbridos resultantes, argumentando que generan un mayor rendimiento en producción y se cree que son más resistentes a enfermedades. De otra parte, algunos apicultores continúan importando reinas europeas, pues según ellos confieren mayor producción y mansedumbre, pero otro sector afirma que su producción es menor y que con su introducción, podrían haber entrado al país agentes infecciosos que hoy día, afectan productiva y sanitariamente a la apicultura mundial (Sánchez et al., 2013)

Actualmente en nuestro país no hay ningún sistema de detección, información y valoración tanto a nivel oficial como privado, que permita determinar cuáles patógenos están presentes en Colombia y su impacto económico; así como tampoco se tiene certeza, de cuál es el grado de africanización de las abejas que se manejan productivamente en el país y si existe una relación entre la africanización y la presencia o ausencia de enfermedades. Por tal razón, el implementar técnicas diagnósticas sensibles y específicas como las moleculares, para detectar en el país las enfermedades infecciosas y parasitarias apícolas reportadas mundialmente, así como para establecer una posible relación de la prevalencia de virus, con el genotipo de las poblaciones apícolas del país, constituye un primer paso hacia el mejoramiento de la productividad de la apicultura en Colombia.

Es de suma importancia el establecer la relación de la presencia de virus en estos biotipos, pues se tiene la concepción que los híbridos africanizados son más resistentes a la infestación por *Varroa destructor* y por ende, al parecer son menos propensos a infecciones. Los apiarios involucrados en este estudio emplean abejas africanizadas y en éstos la prevalencia por *Varroa*, fue alta (92%), pero interesantemente el nivel de infestación fue bajo (4,6% en promedio). Adicionalmente, el 68% de las colmenas presentaron un IVA menor al 5%. Estos hallazgos son muy notorios, considerando que en estos apiarios no se aplican tratamientos acaricidas, lo cual es una costumbre en el territorio colombiano, en particular porque según los apicultores, las abejas toleran la infestación de *Varroa* y no se ven afectadas en morbilidad, mortalidad y en sus niveles de producción de miel y polen. El departamento de Magdalena, fue el que presentó el mayor IVA en promedio (6,1%) y a su vez, comparado con Boyacá y Sucre, fue el que tuvo el mayor porcentaje de colmenas con un IVA mayor al 5, 10 y 15%; interesantemente en este departamento fue donde se halló la mayor prevalencia de ABPV, BQCV y SBV; y la segunda de DWV (más alta en Boyacá). En contraste, Sucre presentó el menor número de muestras (20%) con un IVA mayor al 5% y a su vez fue el que registró las menores prevalencias de los 4 virus. Estos datos son muy interesantes, pues muestran una correlación entre niveles de IVA superiores al 5% de IVA y la prevalencia de virus (Tabla 6-1).

En las colmenas de las tres regiones, se detectó la presencia de cuatro virus, cuyas prevalencias fueron: DWV 19%, ABPV 7.2%, SBV 21% y BQCV 17%; éstos porcentajes son aparentemente más bajos comparados con las prevalencias reportadas en otros países de Suramérica (Antúnez et al., 2005 and 2015; Freiberg et al., 2012; Reynaldi et al., 2010; Rodríguez et al., 2014, Texeira et al., 2008). Estos datos son muy significativos, considerando que este estudio involucró un gran número de colmenas y a su vez, comparado con estos países, Colombia tiene el número más bajo de éstas, representando un 10%, con respecto a esas naciones. Adicionalmente durante el muestreo, no se evidenciaron síntomas de enfermedad, relacionados con los virus detectados.

En esta investigación no se detectaron los virus de parálisis Israelí, parálisis de Kashmir, ni de parálisis crónica (IAPV, KPV, CBPV). Estos resultados son similares a lo que inicialmente se encontró en los otros países de Sur América, aunque recientemente en

Argentina y Brasil, la presencia de IAPV fue detectada (Reynaldi et al.; 2011; Texeira et al., 2012).

En cuanto a la detección de bacterias, los hallazgos de este estudio, constituyen el primer reporte de la presencia de *Melissococcus plutonius* en Colombia y de la ausencia de *P. larvae*. La prevalencia para *M. plutonius* fue del 3,6%, encontrándose en los tres departamentos (Tabla 6-1). Es de aclarar que durante el muestreo no se evidenció sintomatología compatible con ninguna de las dos Loques, incluso en las colmenas de donde procedieron las 7 muestras positivas a Loque Europea, por tanto se consideraron como muestras infectadas, mas no enfermas. Este hallazgo junto con la práctica de no emplear tratamientos antibióticos en estas poblaciones, sugiere que quizás las abejas de nuestro país han desarrollado un proceso de control natural contra esta bacteria, y/o que existen factores ambientales o de producción que no promueven su diseminación e infectividad.

Con respecto a la detección de parásitos apícolas, el ácaro *A. woodi* fue detectado solamente en 6 colmenas de 164 muestreadas en Boyacá y en 3 muestras de un caso de mortalidad de abejas adultas por plaguicidas en el departamento de Cundinamarca. En el caso del microsporidio *Nosema spp*, éste fue detectado en 25 de las 491 muestras (5,1%): 7 en Boyacá (4,2%), 7 en Magdalena (4,4%) y 11 en Sucre (6,5%) (Tabla 6-1). Los hallazgos de este estudio, constituyen el primer reporte de la presencia de *Acarapis woodi* y *Nosema spp* en abejas africanizadas de Colombia. La baja prevalencia de estos parásitos y la ausencia de sintomatología en las colmenas muestreadas, sugiere que hasta el momento, estas poblaciones no se ven afectadas por estos organismos. Es de resaltar que éste es el primer reporte de la presencia de *A. woodi* en Suramérica, posterior al proceso de africanización, pues como se mencionó anteriormente, el único estudio fue el de Menapace y Wilson en 1980, en abejas europeas de Colombia.

Tabla 6-1: Correlación entre la prevalencia de *Varroa*, el índice de infestación (IVA), la prevalencia de virus, bacterias y parásitos.

Depto	Prev. Varroa %	IVA %	% de muestras IVA >5%	Prev. DWV %	Prev. ABPV %	Prev. SBV %	Prev. BQCV %	Prev. EFB %	Prev. Nosema %	Prev. Acarapis %
Boyacá	89	4	24	28	4	11	22	0,6	4,2	3,6
M/lana	96	6.1	53	21	14	51	27,5	1,9	4,4	0
Sucre	90	3.7	20	7	3	2,5	0,8	1,8	6,5	0
Prom	92	4,6	32	19	7,2	21	17	1,4	5,1	1,2

Fuente: Elaboración propia.

En cuanto a la determinación del estatus genotípico de las poblaciones apícolas de Colombia, se creía empíricamente que la apicultura del país era netamente africanizada, sin embargo hasta este estudio, no existía ningún sistema de información que permita determinar el estatus genotípico de las abejas de esta industria en el país. Según los productores, el crecimiento apícola nacional, ha sido posible gracias a los rendimientos productivos de la apicultura africanizada; sin embargo, los problemas asociados a los ataques de los híbridos africanizados, han hecho que algunos apicultores continúen importando reinas europeas, desde otros países o incluso desde el territorio insular de Colombia: San Andrés Islas; este departamento es el único que conserva su apicultura con abejas europeas. Aunque la introducción de estos núcleos europeos, ha sido encaminada principalmente a conferir mansedumbre, no son muchos los apicultores que las emplean, pues en su gran mayoría continúan trabajando con los híbridos africanizados, incluso con la captura de enjambres silvestres. Esta situación ha hecho que la mezcla genética de los apiarios sea cada vez más diversa, sin embargo hoy en día no se cuenta con un registro preciso de las importaciones, ni de la caracterización del material genético con el que se cuenta.

Los resultados de esta investigación, indicaron que las poblaciones de *Apis mellifera* de los tres departamentos del estudio de prevalencia de patógenos: Magdalena, Sucre y Boyacá; poseen en su totalidad mitotipos de africanización, de forma similar se estudiaron las poblaciones de otros 3 departamentos: Antioquia, Huila, Cundinamarca; en donde la gran mayoría de los mitotipos fueron africanizados. En total fueron determinados 17

mitotipos africanizados (A): A1, A1b, A1e, A4, A11. A26, A26a, A26b, A26c, A26d, A29a, A30, A36, A39, A44, A46 y A47; y 2 correspondientes a mitotipos europeos (C): *ligística* y *cárnica*, que solo representaron el 1,3%. Estos resultados indican que en realidad la apicultura de estas áreas del país, es de tipo africanizado.

La alta prevalencia y la variedad de mitotipos africanizados obtenidos en Colombia, concuerdan con la idea de que se han presentado un gran número de introgresiones y de cruces entre híbridos africanizados derivados de *Apis mellifera scutellata*, especialmente procedentes de Brasil, donde originalmente se diseminó este linaje, tras su escape accidental. Quizás, entre los factores que ha permitido la expansión de estos híbridos africanizados en el país, ha sido la variedad climática y de flora que les ofrece un hábitat ideal para su desarrollo. De otra parte, el hecho de que la gran mayoría de los apicultores mantienen y reproducen sus colmenas con híbridos africanizados, aumenta su diseminación y adicionalmente muchos de ellos atrapan enjambres de vida silvestre para aumentar su pie de cría y de esta forma aumentar sus ingresos. Otro factor determinante en la expansión de los híbridos africanizados, lo constituye la aparición de *Varroa destructor* en la década de los 80s, pues como es sabido los linajes europeos son más susceptibles a este parasitismo, lo cual diezmó su población en el continente americano y en este caso sucedió lo mismo en Colombia. Según Pinto et al., (2004 y 2005), el reemplazo de las poblaciones de abejas europeas en Texas, por híbridos africanizados, fue coincidente con el arribo de *Varroa* a ese país y con grandes pérdidas de colmenas europeas. En el caso de Colombia, la *Varroa* está presente en todo el territorio Colombiano, excepto en San Andrés Islas, en donde la población de abejas, aún es netamente Europea. Esta situación refuerza la idea de que la *Varroa* fue determinante en la selección de las poblaciones africanizadas y la declinación de las europeas.

Acerca de la comparación entre la apicultura basada en híbridos africanizados y otros sistemas, interesantemente en países como Estados Unidos y de Europa, donde otra clase de abejas son empleadas en polinización comercial, los virus patogénicos como DWV han incrementado su prevalencia y su virulencia, tanto en poblaciones manejadas como en silvestres, cambiando de infecciones inaparentes a manifiestas, con mortalidades de las colmenas; por ejemplo, de acuerdo a Wilfert et al., (2016), hay una pandemia global de DWV, mediada por poblaciones de abejas europeas y amplificada por el traslado de colmenas, de materiales infectados y adicionalmente por la presencia de *V. destructor*. Sin

embargo se necesitan más estudios con el fin de determinar la prevalencia de estos virus y su correlación con los niveles de *Varroa*.

Uno de estos estudios en este aspecto, fue publicado por Locke, Forsgren y Miranda (2014), quienes correlacionaron la carga viral por RT-PCR en tiempo real de DWV, SBV y BQCV con los niveles de infestación de *Varroa* en dos poblaciones de abejas europeas ubicadas en la isla de Gotland en Suecia: una naturalmente resistente a *Varroa* y otra susceptible. Los hallazgos indican que la población resistente a los ácaros, aunque tenía niveles similares de DWV, tenía menores cargas virales de SBV y de BQCV; y a su vez lograron sobrevivir al otoño, mientras que la población susceptible pereció.

Acerca de la resistencia natural contra los virus en abejas africanizadas, comparadas con las abejas europeas, pocos estudios se han reportado; tan solo recientemente Mendoza et al., (2014), en su investigación hecha en abejas colectadas en Uruguay, determinó que poblaciones africanizadas tenían un nivel de infección de BQCV menor que las poblaciones europeas y que a su vez eran más grandes y más productivas. En otro estudio, realizado por Hamiduzzaman et al., (2015) se estableció que una población de abejas africanizadas, parasitadas con *Varroa* (grupo experimental de México), tenía menores niveles relativos de replicación de BQCV y de DWV, comparado con una población de abejas europeas (grupo experimental de Canadá). Los autores sugieren que la resistencia natural de las abejas africanizadas a *Varroa*, puede también estar relacionada con una posible resistencia al virus.

Nuestros resultados son concordantes con los datos obtenidos de estos estudios, pues también se encontró una relativa baja prevalencia de virus en las poblaciones africanizadas en las tres regiones y una baja infestación de *Varroa*. Estos hallazgos junto con la práctica de no emplear acaricidas en estos apiarios y la aparente ausencia de síntomas de enfermedades virales, sugiere que las abejas de nuestro país pueden haber desarrollado un proceso de resistencia natural contra *Varroa* y por ende una baja carga viral de patógenos transmitidos por éste ectoparásito. Este proceso puede haberse desarrollado en razón a que la apicultura colombiana usa híbridos africanizados y a su vez el sistema de producción de miel y de polen, no es intensivo y la práctica de polinización de cultivos con abejas es mínima, esto resulta en una baja movilidad de las colmenas a lugares distantes, lo cual disminuye la diseminación de patógenos. De otra parte, comparado con

los otros países, la mayoría de apicultores en Colombia tiene un bajo número de colonias (no más de 200), distribuidas en diferentes apiarios, lo cual reduce el manejo intensivo de las colmenas.

En cuanto a las relaciones filogenéticas de las secuencias virales obtenidas, desafortunadamente no hay disponibles muchas secuencias reportadas en las bases de datos, provenientes de otros países Suramericanos, como Brasil, de donde provinieron los híbridos africanizados que llegaron a Colombia, de igual forma tampoco se dispone de secuencias de naciones del Mediterráneo, como España, Italia o Portugal, de donde procedieron los ejemplares de abejas europeas que fueron traídas al país desde el inicio de la apicultura y que se han importado en los últimos años. Esta situación hace que no se pueda determinar un posible origen de los virus detectados en este estudio y tampoco establecer relaciones filogenéticas con aislados de esos países; adicionalmente es de anotar que para tal efecto, es muy importante el emplear los mismos genes que se han utilizado por otros autores o mejor aún el involucrar varios genes. A manera de ejemplo, en el caso de ABPV, sí se han reportado secuencias de Brasil, Chile y Uruguay, pero corresponden al gen de la cápside viral, lo cual impide su comparación con las secuencias de la polimerasa del presente estudio.

Por tanto para verificar la dinámica y la prevalencia de estos virus y su correlación con los ácaros, se necesitan más estudios en estas tres regiones y en otras zonas de Colombia, enfocadas a determinar las cargas virales y establecer sus relaciones con los diferentes niveles de infestación por *Varroa*, al igual que implementar programas de monitoreo para detectar síntomas de la enfermedad.

Finalmente debe notarse que a pesar de los mecanismos de defensa natural, las abejas pueden ser afectadas por patógenos que llegan a los apiarios, por migración, venta y transferencia de colmenas y de reinas infectadas o por uso de equipo contaminado. Esta situación se ha incrementado por la globalización, que ha permitido que todos estos elementos puedan ser transportados a grandes distancias y aún entre continentes, introduciendo enfermedades en lugares donde no se encontraban previamente.

Los hallazgos de este estudio pionero en Colombia, pueden ser empleados por los entes de gubernamentales del país, para la toma de decisiones en programas de salud y control

apícola y en la implementación de planes de mejoramiento genético, para aumento de la competitividad de la apicultura nacional.

6.2 Conclusiones

6.2.1 Conclusiones de detección de patógenos

En razón a que en Colombia hasta el momento, no se había realizado ningún tipo de estudios del status sanitario de las abejas melíferas, este trabajo se convirtió en un proyecto pionero en el país y uno de los pocos en Latinoamérica con un amplio muestreo (cerca de 500 colmenas de 3 regiones), que involucró larvas y adultas, lo cual permitió obtener un registro confiable de prevalencias de microorganismos patógenos, mediante técnicas sensibles y específicas de biología molecular como la PCR y RT-PCR en tiempo real.

Se determinó que aunque el nivel de prevalencia de *Varroa destructor* fue alta (92%), el índice de infestación (IVA) fue bajo: 4,6% en promedio, con el 68% de colmenas con menos del 5% de IVA.

De los siete virus patogénicos apícolas, cuatro de ellos fueron detectados tanto en larvas como en adultos en las tres regiones, con las siguientes prevalencias: Virus de Alas Deformes (DWV) 19%, Virus de Parálisis Aguda (ABPV) 7,2%, Virus de la cría Ensacada (SBV) 21%, y Virus de la Celda Real Negra (BQCV) 17%. En ningún caso se detectó sintomatología asociada a estos virus.

El análisis de secuenciación de los amplicones obtenidos por RT-PCR convencional, confirmó una correcta amplificación de los virus y permitió establecer las relaciones filogenéticas al compararlas con las secuencias de referencia. Se observó una pequeña divergencia de variantes, agrupadas en clusters de alta similaridad.

De las dos bacterias que causan enfermedades apícolas, solo fue detectada *Melisococcus plutonius*, causante de Loque Europea en 7 muestras de larvas (1,4%), sin embargo no se registraron síntomas de la enfermedad. Se reportó la no detección de *P. larvae*, causante de Loque Americana, en ninguna de las colmenas muestreadas.

Adicionalmente se reporta por primera vez en abejas africanizadas del país, la detección del ácaro *A. woodi*, en el 1,2% de las colmenas en estudio y de *Nosema spp.*, en 25 de las 491 muestras (5,1% de prevalencia).

6.2.2 Conclusiones de mitotipos de africanización

La amplificación por PCR convencional y posterior secuenciación de la región intergénica de citocromo oxidasa I y II mitocondrial, es un proceso rápido y sensible para obtener resultados de identificación de mitotipos.

Se reporta que para los apiarios en estudio de los 6 departamentos: Antioquia, Huila, Cundinamarca, Magdalena, Sucre y Boyacá; el 98,7% de las colmenas corresponden a linajes africanizados, con lo que se puede afirmar que la Apicultura de estos departamentos es evidentemente Africanizada, lo cual puede ser el reflejo de la situación en todo el país, aunque se necesitan más estudios en otras regiones productivas.

6.2.3 Conclusiones generales

Este es el primer estudio a gran escala de virus patógenos en Colombia y sus resultados contribuyen al entendimiento del papel de *V. destructor* en la transmisión y diseminación de virus, en poblaciones resistentes a la infestación de ácaros, como las abejas africanizadas.

La alta prevalencia de *Varroa* y el bajo nivel de infestación (IVA), encontrado en las colmenas en este estudio, las cuales nunca han recibido ningún tipo de tratamiento acaricida, junto con una relativa baja prevalencia de virus y la ausencia de síntomas, sugieren que las abejas africanizadas empleadas en nuestro país, han generado resistencia a la infestación de *V. destructor* y por ende, estas poblaciones de abejas presentan menos infecciones virales.

Estos resultados podrán ser empleados por apicultores y a los entes gubernamentales agropecuarios del país, para que puedan ser empleados en la toma de decisiones en programas de salud y control apícola así como en programas de mejoramiento genético.

6.3 Recomendaciones

A fin de obtener un panorama más amplio del estatus sanitario y genético de la apicultura colombiana, así como para poder establecer posibles correlaciones entre el genotipo africanizado y la resistencia o susceptibilidad a enfermedades, es recomendable ampliar la investigación en los siguientes aspectos:

- Realizar monitoreos periódicos en las mismos apiarios de este estudio, especialmente en las colmenas positivas, a fin de establecer si se presentan sintomatologías o manifestaciones de enfermedad.
- Realizar muestreos en los posibles casos con sintomatología, compatibles con enfermedades apícolas y realizar las técnicas de PCR para la detección de los patógenos.
- Efectuar este mismo tipo de estudio en otras zonas del país, tanto en el área continental, como en el área insular, donde la apicultura es de tipo europea.
- Desarrollar actividades de investigación adicionales, tales como detección de los virus patogénicos en muestras de *Varroa* obtenidas en las mismas colmenas en estudio, así como evidenciar la replicación viral en estos ácaros y en las abejas del muestreo.
- Secuenciar muchos más amplificadores virales, que permitan establecer relaciones filogenéticas entre las muestras de diferentes zonas del país y de los virus presentes en *Varroa*.
- Cuantificar mediante PCR en tiempo real, el nivel de copias de cada virus presente en cada muestra, así como en posibles casos de enfermedades, a fin de establecer si existen posibles diferencias en el número de copias virales, tanto en poblaciones de abejas africanizadas y de europeas.
- Determinar el nivel de transcritos de genes involucrados en la respuesta inmune de abejas con y sin sintomatología.

- Realizar muestreos en especies de abejas nativas, así como en especies de abejorros silvestres, con el fin de determinar si pueden albergar algún tipo de patógenos de los que afectan a *Apis mellifera*.
- Determinar la presencia o ausencia de patógenos apícolas en miel, jalea real y polen.
- Implementar la detección de parásitos como *Acarapis woodi* y *Nosema*, por PCR convencional y en tiempo real, para realizar una detección más sensible y rápida y que a su vez permita diferenciar las especies de *Nosema* presentes en los apiarios (*N. apis* y/o *N. ceranae*).
- Realizar estudios metagenómicos en poblaciones de abejas africanizadas para compararlas con los reportes científicos, efectuados en abejas europeas.

Oportunidades, fortalezas y limitaciones de realizar esta investigación en Colombia

En nuestro país, la apicultura es de carácter artesanal y no industrial y se dedica principalmente a la producción de miel y de polen, mientras que en los países desarrollados su destino es mayormente para la polinización de cultivos en forma industrializada. Esto hace que la apicultura en Colombia, no represente un renglón importante en su economía agropecuaria y por ende no existe ningún programa de detección de enfermedades, ni mucho menos de monitoreo epidemiológico. Por tal razón esta tesis, determinó por primera vez, cuáles de éstos patógenos están presentes en Colombia, mediante un muestreo de gran magnitud (considerando el número de colmenas del país y que no existe un reporte previo).

Las técnicas que empleadas para tal fin, son las que se han seguido en los trabajos científicos reportados mundialmente, pues se contó con las metodologías de biología molecular como PCR y RT-PCR convencional, para la detección sensible y específica de los patógenos apícolas; más aún los protocolos que se siguieron son los que se han establecido en el laboratorio de investigaciones en abejas del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (Bee Research Lab- USDA Beltsville MD) y en laboratorios de Europa.

Estos hallazgos permitirán tener un impacto académico, social y político, pues serán dados a conocer a los apicultores y a los entes de gubernamentales del país, para que puedan ser empleados en la toma de decisiones en programas de salud y control apícola.

Oportunidades y fortalezas

- El grupo de Investigación en Ciencia y Tecnología Apícola AYNI, es el grupo líder en el país en el desarrollo de proyectos de investigación apícola en el país.
- En razón a que en Colombia no se han realizado ningún tipo de estudios del status sanitario de las abejas melíferas, este estudio se convierte en un estudio pionero en el país y uno de los pocos en Latinoamérica.
- El amplio muestreo (500 colmenas de 3 regiones), que involucró larvas y adultas, permitió obtener un registro confiable de prevalencias de enfermedades.
- Se contó con financiación para el muestreo y para las pruebas moleculares.
- El laboratorio de Microbiología Veterinaria de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional de Colombia, donde se desarrolló el proyecto, contó y cuenta con los equipos de biología molecular necesarios para la ejecución y adicionalmente se tuvo el apoyo y la colaboración científica de investigadores líderes en investigación apícola en el mundo.

Limitaciones:

- En razón a que no se conocía si alguna de las enfermedades apícolas, se encontraba en el país y no se tenía ningún tipo de reporte, el muestreo se circunscribió a muestras tomadas aleatoriamente y sin seguimiento de sintomatología.
- Aunque se contó con un presupuesto adecuado para la ejecución de este proyecto, en razón a la gran cantidad de muestras que se procesaron (más de 500 de abejas adultas y 500 de larvas), y de los diferentes protocolos de PCR empleados no fue económicamente posible, el hacer cuantificación de cargas virales (Lo cual se encuentra dentro de las recomendaciones para un estudio posterior.

ANEXO

A. Determinación del número de colmenas y de individuos necesarios para detectar cada patógeno

El proyecto de tesis tiene por objetivo general el **“Detectar e identificar por primera vez para Colombia, cuáles de los patógenos causantes de enfermedades que afectan a la apicultura mundial, están presentes en tres regiones del país”**.

Este objetivo obedece a que en la actualidad en Colombia, aunque se han reportado alteraciones y muertes de crías y de abejas adultas, al igual que bajas de producción, no hay ningún sistema de detección, información y valoración tanto a nivel oficial como privado, que permita determinar cuáles patógenos están presentes en el país.

En este caso, el muestreo se hará en apiarios comerciales de 3 departamentos del país (Sucre, Magdalena y Boyacá) tomando como individuo cada colmena. En razón a que los muestreos se harán al azar, sin búsqueda específica de sintomatología o de una enfermedad en particular, las muestras que resulten positivas por biología molecular para el caso de bacterias y virus y por microscopia para parásitos, se considerarán como muestras infectadas o infestadas, más no enfermas.

Este criterio obedece a que estas técnicas, especialmente las de PCR, permiten identificar si está o no presente, el ADN o ARN de un microorganismo dado en una muestra en particular, lo cual en primer lugar, no necesariamente indica que el individuo esté o no enfermo, pues el patógeno puede estar dentro del hospedero sin causar enfermedad, hasta que alguna circunstancia permita el desarrollo de la misma, vg: parasitismo, stress, plaguicidas, malnutrición, etc.

En segundo lugar, no se puede afirmar que una muestra positiva por PCR, represente a una colmena enferma, pues el material genómico detectado, puede proceder de gérmenes muertos ó en vía de descomposición ó en el caso de algunos virus y bacterias, en estado latente. Como se mencionó anteriormente, en cualquiera de estos casos la muestra positiva, se considerará como infectada.

Estimación de prevalencia como parámetro epidemiológico y su inferencia estadística

En cuanto a la medición de parámetros de enfermedad, en este estudio solo se determinará la **prevalencia** de cada una de ellas. Esto obedece principalmente a que como no se conoce cuáles de los patógenos están presentes en el país, se pretende muestrear el mayor número de sitios posible y por tanto solo se visitará cada sitio una sola vez y por ende no es factible el obtener varias muestras en diferentes tiempos, lo cual no es compatible con la definición y la medición de la incidencia.

Sin embargo estos resultados, permitirán en un futuro realizar un seguimiento y monitoreo de la industria apícola, a fin de establecer cuáles de estos agentes, están realmente causando enfermedades y pérdidas en este sector y determinar las tasas de incidencia de estos patógenos en un estudio complementario.

En este tipo de estudios descriptivos de determinación de prevalencia como éste, se busca detectar la presencia de al menos un animal enfermo o infectado, dentro de una población conocida, en donde se sospeche que la enfermedad se presenta con una determinado nivel.

Este estudio en particular es de tipo descriptivo, en donde se busca detectar la presencia de cada uno de los patógenos apícolas en cada una de las regiones y reportar el porcentaje de colmenas infectadas (larvas y adultas); para tal efecto, los datos se reportarán de la siguiente manera:

Para cada patógeno individualmente (mono-infección):

- Número de colmenas infectadas (larvas) con cada patógeno / Número total de colmenas (larvas) muestreadas por región. (x 100)
- Número de colmenas infectadas (adultas) con cada patógeno / Número total de colmenas (larvas) muestreadas por región. (x 100)

- Número de colmenas infectadas (larvas) con cada patógeno / Número total de colmenas muestreadas en las tres regiones. (x100)
- Número de colmenas infectadas (adultas) con cada patógeno / Número total de colmenas muestreadas en las tres regiones. (x100)

Para varios patógenos (infección mixta o múltiple):

- Número de colmenas infectadas (larvas) con varios patógenos / Número total de colmenas (larvas) muestreadas por región. (x 100)
- Número de colmenas infectadas (adultas) con varios patógenos / Número total de colmenas (adultas) muestreadas por región. (x 100)
- Número de colmenas infectadas (larvas) con cada patógeno / Número total de colmenas muestreadas en las tres regiones. (x100)
- Número de colmenas infectadas (larvas) con cada patógeno / Número total de colmenas muestreadas en las tres regiones. (x100)

Comparación de prevalencias de enfermedades apícolas: sentido epidemiológico y productivo.

Como se mencionó en la introducción, en la actualidad en Colombia, aunque se han reportado alteraciones y muertes de crías y de abejas adultas, al igual que bajas de producción, no hay ningún sistema de detección, información y valoración que permita determinar cuáles patógenos están presentes en el país; así como tampoco se tiene certeza de cuál es el grado de africanización de las abejas que se manejan productivamente en el país; adicionalmente no se conoce si estos linajes africanizados son más resistentes a las enfermedades, como se piensa en el sector apícola.

Por estas razones, un primer paso es el determinar cuáles de los patógenos apícolas existen en el país y cuál es su prevalencia; una vez conocidos estos niveles, el siguiente paso es el comparar estos datos, con los reportados en otros países.

En cuanto a este tipo de comparaciones, debe tenerse en cuenta que los países que mejor sistema de vigilancia epidemiológica y que a su vez han reportado el mayor número de estudios, son las naciones desarrolladas, las cuales a diferencia de la Apicultura Africanizada de Colombia y de parte de Latinoamérica estos países manejan linajes europeos de *Apis mellifera*, destinados principalmente a la industria de la polinización de cultivos comerciales y que en razón a esto trasladan de un lugar a otro las colmenas, exponiendo a las abejas a factores que predisponen al desarrollo de enfermedades; adicionalmente estas naciones cuentan con las 4 estaciones climáticas, lo cual genera otro tipo de dinámicas de transmisión y de prevalencias de enfermedades.

En todo caso, para que estos niveles de prevalencia, tengan sentido en la interpretación de salubridad y económica, deben correlacionarse con hallazgos sintomatológicos y productivos, pues muchos de estos niveles, pueden estar presentes en apiarios, sin aparentes alteraciones ó en otras ocasiones pueden estar asociados a casos de morbilidad y mortalidad. (Ver anexo de ejemplos de datos de prevalencias de enfermedades de abejas en otros países).

Determinación del número de muestras:

En estos estudios epidemiológicos, en particular en los que se busca detectar la presencia de un agente etiológico, es importante determinar un tamaño de muestra adecuado, que permita en primer lugar detectar el valor aproximado al verdadero número de infectados (en términos estadísticos y epidemiológicos) y en segundo lugar, que el número de muestras sea logística y económicamente viables de alcanzar.

El tamaño de la muestra está relacionado en forma directa con el posible número de enfermos, de forma que: a mayor número de éstos dentro de la población, existe una mayor probabilidad de muestrear (seleccionar) a uno de ellos y por ende esta situación permitirá disminuir el tamaño de muestra necesario.

Es importante anotar que el número de muestras a tomar, aumenta a medida que se incrementa el tamaño de la población, hasta que llega a un punto en el que se estabiliza (entre 1000 a 5000 individuos).

La fórmula para calcular el tamaño de muestra (n) es la siguiente:

$$n = \left[1 - (1 - IC)^{1/D} \right] \left[N - \frac{D - 1}{2} \right]$$

Dónde:

- IC: Intervalo de confianza (generalmente se establece en 95%)
- D= Número de animales enfermos en la población (D = N = prevalencia mínima esperada)
- N= Tamaño de la población

Se considera que una población está infectada cuando al menos haya D individuos infectados (ó enfermos). El valor del parámetro D puede ser fijado por el investigador, el cual puede considerarlo como un nivel de detección. En enfermedades graves D se lleva al mínimo valor posible, es decir, se establece en 1.

Para establecer el número de colonias a muestrear, se calculó el tamaño de muestra por medio de la plataforma WinEpi (Workin in Epidemiology) desarrollada por el doctor de Blas en la Universidad de Zaragoza. El portal www.winepi.net es una página de acceso libre, creada en el año 2006 que cuenta con el aval de la comunidad científica internacional.

El primer cálculo se refiere al número total de colmenas que deben muestrearse en el estudio; teniendo en cuenta que la población, es el número de colmenas que existen en cada departamento reportado por las asociaciones que participan en el proyecto.

No. DE COLONIAS REPORTADAS EN CADA DEPARTAMENTO

DEPARTAMENTO	ASOCIACIÓN BENEFICIARIA	No. DE COLMENAS REPORTADAS	% DE COLONIAS
Boyacá	ASOAPIBOY	1.000	18.51

Magdalena	APISIERRA	1.400	25.93
Sucre	ARPA	3.200	55.56
TOTAL		5.400	100

Fuente: Elaboración propia, 2014

Para determinar el tamaño de muestra en cada uno de los departamentos, se seleccionó un **NC** del 97% y una **P(D)** del 2%. El objetivo fue determinar el tamaño de muestra mínimo necesario para detectar una enfermedad (infección) en la población de colmenas en estudio. A continuación, se presentan los datos obtenidos para la definición del tamaño de muestra en cada una de los departamentos vinculados al proyecto.

DEPARTAMENTO	N. CONFIANZA	N	P.MÍNIMA ESPERADA	N. INFECTADOS A DETECTAR	N	%
Boyacá	97%	1.000	2%	20	160	16%
Magdalena	97%	1.400	2%	28	164	11.71%
Sucre	97%	3.200	2%	64	169	5.28%

N.=Número, P=Prevalencia, N= Población total, n=Tamaño de muestra necesario.

De acuerdo a la metodología propuesta el número total de colonias definido para establecer la presencia de enfermedades en los tres departamentos es 493 que corresponden al 9,1% de la población total estimada. En total se tomarán 986 muestras: 493 muestras de larvas y 493 de adultas.

Para el cálculo del número de ejemplares por colmena, también se empleó la plataforma WinEpi (Workin in Epidemiology), con los parámetros nivel de confianza del 95%, prevalencia mínima esperada 5%, teniendo en cuenta las poblaciones totales por departamento.

De acuerdo al algoritmo empleado en la plataforma se deben emplear al menos entre 58 y 59 individuos por cada colonia, en consecuencia se determinó un total de 60 individuos por colonia para pruebas de diagnóstico molecular de bacterias, virus y el endoparásito *Nosema spp.* (60 larvas y 60 abejas adultas) Para el caso de la valoración de la presencia

de los parásitos *Acarapis woodi*, *Varroa destructor* y *Tropilaelaps sp.*, se tuvieron en cuenta las recomendaciones de la OIE.

De Blas I, Ruiz-Zarzuela I, Bayot B, Ferreira Ch. Manual de Epidemiología Veterinaria. Unidad de Patología Infecciosa y Epidemiología. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Zaragoza. España. 2008. Ed. ReGABA.

Datos de prevalencias de enfermedades de abejas en otros países

Reportes en Estados Unidos:

Uno de los muchos estudios que han sido reportados, acerca del nivel de prevalencias en esta nación, lo constituye el realizado por Chen y colaboradores en 2004 del laboratorio de investigación en abejas del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA), en donde se detectaron por técnicas de biología molecular, diferentes virus y se determinó el porcentaje de colmenas infectadas con un solo virus, o con infecciones múltiples. Como se puede observar en la tabla resumen de este estudio, se encontraron prevalencias, tanto para mono-infecciones, como para infecciones duales, de entre el 2 al 43%, mientras que para infecciones múltiples o combinadas se hallaron porcentajes del 2 al 5%.

88

Y. Chen et al. / Journal of Invertebrate Pathology 87 (2004) 84–93

Table 2
Investigation of virus infections in honey bee colonies

Type of infection	Detected viruses	Bee stages detected with virus	% of colonies with infection(s) (N = 42)
Mono-infection	BQCV	Adult bee and Brood	12% (5/42)
	DWV	Adult bee and Brood	12% (5/42)
	KBV	Adult bee and Brood	12% (5/42)
	SBV	Adult bee and Brood	2% (1/42)
			Total: 38% (16/42)
Dual-infection	BQCV/DWV	Adult bee and Brood	43% (18/42)
	SBV/DWV,	Adult bee and Brood	5% (2/42)
	BQCV/SBV	Brood	2% (1/42)
			Total: 50% (21/42)
Triple-infection	KBV/DWV/SBV,	Adult bee and Brood	2% (1/42)
	DWV/BQCV/SBV	Adult bee and Brood	2% (1/42)
	KBV/BQCV/SBV	Adult bee and Brood	2% (1/42)
			Total: 7% (3/42)
Tetra-infection	KBV/DWV/SBV/BQCV	Adult bee and Brood	5% (2/42)

BQCV: Black Queen Cell Virus, DWV: Deforming Wing Virus, KBV: Kashmir Virus, SBV Sacbrood virus.

Reportes en Europa

En cuanto a reportes de los países europeos, se han publicado diferentes niveles, en diferentes países y que también difieren según las épocas climáticas y que corresponden a diferentes niveles de morbi-mortalidad; por ejemplo en Dinamarca, se registraron mortalidades con tan solo 14% de infección con el virus de parálisis aguda, mientras que en Austria y Francia, se obtuvieron tasas de infección del 68 y 58%, en colmenas sin signos de enfermedad. De otro lado se ha correlacionado el nivel de infestación de Varroa (baja, media y alta) con porcentajes de ABPV del 3%, 44% y 80% respectivamente, lo cual demuestra la estrecha relación entre este parásito y la transmisión de virus. (Genersch y Aubert 2010).

Reportes en Latinoamérica

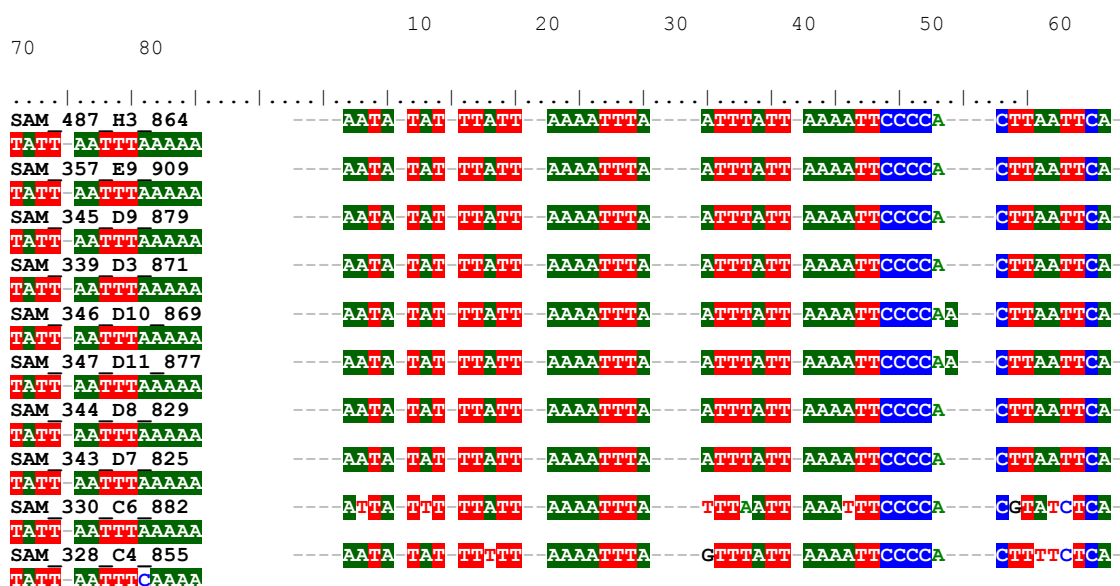
En cuanto a reportes de enfermedades en países latinoamericanos, se encuentran publicaciones en Argentina y Uruguay, que también manejan linajes de abejas europeas. Sin embargo uno de los países con los cuales se podrían comparar más cercanamente los datos de prevalencias, puede ser Brasil, en donde se cuenta con el mayor desarrollo de la Apicultura Africanizada y quizás seguido por México. Desafortunadamente, no son muchos los estudios que se han realizado, sin embargo en un reporte comparativo entre niveles de infección de virus de abejas en Argentina, Uruguay y Brasil; se reportaron porcentajes de monoinfección del 27 al 76% y de infección combinada del 6 al 9%. Un dato interesante en este estudio, es que en Brasil solo se encontró un tipo de virus (parálisis aguda), mientras que en Argentina y Brasil, se han encontrado, otros virus; quizás esta situación se debe a que en Brasil se manejan abejas africanizadas, mientras que en estos dos países, se manejan abejas europeas y más aún se han reportado pérdidas de colmenas similares al Desorden del Colapso de Colmenas.

Table 1. Comparative data of ABPV, CBPV and SBV in adult honey-bee samples investigated in Brazil (Teixeira *et al.*, 2008), Uruguay (Antúnez *et al.*, 2006) and Argentina (this study).

a. Only 20 samples investigated.

ABPV: Acute Bee Paralysis Virus, CBPV: Chronic Bee Paralysis Virus, SBV: Sacbrood Virus

ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS DE REFERENCIA Y SECUENCIAS OBTENIDAS DE MUESTRAS DE COLOMBIA



SAM 433 C9 866	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	GTTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	GTTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 358 E10 895	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	GTTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTAA	---	GTTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 476 G4 818	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 332 C8 873	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 353 E5 862	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 333 C9 897	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 324 B12 835	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
AATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 110 A5 868	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 384 G12 855	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 399 H10 878	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCT
SAM 111 A6 877	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCT
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 140 A7 896	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 342 D6 824	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 382 G10 869	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 439 D3 871	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 454 E6 881	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 383 G11 870	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 400 H11 938	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
AATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 415 B3 863	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
SAM 455 E7 823	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
AATT AATTTAAAAA	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
USA-3 A5 559	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA-1 C9 615	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA-4 F10 632	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA-3 D11 556	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA-2 D2 572	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA-2 A4 614	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA 2 B10 549	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
FJ037776 C11	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA 3 B11 569	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
SAM 23 B11 656	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA 1 B9 553	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
USA 4 H5 574	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
FJ037778 C14	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
FJ037777 C12	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCC	---	ACTTAATTCA				
SAN ANDRES 4 F10_553	---	TT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA				
TATT AATTTAAAAA	---	TT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA				

SAN_ANDRES_3_F5_657

```

-----
AAAAAT
CA 64 F04 553          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 189 H09 565          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 187 H07 639          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 188 H08 566          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 63 F03 543          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
ISRAEL C11 568          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 60 E12 549          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 107 A11 628          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 102 A06 582          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
ISRAEL-2 E2 561          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 65 F05 546          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
ISRAEL 2 G9 626          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
ISRAEL-1 E1 554          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 100 A04 1380          TT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 72 D12 632          A AAAATCCCCAA
TCTTAATTCAAATATT AATTTAAAAA
SAM_43_D7_693
-----

```

```

-----
SAM 76 G4 671          TTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 68 F8 635          T TAAAAATCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 449 E1 628          AATA TAT TCCCTT TCAATCTA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 109 B01 696          AATA TCC CTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 26 C2 741          AATA TAT TTATT TAAATTTT ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 97 A01 686          AATA TAC TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 159 F03 637          AATA TAT CTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 108 A12 694          AATA TAT CTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 230 C6 908          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 13 B1 738          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 233 C9 1460          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 291 H7 1405          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 437 D1 670          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 109 A9 700          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 46 D10 622          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 435 C11 682          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 123 B11 678          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 206 A6 712          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA_12_A12_634          AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATTCCCC  ACTTAATTCA
-----

```

TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 129 C09 637	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 284 G12 705	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 188 H4 681	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 447 D11 690	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 86 H02 620	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 243 D7 713	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 255 E7 709	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 81 G09 615	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 192 H8 708	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 178 G6 686	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 76 G04 628	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
GU326335 A1e	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 303 A10 677	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 91 H07 641	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 88 H4 698	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 97 B12 859	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 266 F6 1183	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 93 H09 623	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 269 F9 724	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CN 84 C7 704	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 74 G02 620	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
EF033649 A1 2	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 142 D10 628	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
SAM 59 E11 868	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 38 D02 630	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 66 F06 620	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 61 F01 613	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
CA 6 A06 630	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATTCCCC	ACTTAATTCA
FJ743638 M5	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
FJ743637 M4	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
FJ743636 M3	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
FJ743635 M2	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
FJ743634 M1	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
FJ743633 O5	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA
FJ743632_O5d	---	AATA TAT TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT CCC	ACTTAATTCA

[illegible]

SAM 79 G7 812	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 312 B6 895	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 316 C12 894	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
FJ743640 A26a	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 304 A11 862	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
GU326336 M3	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
CA 47 D11 880	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 317 D1 901	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
CA 41 D05 893	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 313 C2 907	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 311 A10 1395	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
CA 37 D01 897	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
ca 36 C12 901	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
CA 33 C09 887	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
CA 20 B08 815	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
CA 32 C08 879	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 310 A9 1427	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 308 F5 899	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 289 H5 1378	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 287 H3 870	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 282 G10 1365	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 136 C12 1343	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 143 D7 878	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 260 E12 1387	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 253 E5 914	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 242 D6 895	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 145 D9 1447	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 147 D11 1411	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 149 E1 1384	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 150 E2 907	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 155 E7 892	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 231 C7 883	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 159 E11 874	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 160 E12 650	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 161 F1 1378	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA										
SAM 162_F2_871	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATTCCCCA	---	CTTAATTCA

TATT	AATTTAAAAA
SAM 225 C1 880	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 163 F3 992	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 202 A2 1423	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 164 F4 838	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 166 F6 895	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 191 H7 741	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 187 H3 1436	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 185 H1 1365	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 184 G12 1384	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 177 G5 1413	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 175 G3 1443	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 325 C1 619	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 148 D12 1300	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 286 H2 1350	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 203 A3 569	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 314 C3 1373	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 157 E9 771	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 265 F5 1378	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 6 A6 815	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 296 H12 897	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 290 H6 899	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 288 H4 864	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 193 H9 888	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 146 D10 1382	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 249 E1 645	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 224 B12 1365	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 74 G2 831	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 232 C8 903	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 279 G7 890	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 300 G8 875	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 258 E10 626	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATTCCCA --CTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 75 G3 901	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC --ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 228 C4 577	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC --ACTTAATTCA
TATT	AATTAAAAA
SAM 240 D4 800	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTAA ATTTATT AAAATT CCCC --ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 392 H6 879	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC --ACTTAATTCA

Accession	Position	Sequence	Reference
TATT	95	AATTTTAAAA	CA 95 H11 677
TATT	508	AATTTAAAAA	G11 620
TATT	436	AATTTAAAAA	C12 878
TATT	23	AATTTAAAAA	B11 689
TATT	448	AATTTAAAAA	D12 664
TATT	495	AATTTAAAAA	H11 687
TATT	375	AATTTAAAAA	G3 882
TATT	469	AATTTAAAAA	F9 870
TATT	492	AATTTAAAAA	H8 895
TATT	418	AATTTAAAAA	B6 879
TATT	351	AATTTAAAAA	E3 858
TATT	341	AATTTAAAAA	D5 877
TATT	350	AATTTAAAAA	E2 857
TATT	218	AATTTAAAAA	B2 690
TATT	478	AATTTAAAAA	G6 856
TATT	385	AATTTAAAAA	H1 849
TATT	226	AATTTAAAAA	B3 659
TATT	352	AATTTAAAAA	E4 857
TATT	488	AATTTAAAAA	H4 867
TATT	381	AATTTAAAAA	A1 695
TATT	373	AATTTAAAAA	G1 682
TATT	207	AATTTAAAAA	B1 702
TATT	379	AATTTAAAAA	G7 846
TATT	18	AATTTAAAAA	B06 630
TATT	355	AATTTAAAAA	E7 702
TATT	349	AATTTAAAAA	E1 677
TATT	471	AATTTAAAAA	F11 630
TATT	451	AATTTAAAAA	E3 858
TATT	467	AATTTAAAAA	F7 622
TATT	466	AATTTAAAAA	F6 626
TATT	461	AATTTAAAAA	F1 625
TATT	459	AATTTAAAAA	E11 628
TATT	458	AATTTAAAAA	E10 630
TATT	446	AATTTAAAAA	D10 618
TATT	438	AATTTAAAAA	D2 635
TATT		AATTTAAAAA	

CA 7 A07 827	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 14 B02 832	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 27 C03 878	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 25 C01 890	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 22 B10 881	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 3 A03 824	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 8 A08 879	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 87 H03 854	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
CA 28 C04 654	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAA											
SAM 507 E5 631	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 331 C7 627	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 486 H2 630	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 473 G1 630	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CTCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 360 E12 724	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	TCCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 465 F5 666	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	TCCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 475 G3 621	---	AATA	TAT	TTCCA	TATAGGA	---	GTT TT	AAAAAT	TCCCC	---	ACTTAATTAT
TATTAAAT CTTAA											
SAM 499 A7 654	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	TCCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 457 E9 626	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 450 E2 630	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 442 D6 626	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 356 E8 621	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 480 G8 633	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 408 A8 629	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 497 A6 636	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 468 F8 620	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 464 F4 632	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 463 F3 619	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 462 F2 635	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 456 E8 634	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 413 B1 638	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 338 D2 636	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 327 C3 624	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 409 A9 631	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 359 E11 635	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 460 E12 619	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATTAAAT TAAAAA											
SAM 472 F12 619	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAAAT	CCCC	---	ACTTAATTCA

TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 161 F05 631		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 89 H5 874		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 92 H08 619		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 336 C12 620		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 169 G01 626		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 16 B04 623		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 168 F12 698		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 64 F4 790		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
EF033649 A1		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 504 C3 677		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 191 H11 629		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 62 E2 628		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 59 E11 619		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 58 E10 630		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 55 E07 635		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
CA 54 E06 633		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 108 A8 765		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 100 E7 889		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 200 A7 773		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 121 B9 1392		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 99 E6 819		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
FJ477984 A1a		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 273 G1 678		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 22 B10 699		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
FJ477985 A1b		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 250 E2 632		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 179 G7 704		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 261 F1 713		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 267 F7 706		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 275 G3 701		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 276 G4 707		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 58 E10 813		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 30 C6 623		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 62 F2 621		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA
SAM 29 C5 623		---								
TATT	AAATTTAAAA		AAATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	ATTTATT	AAAATT	CCCC	ACTTAATTCA

Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence
SAM 217 B5 1491	TATT AATTTAAAAA	CA 173 G05 703	TATT AATTTAAAAA	CA 160 F04 631	TATT AATTTAAAAA	SAM 52 E4 623	TTTT AATTAATA	SAM 51 E3 624	TTT AATTAATA
SAM 40 D4 662	TATT AATTAATAAT	SAM 28 C4 697	TATT AATTAATAAA	SAM 53 E5 619	TATT AATTAATAAA	SAM 42 D6 624	TATT AATTAATAAA	SAM 57 E9 623	TATT AATTAATAAA
SAM 94 H10 621	TATT AATTTAAAAA	SAM 294 H10 711	TATT AATTTAAAAA	SAM 85 H1 623	TATT AATTTAAAAA	SAM 114 B2 715	TATT AATTTAAAAA	SAM 90 H6 624	TATT AATTTAAAAA
SAM 112 A12 890	TATT AATTTAAAAA	SAM 297 A11 1402	TATT AATTTAAAAA	SAM 283 G11 1393	TATT AATTTAAAAA	SAM 91 H7 865	TATT AATTTAAAAA	SAM 215 B3 633	TATT AATTTAAAAA
CA 48 D12 829	TATT AATTTAAAAA	SAM 125 C1 690	TATT AATTTAAAAA	CA 82 G10 616	TATT AATTTAAAAA	CA 90 H06 816	TATT AATTTAAAAA	EF033650 A4	TATT AATTTAAAAA
EF033650 A4 2	TATT AATTTAAAAA	CA 69 F09 829	TATT AATTTAAAAA	SAM 83 G11 623	TATT AATTTAAAAA	SAM 153 A10 637	TATT AATTTAAAAA	SAM 248 D12 703	TATT AATTTAAAAA
SAM 301 A3 683	TATT AATTTAAAAA	SAM 262 F2 625	TATT AATTTAAAAA	SAM 272 F12 1428	TATT AATTTAAAAA	SAM 94 A2 663	TATT AATTTAAAAA	SAM 295 H11 681	TATT AATTTAAAAA

SAM 419 B7 635	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 421 B9 633	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 431 C7 627	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 138 D2 717	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 445 D9 629	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 292 H8 702	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 281 G9 672	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 247 D11 702	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 246 D10 1396	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 263 F3 682	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 83 G11 618	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 222 B10 698	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 270 F10 690	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 78 G06 626	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 176 G4 705	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
GU326335 M2	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 140 D08 697	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 102 A2 706	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 321 G2 623	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 145 E01 634	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 78 G6 863	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 158 F02 638	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 155 E11 631	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 96 H12 674	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 371 F11 686	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 157 F01 709	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 190 H10 629	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
SAM 503 C1 618	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 67 F07 631	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 46 D10 633	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 42 D06 631	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 53 E05 621	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 50 E02 613	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 57 E09 631	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA 56 E08 626	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA											
CA_34_C10_614	---	AATA	TAT	TTATT	AAAATTTA	---	ATTTATT	AAAATT	CCCC	---	ACTTAATTCA

TATT	AATTTAAAAA
CA 39 D03 629	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 21 B09 633	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 506 D8 619	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 19 B07 630	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 176 G08 625	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 153 E09 634	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 17 B05 613	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 154 E10 636	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 73 G1 712	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 77 G5 865	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 81 G9 621	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 96 H12 890	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 149 E05 707	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 71 F11 623	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 24 B12 619	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 95 H11 681	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 79 G07 697	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 401 A1 679	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
FJ743639 Ald	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 84 G12 627	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 85 H01 622	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 252 E4 634	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 30 C06 624	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 45 D09 621	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
ca 130 C10 712	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 414 B2 623	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 151 E07 710	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 174 G06 631	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 402 A2 633	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
SAM 142 A8 677	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 147 E03 706	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 121 C01 1414	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 35 C11 630	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAAA
CA 43 D07 1041	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT	AATTTAAAGAA
CA 143 D11 644	-- -- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA

TATT AATTTAAAAA
SAM 393 H7 606 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 70 F10 630 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 274 B7 631 --- AATA TATATTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
AATT AATTTAAAAA
SAM 271 B6 621 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 139 D07 722 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 361 F1 541 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 72 E12 645 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 150 E06 626 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 278 G6 667 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 181 G9 1407 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 25 C1 810 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 11 A11 677 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 181 H01 709 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 165 F09 624 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 131 C7 614 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 170 G02 619 --- AATA TAT TTATT AAAATTTAA TTTATTAAAAAT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 162 F06 631 --- AATA TAT TTATT AAAATTTAA TTTATTAAAAAT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 123 C03 672 --- AATA TAT TTATT AAAATTTAA TTTATTAAAAAT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
SAM 213 B1 1762 --- AATA TAT TT TAATT AAAATTTT AATTATTAAAAATTT CCCC
CACTTAATTCAATATT AATTTTAAAA AATA TAT TT ATTTAAAAATTT AATTATTAAAAATTT CCC CACTT AATTCA
CA 106 A10 630 --- AATA TAT TT AATTAAAAATTT AATTATTAAAAATTT CCC CACTT AATTCA
TATT AATT AAAAA
SAM 126 C2 654 --- AATA TTT
TAATTAATAAAATTTTAATTTTTATTAATAAAATTT CCCCCCACTTTAATTCATATTTAATTTAAAAA
SAM 44 D8 1037 AATAAATT TTT AATAAAAAATTTAA TTTTATATAATAATTCCC
CATTTTAATTCATTATT AATTTAAAAA
SAM 156 E8 954 --- AATA TAT TTATTAATAAAATTTTAA TTTTATTAAAAATTT CCCC
ACCTTTAATTCATATT AATTTAAAAA
SAM 196 H10 1007 --- AATA TAT TTATTAATAAAATTTTAA AATTATTAAAAATTT CCCC
ACCTTTAATTCATATT AATTTAAAAA
SAM 251 E3 894 --- AATA TAT TTATTAATAAAATTTTAA TTTTATTAAAAATTT CCCC
ACTTTAATTCATATT AATTTAAAAA
CA 105 A09 1376 --- AATA TAT TTATT AAAATTTAA TTTATTAAAAAT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 152 E08 714 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 144 D12 749 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 178 G10 736 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 135 D03 723 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 192 H12 701 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 185 H05 705 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 186 H06 752 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 175 G07 905 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA
CA 167 F11 697 --- AATA TAT TTATT AAAATTTA ATTTATT AAAATT CCCC ACTTAATTCA
TATT AATTTAAAAA



SAM 333 C9 897	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	A	TA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT
SAM 324 B12 835	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 110 A5 868	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAAAATAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 384 G12 855	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAAAATAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAAAATAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 399 H10 878	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAAAATAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AAT	ACAA	TTTTAAT	AAAAATCAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 111 A6 877	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 140 A7 896	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	TATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 342 D6 824	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
SAM 382 G10 869	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATT	AATA	ACTA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTA	ATATT
SAM 439 D3 871	T	AAATT	AATA	ACTA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTA	ATATT
GAAAT TTTTAAT T	G	AACT	AAT	CCTA	TTTTGCT	GAATTTAT	ATTTCAATTT	TATTTTA	ATATT
SAM 454 E6 881	G	AACT	AAT	ACTA	TTTTGAT	AAAAATTTT	ATTTAATTT	TATTTTA	ATTTT
SAM 383 G11 870	A	AAAAT	AATA	ACTA	TTTTAAT	AAAAATTTAT	ATTTAATTT	TATTTTT	ATTTT
GAAAT TTTTAAT T	G	AAATT	AAT	ACTA	TTTTGAT	AAAAATTTAT	ATTTAATTT	TATTTTA	ATATT
SAM 400 H11 938	A	AAATA	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAAATTTAT	ATTTAATTT	TAAATTA	ATTTT
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
SAM 415 B3 863	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
SAM 455 E7 823	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA-3 A5 559	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA-1 C9 615	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA-4 F10 632	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA-3 D11 556	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA-2 D2 572	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA-2 A4 614	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA 2 B10 549	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
FJ037776 C11	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA 3 B11 569	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
SAM 23 B11 656	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA 1 B9 553	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
USA 4 H5 574	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
FJ037778 C14	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
FJ037777 C12	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
SAN ANDRES 4 F10_553	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	TTATTAATTTTACTTT		TTTTAAT	TTATGAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
SAN ANDRES 3 F5_657	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
CA 64 F04 553	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
CA 189 H09 565	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
CA 187 H07 639	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
CA 188 H08 566	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
GAAAT TTTTAAT T	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	
CA 63 F03 543	T	AAATTAATA	ACAAT	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTT	ATATT	

GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
ISRAEL C11 568								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 60 E12 549								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACCATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 107 A11 628								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACCATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 102 A06 582								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
ISRAEL-2 E2 561								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 65 F05 546								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
ISRAEL 2 G9 626								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
ISRAEL-1 E1 554								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 100 A04 1380								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACCTTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 72 D12 632								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACCAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 43 D7 693								
GAAATTTTAAATTT	T		TTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 76 G4 671								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 68 F8 635								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 449 E1 628								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 109 B01 696								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 26 C2 741								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACCAATTTT	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 97 A01 686								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 159 F03 637								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 108 A12 694								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 230 C6 908								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 13 B1 738								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 233 C9 1460								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 291 H7 1405								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 437 D1 670								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 109 A9 700								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 46 D10 622								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 435 C11 682								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 123 B11 678								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 206 A6 712								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 12 A12 634								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA 129 C09 637								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 284 G12 705								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 188 H4 681								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
SAM 447 D11 690								
GAAATTTTAAATTT	T	T	AAATTAATAACAA	TTTAAAT	AAAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATATT
CA_86_H02_620								

[illegible]

SAM 18 B7 819	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 34 C10 805	T-AAATT-A-TA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 35 C11 826	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 14 B2 816	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 45 D9 825	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 39 D3 820	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 241 D5 1381	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 68 F08 759	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AA-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 31 C07 874	T-AAATT-AATA-GCAAT---TTT-AAG-AAAAACAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 44 D08 869	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TA-TTTTTATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 244 D8 890	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TAA-TTTTTATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 7 A7 820	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 153 E5 879	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 306 E4 1380	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 180 G8 928	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 320 F11 1379	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 137 D05 820	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 40 D04 876	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 319 E9 1382	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 75 G03 799	T-AAATT-A-TA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
CA 49 E01 801	T-AAATT-A-TA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 219 B7 894	T-AAATT-A-TA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
FJ477990 A26	T-AAATT-A-TA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 174 G2 886	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 82 G10 881	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 158 E10 1431	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
FJ477991 A14	T-AAATTTAATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 234 C10 886	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 264 F4 900	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 298 A12 798	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 79 G7 812	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 312 B6 895	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 316 C12 894	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
FJ743640 A26a	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
SAM 304 A11 862	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT
GAA-T-TTTTAAT-T	
GU326336_M3	T-AAATT-AATA-ACAAT---TTT-AAT-AAAAATAAT-AATTAATTT-TATTTTT-ATATT

GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
CA 47 D11 880	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 317 D1 901	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
CA 41 D05 893	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 313 C2 907	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 311 A10 1395	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
CA 37 D01 897	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
ca 36 C12 901	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
CA 33 C09 887	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
CA 20 B08 815	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
CA 32 C08 879	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 310 A9 1427	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 308 F5 899	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 289 H5 1378	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 287 H3 870	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 282 G10 1365	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 136 C12 1343	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 143 D7 878	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 260 E12 1387	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 253 E5 914	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 242 D6 895	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 145 D9 1447	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 147 D11 1411	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 149 E1 1384	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 150 E2 907	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 155 E7 892	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 231 C7 883	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 159 E11 874	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 160 E12 650	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 161 F1 1378	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 162 F2 871	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 225 C1 880	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 163 F3 992	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 202 A2 1423	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM 164 F4 838	
GAA-T-TTTTAAAT-T	T-AAATT-AATA-ACAAT-TTT-AAAT-AAAAATAAAT-AATTAAATTT-TATTTT-ATATT
SAM_166_F6_895	

[illegible]

[illegible]

Accession	Position	Reference	Sample	Variant
SAM 424 B12 618	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 405 A5 625	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 423 B11 622	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 404 A4 623	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 403 A3 688	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 398 H9 621	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 395 H8 629	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 388 H4 618	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 387 H2 624	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 386 H2 624	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 380 G8 694	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 378 G6 623	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 376 G4 622	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 369 F9 687	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 374 G2 626	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 366 F6 695	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 363 F3 642	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 26 C02 632	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 362 F2 631	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 103 A3 685	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 494 H10 698	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 493 H9 673	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 485 H1 616	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 482 G12 622	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 496 H12 627	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 505 D5 685	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 482 G10 621	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 52 E04 891	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
SAM 354 E6 871	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 94 H10 847	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 7 A07 827	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 14 B02 832	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 27 C03 878	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 25 C01 890	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 22 B10 881	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT
CA 3 A03 824	1	AAATT	AAATA	ACAAT
	2	TTT	AAT	AAAATAAAT

Accession	Gene	Transcript	Exon	Intron	UTR	5'	3'
SAM 410 A10 622	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 367 F7 618	GAAT	TTTTAAAT	T	A	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 326 C2 619	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 420 B8 631	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 412 A12 633	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 479 G7 632	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 481 G9 623	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 443 D7 630	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 432 C8 630	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 377 G5 617	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 364 F4 620	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 340 D4 624	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 124 B12 629	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 422 B10 631	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 135 C11 691	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 10 A10 628	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 13 B01 616	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 89 H05 690	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 88 H04 699	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 36 C12 698	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 452 E4 634	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 107 A7 683	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 237 B4 688	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 80 G08 617	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 189 H5 707	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 268 F8 708	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 138 D06 642	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 73 G01 623	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 146 E02 619	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 51 E03 619	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 161 F05 631	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 89 H5 874	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 92 H08 619	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
SAM 336 C12 620	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT
CA 169 G01 626	GAAT	TTTTAAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAAT

[illegible]

SAM 40 D4 662	A-AT-TT-AAAA-TTA-----ATTTTAAAT-AAAAATCTT-AAATTAATTT-ATTCCTGT-TAAT
GAAATTA-ATAAT-T	
SAM 28 C4 697	A-ATATT-AAAA-TCA-----ATTTTAAAT-AAAAATATAT-AAATTAATAT-TTTCCTGT-TAAT
GAAATTA-TTAAT-T	
SAM 53 E5 619	T-AAATTT-AATA-ACA-----ATTTTAAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATCCTGT-ATAAT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 42 D6 624	T-AAATTT-AATA-ACA-----ATTTTAAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATCCTTT-ATATT
GAAATTA-TTAAT-T	
SAM 57 E9 623	T-AAATTT-AATA-ACA-----ATTTTAAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 94 H10 621	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 294 H10 711	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 85 H1 623	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 114 B2 715	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 90 H6 624	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 112 A12 890	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 297 A11 1402	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 283 G11 1393	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 91 H7 865	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 215 B3 633	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
CA 48 D12 829	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 125 C1 690	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
CA 82 G10 616	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
CA 90 H06 816	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
EF033650 A4	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
EF033650 A4 2	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
CA 69 F09 829	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 83 G11 623	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 153 A10 637	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 248 D12 703	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 301 A3 683	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 262 F2 625	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 272 F12 1428	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 94 A2 663	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 295 H11 681	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 419 B7 635	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 421 B9 633	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 431 C7 627	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 138 D2 717	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM 445 D9 629	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT
GAAATTT-TTAAT-T	
SAM_292_H8_702	T-AAATTT-AATA-ACAA-----TTTTTAAT-AAAAATAAAT-AAATTAATTT-TATTTTAT-ATATT

GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 281 G9 672	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 247 D11 702	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 246 D10 1396	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 263 F3 682	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 83 G11 618	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 222 B10 698	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 270 F10 690	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 78 G06 626	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 176 G4 705	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
GU326335 M2	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 140 D08 697	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 102 A2 706	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 321 G2 623	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 145 E01 634	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 78 G6 863	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 158 F02 638	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 155 E11 631	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 96 H12 674	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 371 F11 686	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 157 F01 709	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 190 H10 629	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 503 C1 618	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 67 F07 631	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 46 D10 633	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 42 D06 631	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 53 E05 621	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 50 E02 613	
GAA TTT TTAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 57 E09 631	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 56 E08 626	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 34 C10 614	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 39 D03 629	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 21 B09 633	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
SAM 506 D8 619	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA 19 B07 630	
GAA TTTTAAAT T	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT
CA_176_G08_625	T AAATT AATA ACAA TTTTAAAT AAAATAAAT AATTAAATTT TATTTTT ATATT

GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 153 E09 634												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 17 B05 613												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 154 E10 636												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 73 G1 712												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 77 G5 865												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 81 G9 621												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 96 H12 890												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 149 E05 707												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 71 F11 623												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 24 B12 619												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 95 H11 681												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 79 G07 697												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 401 A1 679												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
FJ743639 A1d												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 84 G12 627												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 85 H01 622												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 252 E4 634												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 30 C06 624												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 45 D09 621												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
ca 130 C10 712												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 414 B2 623												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 151 E07 710												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 174 G06 631												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 402 A2 633												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 142 A8 677												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 147 E03 706												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 121 C01 1414												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 35 C11 630												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 43 D07 1041												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 143 D11 644												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 393 H7 606												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTCGAATG	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	AGATT
CA 70 F10 630												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 274 B7 631												
GAAT	TTTTAAT	T	T	CAATT	AAAA	ACAA	----	TCCTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
SAM 271 B6 621												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT
CA 139 D07 722												
GAAT	TTTTAAT	T	T	AAATT	AAATA	ACAA	----	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATTT	TATTTTTT	ATAATT

SAM 361 F1 541
GAA T TTTTAA T T
SAM 72 E12 645
GAA T TTTTAA T T
CA 150 E06 626
GAA T TTTTAA T T
SAM 278 G6 667
GAA T TTTTAA T T
SAM 181 G9 1407
GAA T TTTTAA T T
SAM 25 C1 810
GAA T TTTTAA T T
SAM 11 A11 677
GAA T TTTTAA T T
CA 181 H01 709
GAA T TTTTAA T T
CA 165 F09 624
GAA T TTTTAA T T
SAM 131 C7 614
GAA T TTTTAA T T
CA 170 G02 619
GAA T TTTTAA T T
CA 162 F06 631
GAA T TTTTAA T T
CA 123 C03 672
GAA T TTTTAA T T
SAM 213 B1 1762
GAA T TTTTAA T T
CA 106 A10 630
GAA T TTTTAA T T
SAM 126 C2 654
GAA T TTTTAA T T
SAM 44 D8 1037
GAA T TTTTAA T T
SAM 156 E8 954
GAA T TTTTAA T T
SAM 196 H10 1007
GAA T TTTTAA T T
SAM 251 E3 894
GAA T TTTTAA T T
CA 105 A09 1376
GAA T TTTTAA T T
CA 152 E08 714
GAA T TTTTAA T T
CA 144 D12 749
GAA T TTTTAA T T
CA 178 G10 736
GAA T TTTTAA T T
CA 135 D03 723
GAA T TTTTAA T T
CA 192 H12 701
GAA T TTTTAA T T
CA 185 H05 705
GAA T TTTTAA T T
CA 186 H06 752
GAA T TTTTAA T T
CA 175 G07 905
GAA T TTTTAA T T
CA 167 F11 697
GAA T TTTTAA T T
CA 136 D04 708
GAA T TTTTAA T T
CA 182 H02 627
GAA T TTTTAA T T
CA 166 F10 540
GAA T TTTTAA T T
CA 141 D09 1388
GAA T TTTTAA T T
SAM 71 F11 608
GAA T TTTTAA T T

[illegible]

CA 163 F07 623	T	AAATT	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	A	AATTAAATA	CAA	TTTTAAT	AAAATTAT	TATTAAATT	TATTTTT	ATGTA	
SAM 372 F12 751	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTCAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>TAATTAAAT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTCAT	AAAATAAAT	TAATTAAAT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAAT</td> <td>TTTAAT</td> <td>AAAATAA</td> <td>TAATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAAT	TTTAAT	AAAATAA	TAATTAAATT	TATTTTT	ATATT
SAM 9 A9 1373	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTGTAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
CA 156 E12 642	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
CA 124 C04 634	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
ca 131 C11 1355	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
CA 183 H03 534	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
CA 133 D01 822	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
SAM 477 G5 866	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
GAAAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
SAM 348 D12 848	T	AAATT <th>AATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	AATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
AAT TTTTAAAT T	T	AAATT <th>ATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	ATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
CA 171 G03 824	T	AAATT <th>ATA</th> <td>ACAA</td> <td>TTTTAAT</td> <td>AAAATAAAT</td> <td>AATTAAATT</td> <td>TATTTTT</td> <td>ATATT</td>	ATA	ACAA	TTTTAAT	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	ATATT
ATATTCAAAAT ATTAAT	A	AAATT	TATA	ACAA	TTTTTA	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	
CA 126 C06 881		AAATT	TATA	ACAA	TTTTTA	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	
ATATTCAAAAT TTTTAAAT		AAATT	TATA	ACAA	TTTTTA	AAAATAAAT	AATTAAATT	TATTTTT	

Clustal Consensus

230 240 170 180 190 200 210 220

SAM_487_H3_864	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_357_E9_909	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_345_D9_879	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_339_D3_871	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_346_D10_869	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	
AATATAAAAAATAAACAG	AATAT				
SAM_347_D11_877	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	
AATATAAAAAATAAACAG	AATAT				
SAM_344_D8_829	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTAGTTAAAAGTTAAATAAATT	AATATAAAA	
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_343_D7_825	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTAGTTAAAAGTTAAATAAATT	AATATAAAA	
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_330_C6_882	C	AATCTTTAAAGATTTAACCGTTTTTAATTAAGTTAATAAATT	TATATAAAA		
TAAATCCAAATATAACCTT	AATAT				
SAM_328_C4_855	C	AATCTTTAAAGATTTAACCGTTTTTAATTAAGTTAATAAATT	AATATAAAA		
TATTTCTAAATATAACCTT	AATAT				
SAM_433_C9_866	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTAATTAAGTTAATAAATT	TATATAAAA	
TAAATCCAAATATAACCTT	AATAT				
SAM_358_E10_895	C	AATCTTTAAAGATTTAATCGTATTAATTAAGTTAATAAATT	AATATAAAA		
TAAATCCAAATATAACCTG	AATAT				
SAM_476_G4_818	C	AATCTTTAAAGATTTCATCTGGTTAAAGT	AATAAATT	AATATAAAA	
TAAATCTAAATATAACAG	AATAT				
SAM_332_C8_873	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_353_E5_862	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_333_C9_897	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_324_B12_835	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_110_A5_868	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				
SAM_384_G12_855	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAT	AATAT				
SAM_399_H10_878	C	AATCTTTAAAGATTTAATC	TTTTTATTAAAA	TTAATAAATT	AATATAAAA
TAAAACAAAATATAACAG	AATAT				

SAM 111 A6 877 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 140 A7 896 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 342 D6 824 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 382 G10 869 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 439 D3 871 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 454 E6 881 C TAACTTAAAGAACCTATCTGTAATTAAAA TTGATAAATT AATATAAA ----
TAAATTTAAATATTACAG AATAT C TAACTTAAAGAACCTATCTGTAATTAAAA TTGATAAATT AATATAAA ----
SAM 383 G11 870 C TAACTTAAAGAACCTATCTGTAATTAAAA TTGATAAATT AATATAAA ----
TAAATCTTAATATTACTT-TTAT C TAACTTAAAGAACCTATCTGTAATTAAAA TTGATAAATT AATATAAA ----
SAM 400 H11 938 C TATCTTAAAGATTITGGCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C TATCTTAAAGATTITGGCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 415 B3 863 C TAACTTAAAGATTITGGCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAATCTTAATATTACTT-TTAT C TAACTTAAAGATTITGGCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
SAM 455 E7 823 C TATCTTAAAGATTITGGCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
TAAACAAAATATAACAG AATAT C TATCTTAAAGATTITGGCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAA ----
USA-3 A5 559 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA-1 C9 615 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA-4 F10 632 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA-3 D11 556 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA-2 D2 572 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA-2 A4 614 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA 2 B10 549 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
FJ037776 C11 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA 3 B11 569 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
SAM 23 B11 656 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA 1 B9 553 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
USA 4 H5 574 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATCTAA ----
FJ037778 C14 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
FJ037777 C12 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
SAN ANDRES 4 F10 553 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
SAN ANDRES 3 F5 657 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 64 F04 553 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 189 H09 565 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 187 H07 639 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 188 H08 566 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 63 F03 543 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
ISRAEL C11 568 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 60 E12 549 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 107 A11 628 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
CA 102 A06 582 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----
TAAACAAAATATAACAGAA TAT C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAAA TTAATAAATT AATATAAAA ----

ISRAEL-2 E2 561	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 65 F05 546	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
ISRAEL 2 G9 626	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
ISRAEL-1 E1 554	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 100 A04 1380	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 72 D12 632	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 43 D7 693	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 76 G4 671	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 68 F8 635	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 449 E1 628	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 109 B01 696	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 26 C2 741	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 97 A01 686	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 159 F03 637	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 108 A12 694	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 230 C6 908	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAAT	-----
AAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 13 B1 738	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAAT	-----
AAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 233 C9 1460	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAAT	-----
AAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 291 H7 1405	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAAT	-----
AAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 437 D1 670	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 109 A9 700	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 46 D10 622	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 435 C11 682	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 123 B11 678	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 206 A6 712	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 12 A12 634	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 129 C09 637	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 284 G12 705	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 188 H4 681	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 447 D11 690	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 86 H02 620	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 243 D7 713	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 255 E7 709	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 81 G09 615	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 192 H8 708	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM_178_G6_686	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---

TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 76 G04 628	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
GU326335 A1e	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
SAM 303 A10 677	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 91 H07 641	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
SAM 88 H4 698	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
SAM 97 B12 859	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
SAM 266 F6 1183	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 93 H09 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
SAM 269 F9 724	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CN 84 C7 704	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 74 G02 620	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
EF033649 A1 2	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 142 D10 628	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
SAM 59 E11 868	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 38 D02 630	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 66 F06 620	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 61 F01 613	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 6 A06 630	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ743638 M5	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAAAA	
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ743637 M4	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAAAA	
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ743636 M3	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAAAA	
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ743635 M2	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAAAA	
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ743634 M1	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAAAA	
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ743633 O5	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAATATAATATACAGAA	TAT				
FJ743632 O5d	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAATATAATATACAGAA	TAT				
FJ477982 A9	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
EF033653 A29	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ890930 A26x	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
EF033654 A30 2	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
EF033654 A30	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ477981 A8	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
FJ477983 A27	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATATACAGAA	TAT				
CA 9 A09 625	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAATATAATATACAGAA	TAT				
SAM 186 H2 694	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAATATAATATACAGAA	TAT				
CA_11_A11_636	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---

TAAAA	TAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
CA 5 A05 636								
TAAAA	TAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
CA 4 A04 632								
TAAAA	TAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
CA 2 A02 693								
TAAAA	TAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 132 C8 909								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 119 B7 711								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 172 F12 713								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 183 G11 706								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 204 A4 627								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 323 C10 1404								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 220 B8 570								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 216 B4 1456								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 229 C5 908								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 259 E11 887								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 302 A6 918								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 8 A8 814								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 208 A8 1378								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
CA 103 A07 703								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 154 E6 1374								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 256 E8 575								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 168 F8 1397								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 167 F7 905								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 309 F9 1364								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
CA 29 C05 821								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	AGTAATAAAATT	AATATAAAA	---
FJ890929 A26x								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
FJ743641 A26b								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 315 C11 877								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 239 D3 910								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 238 D2 1398								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 182 G10 1406								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 171 F11 1423								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 18 B7 819								
TAAAA	CAAAA	TATAACGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 34 C10 805								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 35 C11 826								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 14 B2 816								
TAAAA	CAAAA	TATATCAGAA	TAT	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA	---
SAM 45 D9 825								
TAAAA	CAAAA	TATAACAGAA	TAT	C	AATCA	TAAAGATTTAATCTTTTTATTAA	ATTAATAAAATT	AATATAAAA

SAM 39 D3 820	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 241 D5 1381	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 68 F08 759	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 31 C07 874	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 44 D08 869	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 244 D8 890	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 7 A7 820	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 153 E5 879	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 306 E4 1380	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 180 G8 928	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 320 F11 1379	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 137 D05 820	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 40 D04 876	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 319 E9 1382	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 75 G03 799	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 49 E01 801	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 219 B7 894	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
FJ477990 A26	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 174 G2 886	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 82 G10 881	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 158 E10 1431	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
FJ477991 A14	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 234 C10 886	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 264 F4 900	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 298 A12 798	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 79 G7 812	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 312 B6 895	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 316 C12 894	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
FJ743640 A26a	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 304 A11 862	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
GU326336 M3	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 47 D11 880	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 317 D1 901	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 41 D05 893	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 313 C2 907	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				

SAM 311 A10 1395	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 37 D01 897	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
ca 36 C12 901	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 33 C09 887	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 20 B08 815	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 32 C08 879	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 310 A9 1427	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 308 F5 899	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 289 H5 1378	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 287 H3 870	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 282 G10 1365	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 136 C12 1343	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 143 D7 878	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 260 E12 1387	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 253 E5 914	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 242 D6 895	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 145 D9 1447	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 147 D11 1411	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 149 E1 1384	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 150 E2 907	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 155 E7 892	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 231 C7 883	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 159 E11 874	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 160 E12 650	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 161 F1 1378	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 162 F2 871	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 225 C1 880	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 163 F3 992	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 202 A2 1423	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 164 F4 838	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 166 F6 895	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 191 H7 741	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 187 H3 1436	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 185 H1 1365	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 184 G12 1384	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 177 G5 1413	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---


```

AAAAACAAAAATAACAAA-AAT
SAM 351 E3 858 C-AATCCTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-TTTAAAAATTA-AATATAAAA---
AAAAACAAAAATATACCGAAT-ATT
SAM 341 D5 877 C-AACCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-TTAAATAAATTA-AATTATAAAA---
AAAAACAAAAATATACCGAAT-ATT
SAM 350 E2 857 C-AATCCTTAAAGATTAAACCTTTTATTAAA-TTAAATAAATTA-AATTATAAAAT---
AAAAACAAAAATATACCGAAT-ATT
SAM 218 B2 690 C-AACCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATTATAAAA---
AAAAACAAAAATATACCGAAT-ATT
SAM 478 G6 856 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 385 H1 849 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 226 B3 659 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 352 E4 857 C-CATCCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
AAAAACAAAAATATAACCGAA-TAT
SAM 488 H4 867 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 381 A1 695 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATTTAAAA---
TAAACAAAAATATAACCGAA-TAT
SAM 373 G1 682 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 207 B1 702 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 379 G7 846 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
CA 18 B06 630 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 355 E7 702 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 349 E1 677 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 471 F11 630 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 451 E3 858 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 467 F7 622 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 466 F6 626 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 461 F1 625 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 459 E11 628 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 458 E10 630 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 446 D10 618 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 438 D2 635 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 337 D1 624 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 430 C6 847 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 416 B4 701 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 428 C4 701 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 411 A11 626 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 424 B12 618 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 405 A5 625 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 423 B11 622 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 404 A4 623 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT
SAM 403 A3 688 C-AATCCTTAAAGATTAAATCCTTTTATTAAA-ATTAAATAATTT-AATATAAAA---
TAAACAAAAATATAACAGAA-TAT

```

SAM 398 H9 621	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 395 H8 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 388 H4 618	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 387 H2 624	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 386 H2 624	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 380 G8 694	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 378 G6 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 376 G4 622	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 369 F9 687	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 374 G2 626	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 366 F6 695	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 363 F3 642	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 26 C02 632	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 362 F2 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 103 A3 685	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 494 H10 698	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 493 H9 673	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 485 H1 616	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 482 G12 622	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 496 H12 627	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 505 D5 685	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 482 G10 621	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 52 E04 891	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 354 E6 871	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 94 H10 847	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 7 A07 827	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	CTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 14 B02 832	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	CTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 27 C03 878	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	GTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 25 C01 890	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	GTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 22 B10 881	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	GTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 3 A03 824	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	GTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 8 A08 879	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	GTTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 87 H03 854	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 28 C04 654	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 507 E5 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				

SAM 331 C7 627	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 486 H2 630	A	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	CAATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 473 G1 630	A	AATCTTAAAGATTTAATCTTCTTATTAAA	ATTAATAAATTTAATATAAAA	
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 360 E12 724	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 465 F5 666	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 475 G3 621	A	AATATTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAATTAATATAAAGAA	TAT			
SAM 499 A7 654	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 457 E9 626	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 450 E2 630	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 442 D6 626	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 356 E8 621	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 480 G8 633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 408 A8 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 497 A6 636	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 468 F8 620	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 464 F4 632	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 463 F3 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 462 F2 635	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 456 E8 634	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 413 B1 638	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 338 D2 636	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 327 C3 624	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 409 A9 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 359 E11 635	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 460 E12 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 472 F12 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 491 H7 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 440 D4 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 434 C10 636	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 417 B5 641	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 368 F8 632	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 410 A10 622	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 367 F7 618	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 326 C2 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 420 B8 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM_412_A12_633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA

TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 191 H11 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 62 E2 628	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 59 E11 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 58 E10 630	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 55 E07 635	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 54 E06 633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 108 A8 765	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 100 E7 889	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 200 A7 773	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 121 B9 1392	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 99 E6 819	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
FJ477984 A1a	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAAGAA	TAT			
SAM 273 G1 678	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 22 B10 699	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
FJ477985 A1b	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 250 E2 632	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 179 G7 704	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 261 F1 713	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 267 F7 706	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 275 G3 701	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 276 G4 707	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 58 E10 813	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 30 C6 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 62 F2 621	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 29 C5 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 217 B5 1491	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATCCAGAA	TAT			
CA 173 G05 703	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
CA 160 F04 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 52 E4 623	A	ATCTAAAAATGATAAATCTTTTTCAGAAA	AAATAAATAATT	TATATAAAA---
TAAACAAAATATCTAGAAATAT				
SAM 51 E3 624	A	ATCGAAATGATAAATCTTTTTCAGAAA	AAATAAATAATT	TACATCAAAA---
TAAACAAAATATCTAGAAATAT				
SAM 40 D4 662	A	AATCAATAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATCCAGAAATAT				
SAM 28 C4 697	C	AATCAATAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 53 E5 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	AAATAAATAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			
SAM 42 D6 624	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	TATATAAAA---
TAAACAAAATATACAGAA	TAT			
SAM 57 E9 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT			

SAM 94 H10 621	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 294 H10 711	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 85 H1 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 114 B2 715	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 90 H6 624	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 112 A12 890	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 297 A11 1402	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 283 G11 1393	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 91 H7 865	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 215 B3 633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 48 D12 829	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 125 C1 690	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 82 G10 616	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 90 H06 816	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
EF033650 A4	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
EF033650 A4 2	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
CA 69 F09 829	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 83 G11 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 153 A10 637	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 248 D12 703	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 301 A3 683	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 262 F2 625	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 272 F12 1428	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 94 A2 663	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 295 H11 681	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 419 B7 635	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 421 B9 633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 431 C7 627	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 138 D2 717	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 445 D9 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 292 H8 702	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 281 G9 672	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 247 D11 702	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 246 D10 1396	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				
SAM 263 F3 682	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAAATAACAGAA	TAT				

CA 83 G11 618	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 222 B10 698	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 270 F10 690	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 78 G06 626	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 176 G4 705	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
GU326335 M2	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 140 D08 697	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 102 A2 706	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 321 G2 623	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 145 E01 634	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 78 G6 863	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 158 F02 638	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 155 E11 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 96 H12 674	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 371 F11 686	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 157 F01 709	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 190 H10 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 503 C1 618	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 67 F07 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 46 D10 633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 42 D06 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 53 E05 621	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 50 E02 613	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 57 E09 631	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 56 E08 626	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 34 C10 614	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 39 D03 629	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 21 B09 633	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 506 D8 619	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 19 B07 630	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 176 G08 625	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 153 E09 634	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 17 B05 613	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
CA 154 E10 636	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM 73 G1 712	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---
TAAACAAAATATAACAGAA	TAT				
SAM_77_G5_865	C	AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAA	ATTAATAAATT	AATATAAAA	---

TATAAATAAAATATAACAGAAATAT
SAM 25 C1 810 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 11 A11 677 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 181 H01 709 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 165 F09 624 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 131 C7 614 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 170 G02 619 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 162 F06 631 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 123 C03 672 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 213 B1 1762 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 106 A10 630 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 126 C2 654 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 44 D8 1037 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 156 E8 954 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 196 H10 1007 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 251 E3 894 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 105 A09 1376 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 152 E08 714 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 144 D12 749 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 178 G10 736 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 135 D03 723 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 192 H12 701 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 185 H05 705 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 186 H06 752 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 175 G07 905 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 167 F11 697 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 136 D04 708 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 182 H02 627 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 166 F10 540 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 141 D09 1388 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 71 F11 608 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 163 F07 623 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
SAM 372 F12 751 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAAATTAATATAACATTAATAT
SAM 9 A9 1373 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 156 E12 642 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT
CA 124 C04 634 C AATCTTAAAGATTTAATCTTTTATTAAATTAATAAAATTAAATATAAA
TAAAACAAAATATAACAGAAATAT

[illegible]

SAM 454 E6 881	---ATTATTATCAATTTAT	TGATTATATATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATT	CCAAGAATCAAATGCT-TACC-A		
SAM 383 G11 870	---ATTATTAAAAATTTAA	TGATTAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATT	CCAAGAATCAAATCT-TACC-A		
SAM 400 H11 938	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAATGTCATACTTA		
SAM 415 B3 863	---ATTATTAAAAATTTAA	TGATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAATGCA-TATC-A		
SAM 455 E7 823	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAATCA-TATT-A		
USA-3 A5 559	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA-1 C9 615	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA-4 F10 632	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA-3 D11 556	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA-2 D2 572	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA-2 A4 614	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA 2 B10 549	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
FJ037776 C11	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA 3 B11 569	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
SAM 23 B11 656	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA 1 B9 553	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
USA 4 H5 574	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
FJ037778 C14	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-CTA		
FJ037777 C12	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
SAN ANDRES 4 F10 553	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
SAN ANDRES 3 F5 657	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
TGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 64 F04 553	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 189 H09 565	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 187 H07 639	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 188 H08 566	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 63 F03 543	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
ISRAEL C11 568	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 60 E12 549	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 107 A11 628	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 102 A06 582	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
ISRAEL-2 E2 561	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 65 F05 546	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
ISRAEL 2 G9 626	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
ISRAEL-1 E1 554	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
CA 100 A04 1380	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTT	CAAGAATCAAA-TTCATA-TTA		
SAM 72 D12 632	---ATTATTAAAAATTTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC

ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 43 D7 693 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 76 G4 671 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 68 F8 635 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 449 E1 628 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 109 B01 696 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 26 C2 741 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 97 A01 686 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 159 F03 637 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 108 A12 694 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 230 C6 908 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 13 B1 738 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 233 C9 1460 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 291 H7 1405 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 437 D1 670 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 109 A9 700 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 46 D10 622 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 435 C11 682 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 123 B11 678 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 206 A6 712 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 12 A12 634 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 129 C09 637 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 284 G12 705 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 188 H4 681 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 447 D11 690 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 86 H02 620 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 243 D7 713 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 255 E7 709 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 81 G09 615 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 192 H8 708 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 178 G6 686 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 76 G04 628 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
GU326335 A1e ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 303 A10_677 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 91 H07 641 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM_88_H4_698 ---ATTTATTAAAAATTAA	

ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
SAM 97 B12 859	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
SAM 266 F6 1183	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 93 H09 623	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
SAM 269 F9 724	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CN 84 C7 704	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 74 G02 620	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
EF033649 A1 2	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 142 D10 628	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
SAM 59 E11 868	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 38 D02 630	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 66 F06 620	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 61 F01 613	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
CA 6 A06 630	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ743638 M5	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ743637 M4	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ743636 M3	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ743635 M2	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
FJ743634 M1	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ743633 O5	---	ATTATTTAAAA	CTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTTATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
FJ743632 O5d	---	ATTATTTAAAA	CTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTTATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ477982 A9	---	ATTATTTAAAA	ATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
EF033653 A29	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTTATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
FJ890930 A26x	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
EF033654 A30 2	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCATA	TTA		
EF033654 A30	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
FJ477981 A8	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
FJ477983 A27	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
CA 9 A09 625	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
SAM 186 H2 694	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
CA 11 A11 636	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
CA 5 A05 636	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
CA 4 A04 632	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
CA 2 A02 693	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
SAM 132 C8 909	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		
SAM 119 B7 711	---	ATTATTTAAAA	TTTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTATATTTCAAGAA	TCAA	TTCAAATTCATA	TTA		

```

SAM 172 F12 713      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 183 G11 706      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 204 A4 627       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 323 C10 1404     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 220 B8 570       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 216 B4 1456     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 229 C5 908       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 259 E11 887     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 302 A6 918       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 8 A8 814        ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 208 A8 1378     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
CA 103 A07 703      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 154 E6 1374     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 256 E8 575      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 168 F8 1397     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 167 F7 905      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 309 F9 1364     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
CA 29 C05 821       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
FJ890929 A26x       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
FJ743641 A26b       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 315 C11 877     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 239 D3 910      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 238 D2 1398     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 182 G10 1406    ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 171 F11 1423    ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 18 B7 819       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATAATA
SAM 34 C10 805      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 35 C11 826      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 14 B2 816       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 45 D9 825       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 39 D3 820       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
SAM 241 D5 1381     ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
CA 68 F08 759      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
CA 31 C07 874       ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA
CA 44 D08 869      ---ATTATTAAAAATTAA  TTTATTAAAAATTC  CAC
ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA

```

SAM 244 D8 890	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 7 A7 820	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 153 E5 879	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 306 E4 1380	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 180 G8 928	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 320 F11 1379	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 137 D05 820	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 40 D04 876	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 319 E9 1382	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 75 G03 799	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 49 E01 801	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 219 B7 894	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
FJ477990 A26	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 174 G2 886	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 82 G10 881	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 158 E10 1431	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
FJ477991 A14	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 234 C10 886	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 264 F4 900	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 298 A12 798	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 79 G7 812	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 312 B6 895	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 316 C12 894	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
FJ743640 A26a	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 304 A11 862	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
GU326336 M3	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 47 D11 880	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 317 D1 901	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 41 D05 893	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 313 C2 907	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
SAM 311 A10 1395	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 37 D01 897	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
ca 36 C12 901	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 33 C09 887	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA 20 B08 815	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCA	TATTTATATTT	CAAGAATCAA	TTCATA	TTA
CA_32_C08_879	---	ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC

ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 310 A9 1427 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 308 F5 899 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 289 H5 1378 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 287 H3 870 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 282 G10 1365 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 136 C12 1343 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 143 D7 878 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 260 E12 1387 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 253 E5 914 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 242 D6 895 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 145 D9 1447 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 147 D11 1411 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 149 E1 1384 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 150 E2 907 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 155 E7 892 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 231 C7 883 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 159 E11 874 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 160 E12 650 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 161 F1 1378 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 162 F2 871 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 225 C1 880 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 163 F3 992 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 202 A2 1423 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 164 F4 838 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 166 F6 895 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 191 H7 741 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 187 H3 1436 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 185 H1 1365 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 184 G12 1384 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 177 G5 1413 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 175 G3 1443 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 325 C1 619 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 148 D12 1300 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 286 H2 1350 ---ATTTATTAAAAATTAA	
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM_203_A3_569 ---ATTTATTAAAAATTAA	

```

ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 314 C3 1373 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 157 E9 771 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 265 F5 1378 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 6 A6 815 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 296 H12 897 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 290 H6 899 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 288 H4 864 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 193 H9 888 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 146 D10 1382 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 249 E1 645 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 224 B12 1365 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 74 G2 831 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 232 C8 903 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 279 G7 890 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 300 G8 875 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 258 E10 626 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 75 G3 901 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 228 C4 577 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 240 D4 800 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 392 H6 879 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
CA 95 H11 677 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 508 G11 620 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 436 C12 878 ---TTTATTAAAAATTTAT TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
CA 23 B11 689 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 448 D12 664 ---TTTATTAAAAATTTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA
SAM 495 H11 687 ---TTTATTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
TTAATTCAATTTATTTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 375 G3 882 ---TTTATTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
TTGATTCAATTTATTTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 469 F9 870 ---ATTATTTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
ATAATTCAATTTATTTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 492 H8 895 ---ATTATTTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 418 B6 879 ---TTTATTAAAAATTTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 351 E3 858 ---TTTATTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 341 D5 877 ---TTTATTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 350 E2 857 ---TTTATTAAAAATTTAA TTAATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 218 B2 690 ---TTTATTAAAAATTTAT TTAATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTAAATTCCTATTT
SAM 478 G6 856 ---ATTATTTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA

```

SAM 385 H1 849 ---TTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 226 B3 659 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 TTGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 352 E4 857 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 488 H4 867 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 381 A1 695 ---TTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 373 G1 682 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 207 B1 702 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 379 G7 846 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 CA 18 B06 630 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 355 E7 702 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 349 E1 677 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 471 F11 630 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 451 E3 858 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 467 F7 622 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 466 F6 626 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 461 F1 625 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 459 E11 628 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 458 E10 630 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 446 D10 618 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 438 D2 635 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 337 D1 624 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 430 C6 847 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 416 B4 701 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 428 C4 701 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 411 A11 626 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 424 B12 618 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 405 A5 625 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 423 B11 622 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 404 A4 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 403 A3 688 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 398 H9 621 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 395 H8 629 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 388 H4 618 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 387 H2 624 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT
 SAM 386 H2 624 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATTTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTT

SAM 380 G8 694	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 378 G6 623	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 376 G4 622	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 369 F9 687	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 374 G2 626	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 366 F6 695	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 363 F3 642	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 26 C02 632	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 362 F2 631	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 103 A3 685	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 494 H10 698	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 493 H9 673	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 485 H1 616	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 482 G12 622	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 496 H12 627	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 505 D5 685	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 482 G10 621	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 52 E04 891	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 354 E6 871	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 94 H10 847	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 7 A07 827	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 14 B02 832	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 27 C03 878	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 25 C01 890	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 22 B10 881	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 3 A03 824	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 8 A08 879	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 87 H03 854	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
CA 28 C04 654	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 507 E5 631	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 331 C7 627	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 486 H2 630	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 473 G1 630	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 360 E12 724	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM 465 F5 666	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTATATTTCAAGAATCAA-TTCATA-TTA			
SAM_475_G3_621	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC

TTGATTAAATTTTATTTTAAAGAAATAAA-TTTATA-TTT
 SAM 499 A7 654 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 457 E9 626 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 450 E2 630 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 442 D6 626 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 356 E8 621 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 480 G8 633 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 408 A8 629 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 497 A6 636 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 468 F8 620 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 464 F4 632 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 463 F3 619 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 462 F2 635 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 456 E8 634 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 413 B1 638 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 338 D2 636 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 327 C3 624 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 409 A9 631 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 359 E11 635 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 460 E12 619 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 472 F12 619 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 491 H7 629 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 440 D4 631 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 434 C10 636 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 417 B5 641 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 368 F8 632 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 410 A10 622 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 367 F7 618 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 326 C2 619 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 420 B8 631 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 412 A12 633 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 479 G7 632 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 481 G9 623 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 443 D7 630 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM 432 C8 630 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATTCAATTTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA
 SAM_377_G5_617 ---ATTTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC

ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 364 F4 620	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 340 D4 624	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 124 B12 629	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 422 B10 631	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 135 C11 691	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 10 A10 628	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 13 B01 616	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 89 H05 690	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 88 H04 699	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 36 C12 698	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 452 E4 634	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 107 A7 683	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 237 B4 688	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 80 G08 617	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 189 H5 707	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 268 F8 708	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 138 D06 642	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 73 G01 623	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 146 E02 619	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 51 E03 619	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 161 F05 631	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 89 H5 874	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 92 H08 619	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 336 C12 620	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 169 G01 626	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 16 B04 623	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 168 F12 698	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 64 F4 790	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
EF033649 A1	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
SAM 504 C3 677	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 191 H11 629	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 62 E2 628	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 59 E11 619	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 58 E10 630	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			
CA 55 E07 635	---ATTTATTTAAAAATTAA	TTTATTTAAAAATTC	CAC
ATGATTCATATTTTATATTTCAAGAAATCAAATTCATATTA			

CA 54 E06 633 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 108 A8 765 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 100 E7 889 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 200 A7 773 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 121 B9 1392 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 99 E6 819 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
FJ477984 A1a ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 273 G1 678 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 22 B10 699 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
FJ477985 A1b ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 250 E2 632 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 179 G7 704 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 261 F1 713 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 267 F7 706 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 275 G3 701 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 276 G4 707 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 58 E10 813 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 30 C6 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 62 F2 621 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 29 C5 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 217 B5 1491 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
CA 173 G05 703 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
CA 160 F04 631 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 52 E4 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ACGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 51 E3 624 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
CACAATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 40 D4 662 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 28 C4 697 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 53 E5 619 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 42 D6 624 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 57 E9 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 94 H10 621 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 294 H10 711 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 85 H1 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 114 B2 715 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
SAM 90 H6 624 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA

SAM 112 A12 890	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 297 A11 1402	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 283 G11 1393	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 91 H7 865	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 215 B3 633	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
CA 48 D12 829	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 125 C1 690	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
CA 82 G10 616	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
CA 90 H06 816	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
EF033650 A4	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
EF033650 A4 2	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
CA 69 F09 829	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 83 G11 623	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 153 A10 637	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 248 D12 703	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 301 A3 683	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 262 F2 625	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 272 F12 1428	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 94 A2 663	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 295 H11 681	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 419 B7 635	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 421 B9 633	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 431 C7 627	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 138 D2 717	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 445 D9 629	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 292 H8 702	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 281 G9 672	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 247 D11 702	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 246 D10 1396	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 263 F3 682	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
CA 83 G11 618	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 222 B10 698	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 270 F10 690	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
CA 78 G06 626	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
SAM 176 G4 705	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC
ATGATTTCATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATA	TTA		
GU326335_M2	---ATTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTTTC	CAC

ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 140 D08 697 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 102 A2 706 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 321 G2 623 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 145 E01 634 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 78 G6 863 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 158 F02 638 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 155 E11 631 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 96 H12 674 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 371 F11 686 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 157 F01 709 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 190 H10 629 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 503 C1 618 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 67 F07 631 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 46 D10 633 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 42 D06 631 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 53 E05 621 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 50 E02 613 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 57 E09 631 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 56 E08 626 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 34 C10 614 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 39 D03 629 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 21 B09 633 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 506 D8 619 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 19 B07 630 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 176 G08 625 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 153 E09 634 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 17 B05 613 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 154 E10 636 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 73 G1 712 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 77 G5 865 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 81 G9 621 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
SAM 96 H12 890 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 149 E05 707 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA 71 F11 623 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC
ATGATTCAATTTATATTTCAAGAATCAAA-TTCATA-TTA	TTTATTAAAAATTC-CAC
CA_24_B12_619 ---ATTTATTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC-CAC

ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 95 H11 681	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 79 G07 697	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 401 A1 679	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
FJ743639 A1d	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 84 G12 627	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 85 H01 622	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 252 E4 634	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 30 C06 624	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 45 D09 621	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
ca 130 C10 712	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 414 B2 623	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 151 E07 710	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 174 G06 631	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 402 A2 633	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 142 A8 677	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 147 E03 706	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 121 C01 1414	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 35 C11 630	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 43 D07 1041	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 143 D11 644	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 393 H7 606	---ATTATTTAAAAATTAGATTATT	TAAATGTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 70 F10 630	TATATTTATTAATATTTT	ATTTATTATTATTTTC	CTG
ATGATTCTATATTTT-TTTTCAAGAATCTTTA-TTCCTTA-TGA			
SAM 274 B7 631	---ATATATTCGAATTTATTTTATT	TAAATTTTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCTTTC-TTCATATTA			
SAM 271 B6 621	---ATTATTTAAAAATTAA	ATTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 139 D07 722	---ATTATTTAAAAATTAA	ATTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 361 F1 541	---ATTATTTAAAAATTAA	ATTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 72 E12 645	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 150 E06 626	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 278 G6 667	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 181 G9 1407	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 25 C1 810	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 11 A11 677	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 181 H01 709	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
CA 165 F09 624	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			
SAM 131 C7 614	---ATTATTTAAAAATTAA	TTTATTAAAAATTC	CAC
ATGATTCAATATTTATATTTCAAGAATCAAATTCATATTA			

CA 170 G02 619 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 162 F06 631 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 123 C03 672 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 213 B1 1762 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 106 A10 630 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 126 C2 654 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 44 D8 1037 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 156 E8 954 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 196 H10 1007 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 251 E3 894 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 105 A09 1376 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 152 E08 714 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 144 D12 749 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 178 G10 736 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 135 D03 723 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 192 H12 701 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 185 H05 705 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 186 H06 752 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 175 G07 905 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 167 F11 697 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 136 D04 708 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 182 H02 627 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 166 F10 540 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 141 D09 1388 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 71 F11 608 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 163 F07 623 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 372 F12 751 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 9 A9 1373 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 156 E12 642 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 124 C04 634 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 ca 131 C11 1355 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 183 H03 534 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 CA 133 D01 822 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 477 G5 866 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA
 SAM 348 D12 848 ---ATTATTAAAAATTAA TTTATTAAAAATTC CAC
 ATGATT CATATTTATATTTCAAGAAATCAA TTCATA TTA

CA_171_G03_824
 TTTTAAATAAATTAAATTTTAAATAATATATCTGTTATA
 CA_126_C06_881
 AATTTAAATAATTAAATTTTAAATAATATATCTGTTATA
 Clustal Consensus

330 340 350 360 370 380

390 400

SAM 487 H3 864
 TTCAACAT TAAC TG TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 357 E9 909
 TTCAACAT TAAC TG TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 345 D9 879
 TTCAACAT TAAC TG TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 339 D3 871
 TTCAACAT TAAC TG TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 346 D10 869
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 347 D11 877
 ATAATCTCAACAT CAGC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA TTTATAATAA TCA TTATT

SAM 344 D8 829
 TTCAACAT TAAC TGA TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 343 D7 825
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATAA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 330_C6 882
 TTCAACTG GACC TGA TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATGAATA GTTAAAAA TCT TTTT ATTTAT

SAM 328 C4 855
 ATCAACAT TAAC TGA TGCT GAAAA TTAAATTTTCAT TTCATGAATA GTTATAAACA TCA TTATT ATAA

SAM 433 C9 866
 TTCAACTT TAAC TGA TGCT GAAAA TTAAATTTTCAT TTCATAAATA GTTAAAAA TCA TTATC ATAAT

SAM 358 E10 895
 TTCAACAG GACC TGA TGCT GAAAA TTAAATTTTCAT TTCATAAATA GTTATAAACA TCA TTATT ATAAT

SAM 476 G4 818
 TTCAACTT GG C TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCGTAATA GTTAAAAA TCA TTATT ATTTAT

SAM 332 C8 873
 TTCAACAT GACC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAAATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 353 E5 862
 TTCAACAT TAAC TGA TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 333 C9 897
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 324 B12 835
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 110 A5 868
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 384 G12 855
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 399 H10 878
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 111 A6 877
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 140 A7 896
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 342 D6 824
 TTCAACAT TAAC TG TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 382 G10 869
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 439 D3 871
 TTCAACAT TAAC TGT TGCT GATAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATA GTTATAATAA TCA TTATT ATAAT

SAM 454 E6 881
 TTCTCAGT TGAC TG TGCTGA TAA TTAAATTTTCAT TTCTGAAGATAG TGATAATCC TCA TTATT ATAAT

SAM 383 G11 870
 TTCAACAT TGAC TGT TGCTGA AAAA TTAAATTTTCAT TTCAGAGAAAT TGATAATCC TCA TTATT ATAAT

SAM 400 H11 938
 TTTTATAATA TTCAACATG TAAC TGT TGCTGAATAATTTTAAATTCATATTCAGAGAAAGGTTATAATCCATCA

SAM 415 B3 863
 TTCAACAT TGAC TGT TGCTGA TAA TTAAATTTTCAT TTCAGAGATAG TGATAATCA TCA TTATT ATAAT

SAM 455 E7 823
 TTCAACAT TGAC TGT TGCTGA TAA TTAAATTTTCAT TTCATAATATAG TTATAATAA TCA TTATT ATAAT

USA-3 A5 559
 TGCTGA TAATTTAA TTTCATTT CATAATATAG TTATAAT AATTA TTATT ATAAT

TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA-1 C9 615	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA-4 F10 632	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA-3 D11 556	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA-2 D2 572	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA-2 A4 614	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA 2 B10 549	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
FJ037776 C11	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA 3 B11 569	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
SAM 23 B11 656	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA 1 B9 553	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
USA 4 H5 574	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
FJ037778 C14	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
FJ037777 C12	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
SAN ANDRES 4 F10 553	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
SAN ANDRES 3 F5 657	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 64 F04 553	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 189 H09 565	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 187 H07 639	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 188 H08 566	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 63 F03 543	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
ISRAEL C11 568	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 60 E12 549	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 107 A11 628	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 102 A06 582	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
ISRAEL-2 E2 561	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 65 F05 546	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
ISRAEL 2 G9 626	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
ISRAEL-1 E1 554	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
CA 100 A04 1380	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATTA-TTATT-ATAAT
SAM 72 D12 632	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 43 D7 693	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 76 G4 671	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 68 F8 635	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 449 E1 628	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA_109_B01_696	TGCTGA-TAAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT

[illegible]

CA 74 G02 620	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033649 A1 2	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 142 D10 628	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 59 E11 868	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 38 D02 630	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 66 F06 620	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 61 F01 613	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 6 A06 630	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743638 M5	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743637 M4	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743636 M3	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743635 M2	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743634 M1	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743633 O5	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ743632 O5d	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ477982 A9	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033653 A29	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ890930 A26x	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033654 A30 2	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033654 A30	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ477981 A8	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
FJ477983 A27	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 9 A09 625	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 186 H2 694	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 11 A11 636	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 5 A05 636	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 4 A04 632	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 2 A02 693	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 132 C8 909	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 119 B7 711	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 172 F12 713	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 183 G11 706	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 204 A4 627	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 323 C10 1404	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 220 B8 570	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT

SAM 216 B4 1456	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 229 C5 908	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 259 E11 887	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 302 A6 918	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 8 A8 814	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 208 A8 1378	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 103 A07 703	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 154 E6 1374	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 256 E8 575	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 168 F8 1397	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 167 F7 905	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 309 F9 1364	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 29 C05 821	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
FJ890929 A26x	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
FJ743641 A26b	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 315 C11 877	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 239 D3 910	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 238 D2 1398	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 182 G10 1406	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 171 F11 1423	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 18 B7 819	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 34 C10 805	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 35 C11 826	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 14 B2 816	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 45 D9 825	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 39 D3 820	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 241 D5 1381	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 68 F08 759	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 31 C07 874	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 44 D08 869	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 244 D8 890	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 7 A7 820	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 153 E5 879	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 306 E4 1380	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 180 G8 928	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM_320_F11_1379	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT

TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 137 D05 820	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 40 D04 876	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 319 E9 1382	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 75 G03 799	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 49 E01 801	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 219 B7 894	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
FJ477990 A26	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 174 G2 886	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 82 G10 881	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 158 E10 1431	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
FJ477991 A14	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 234 C10 886	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 264 F4 900	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 298 A12 798	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 79 G7 812	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 312 B6 895	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 316 C12 894	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
FJ743640 A26a	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 304 A11 862	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
GU326336 M3	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 47 D11 880	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 317 D1 901	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 41 D05 893	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 313 C2 907	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 311 A10 1395	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 37 D01 897	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
ca 36 C12 901	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 33 C09 887	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 20 B08 815	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 32 C08 879	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 310 A9 1427	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 308 F5 899	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 289 H5 1378	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 287 H3 870	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM_282_G10_1365	TCCTGA-TAAATTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT

TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 136 C12 1343	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 143 D7 878	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 260 E12 1387	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 253 E5 914	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 242 D6 895	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 145 D9 1447	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 147 D11 1411	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 149 E1 1384	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 150 E2 907	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 155 E7 892	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 231 C7 883	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 159 E11 874	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 160 E12 650	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 161 F1 1378	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 162 F2 871	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 225 C1 880	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 163 F3 992	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 202 A2 1423	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 164 F4 838	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 166 F6 895	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 191 H7 741	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 187 H3 1436	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 185 H1 1365	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 184 G12 1384	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 177 G5 1413	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 175 G3 1443	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 325 C1 619	TGCTGA AAATTTAA TTTCATTTC CATAAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 148 D12 1300	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 286 H2 1350	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 203 A3 569	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 314 C3 1373	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 157 E9 771	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 265 F5 1378	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 6 A6 815	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT
SAM 296 H12 897	TGCTGA TAATTTAA TTTCATTTC CATAATATAG TTATAAAT AATCA TTATT ATAAT
TTC AAC ATT	AAC TGT

SAM 290 H6 899	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 288 H4 864	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 193 H9 888	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 146 D10 1382	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 249 E1 645	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 224 B12 1365	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 74 G2 831	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 232 C8 903	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 279 G7 890	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 300 G8 875	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 258 E10 626	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 75 G3 901	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 228 C4 577	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 240 D4 800	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 392 H6 879	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 95 H11 677	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 508 G11 620	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CGTAGTATAG	GTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 436 C12 878	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 23 B11 689	TTCAACATT	AAC	TGT	GGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CAAAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 448 D12 664	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 495 H11 687	AACAACATT	AAC	TGT	TGCTAA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATTATATATT	TTAAATTT	CTTCA	TTCTC	ACTTA
SAM 375 G3 882	TACAACATT	AAC	TGA	TGCTAA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CAAAATAAAT	TTAAATTT	CTTCA	TTATC	ACTTA
SAM 469 F9 870	AACAACATT	AAC	TGT	TGCTAA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATAAAG	TTAAATTT	ATTCA	TTATA	ACAAT
SAM 492 H8 895	TACAACATT	AAC	TGT	TGCTAA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATAAAG	TTAAATTT	ATTCA	TTATC	ACAAT
SAM 418 B6 879	TACAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATAAAG	TTAAATTT	AATCA	TTATT	ACTAA
SAM 351 E3 858	TACAACATT	AAC	CGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAA	AATCA	ATTATC	ATTAT
SAM 341 D5 877	TACAACATT	AAC	CGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TATCTTTT	CTTAATATAG	TTATAAA	AATCA	ATTATC	ATTAT
SAM 350 E2 857	TTCAACATT	AAC	CGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CTTAATATAG	TTATAAA	TTTCA	TTATC	ATTAT
SAM 218 B2 690	TACAACATT	AAC	CGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	TATAATATAA	TTATAAA	ATTCT	TTATC	ATTAT
SAM 478 G6 856	TACAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATAAAG	TTAAATTT	ATTCA	TTATT	ATAAT
SAM 385 H1 849	TACAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATAAAG	TTAAATTT	ATTCA	TTATT	ATTAT
SAM 226 B3 659	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATAAAT	TTAAATTT	ATTCA	TTATA	ATAAT
SAM 352 E4 857	TACAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATC	ATAAT
SAM 488 H4 867	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATC	ATAAT
SAM 381 A1 695	TACAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	AAATTTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	ATTCA	TTATC	ATAAT

SAM 373 G1 682	TGCTGA-AAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATC-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 207 B1 702	TGCTGA-AAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 379 G7 846	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CAAAATATAG-GTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
CA 18 B06 630	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CAAAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 355 E7 702	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 349 E1 677	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 471 F11 630	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 451 E3 858	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 467 F7 622	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 466 F6 626	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 461 F1 625	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 459 E11 628	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 458 E10 630	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 446 D10 618	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 438 D2 635	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 337 D1 624	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 430 C6 847	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 416 B4 701	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 428 C4 701	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 411 A11 626	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 424 B12 618	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 405 A5 625	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 423 B11 622	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 404 A4 623	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 403 A3 688	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 398 H9 621	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 395 H8 629	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 388 H4 618	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 387 H2 624	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 386 H2 624	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 380 G8 694	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 378 G6 623	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 376 G4 622	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 369 F9 687	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM 374 G2 626	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT-AAC-TGT	
SAM_366_F6 695	TGCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT

TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 363 F3 642	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 26 C02 632	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 362 F2 631	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 103 A3 685	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 494 H10 698	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 493 H9 673	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 485 H1 616	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 482 G12 622	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 496 H12 627	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 505 D5 685	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 482 G10 621	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 52 E04 891	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 354 E6 871	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 94 H10 847	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 7 A07 827	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 14 B02 832	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 27 C03 878	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 25 C01 890	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 22 B10 881	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 3 A03 824	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 8 A08 879	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 87 H03 854	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
CA 28 C04 654	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TGT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 507 E5 631	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 331 C7 627	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 486 H2 630	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 473 G1 630	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAGGTTATAAT-AATCAATTATT
SAM 360 E12 724	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
ATAAATTTCAACATTTAACT-GT	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 465 F5 666	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AACT-G	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 475 G3 621	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
ATTATATTGAATCTTT-AAAT-GG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 499 A7 654	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 457 E9 626	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 450 E2 630	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM 442 D6 626	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
TTCAACATT--AAC-TG	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT
SAM_356_E8_621	TCCTGA-TAATTTAA-TTTCATTT-CATAATATAG-TTATAAT-AATCA-TTATT-ATAAT

Accession	Position	Reference	Sample	Variant
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 480 G8	633
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 408 A8	629
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 497 A6	636
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 468 F8	620
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 464 F4	632
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 463 F3	619
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 462 F2	635
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 456 E8	634
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 413 B1	638
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 338 D2	636
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 327 C3	624
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 409 A9	631
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 359 E11	635
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 460 E12	619
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 472 F12	619
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 491 H7	629
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 440 D4	631
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 434 C10	636
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 417 B5	641
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 368 F8	632
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 410 A10	622
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 367 F7	618
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 326 C2	619
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 420 B8	631
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 412 A12	633
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 479 G7	632
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 481 G9	623
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 443 D7	630
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 432 C8	630
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TG	SAM 377 G5	617
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TGT	SAM 364 F4	620
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TGT	SAM 340 D4	624
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TGT	SAM 124 B12	629
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TGT	SAM 422 B10	631
				TTCAACATT
TTCAACATT	AAC	TGT	SAM 135 C11	691
				TTCAACATT

CA 10 A10 628	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 13 B01 616	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 89 H05 690	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 88 H04 699	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 36 C12 698	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 452 E4 634	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 107 A7 683	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 237 B4 688	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 80 G08 617	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 189 H5 707	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 268 F8 708	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 138 D06 642	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 73 G01 623	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 146 E02 619	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 51 E03 619	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 161 F05 631	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 89 H5 874	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 92 H08 619	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 336 C12 620	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 169 G01 626	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 16 B04 623	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 168 F12 698	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 64 F4 790	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033649 A1	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 504 C3 677	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 191 H11 629	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 62 E2 628	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 59 E11 619	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 58 E10 630	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 55 E07 635	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 54 E06 633	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 108 A8 765	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 100 E7 889	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 200 A7 773	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 121 B9 1392	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT

SAM 99 E6 819	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
FJ477984 A1a	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 273 G1 678	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 22 B10 699	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
FJ477985 A1b	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 250 E2 632	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 179 G7 704	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 261 F1 713	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 267 F7 706	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 275 G3 701	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 276 G4 707	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 58 E10 813	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 30 C6 623	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 62 F2 621	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 29 C5 623	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 217 B5 1491	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 173 G05 703	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA 160 F04 631	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 52 E4 623	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	AGT						
SAM 51 E3 624	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 40 D4 662	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 28 C4 697	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 53 E5 619	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 42 D6 624	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 57 E9 623	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 94 H10 621	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 294 H10 711	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 85 H1 623	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 114 B2 715	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 90 H6 624	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 112 A12 890	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 297 A11 1402	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 283 G11 1393	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 91 H7 865	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
SAM 215 B3 633	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT						
CA_48_D12_829	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT

TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 125 C1 690			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 82 G10 616			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 90 H06 816			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033650 A4			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
EF033650 A4 2			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 69 F09 829			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 83 G11 623			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 153 A10 637			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 248 D12 703			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 301 A3 683			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 262 F2 625			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 272 F12 1428			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 94 A2 663			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 295 H11 681			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 419 B7 635			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 421 B9 633			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 431 C7 627			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 138 D2 717			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 445 D9 629			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 292 H8 702			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 281 G9 672			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 247 D11 702			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 246 D10 1396			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 263 F3 682			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 83 G11 618			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 222 B10 698			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 270 F10 690			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 78 G06 626			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 176 G4 705			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
GU326335 M2			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 140 D08 697			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 102 A2 706			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 321 G2 623			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 145 E01 634			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
TTCAACATT	AAC	TGT	TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM_78_G6_863			TCCTGA	TAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT

CA 85 H01 622	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 252 E4 634	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 30 C06 624	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 45 D09 621	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
ca 130 C10 712	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 414 B2 623	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 151 E07 710	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 174 G06 631	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 402 A2 633	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 142 A8 677	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 147 E03 706	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 121 C01 1414	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 35 C11 630	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 43 D07 1041	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 143 D11 644	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 393 H7 606	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 70 F10 630	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 274 B7 631	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 271 B6 621	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 139 D07 722	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 361 F1 541	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 72 E12 645	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 150 E06 626	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 278 G6 667	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 181 G9 1407	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 25 C1 810	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 11 A11 677	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 181 H01 709	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 165 F09 624	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 131 C7 614	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 170 G02 619	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 162 F06 631	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 123 C03 672	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
SAM 213 B1 1762	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT
CA 106 A10 630	TTCAACATT	AAC	TGT	TGCTGA	TAAATTTAA	TTTCATTT	CATAATATAG	TTATAAT	AATCA	TTATT	ATAAT

[illegible]

--TTGTAAA-T	ATACCATTA TTGTTAGATTTTT TTTCC ATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 357 E9 909	
--TTGTAAA-T	ATTCATTA T GTTAGATTTTT TTTCC ATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 345 D9 879	
--TTGTAAA-T	ATACCATTA T GTTAGATTTTT TTTCC ATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 339 D3 871	
--TTGTAAA-T	ATACCATTA TTGGAAGATTTTT TTTCC ATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 346 D10 869	
--TTGTAAA-T	ATACCATTA TTGTAAGATTTTT TTTCCCATCATT AAAAAA TTTTATATTTT AA TTTGATGAAAA
SAM 347 D11 877	
--TTGTAAA-A	T ACCATTT TGTTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 344 D8 829	
--TTGTAAA-T	T CCATTT TGGTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 343 D7 825	
--TTGTAAA-T	T GGCATTT TGGTTAGA TTTATTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 330 C6 882	
--TTGTAAA-T	T A CATTA GTTTAGA TTTTTTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 328 C4 855	
--TTGTAAA-T	TTGGCATTT TGGTTAGA TTT TTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 433 C9 866	
--TTGTAAA-T	T GGCATTT TGGTTAGAATTT TTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 358 E10 895	
--TTGTAAA-T	T GGCATTT TGGGGAGGATTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAA
SAM 476 G4 818	
--TTGTAA-T	A TACATTA TG TTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 332 C8 873	
--TTGTAAA-T	T ACATTT ATGTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 353 E5 862	
--TTGTAAA-T	A TACATTA T GTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 333 C9 897	
--TTGTAAA-T	A TACATTA T TTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 324 B12 835	
--TTGTAAA-T	A TACATTA GTTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 110 A5 868	
--TTGTAAA-T	A TATATTA TTT TAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 384 G12 855	
--TTGTAAA-T	T ATTATTA TTTG TAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 399 H10 878	
--TTGTAAA-T	A TATATTA TTT TAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 111 A6 877	
--TTGTAAA-T	A TATATTA TTT TAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 140 A7 896	
--TTGTAAA-T	A AATATTA TTGTTAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 342 D6 824	
--TTGTAAA-T	A TATATTA TTT TAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 382 G10 869	
--TTGTAAA-T	T AATTA TTG TAGATTTTT TTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTA A TTTGATGAAA
SAM 439 D3 871	
--TTGTAA-T	AATGGATA TTGGAAGA TTTTTTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTT AATT CATGAAA
SAM 454 E6 881	
--TTGTAAA-T	CAATGATTA TTGAAGAT TTTTTTTTCCATCATT AAAAAA TTTTATATTTT AA TTTGATGAAAA
SAM 383 G11 870	
--TTGTAAAA-T	ATATGATTAATTGGAAGAATTT TTTTCCATCCTTTAAAAA TTTTATATTTT TAA TTTGATGAAAA
SAM 400 H11 938	
--TTGTAAAA-T	AATGATTA TTGAAGAT TTTTTTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTT AATT CATGAAA
SAM 415 B3 863	
--TTGTAA-T	ATGAATAATTGGAGAA TTTTTTTTCCATCATT AAAAA TTTTATATTTT AATT CATGAAA
SAM 455 E7 823	
--TTGTAA-T	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
USA-3 A5 559	
AATCAT AAT	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
USA-1 C9 615	
AATCAT AAT	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
USA-4 F10 632	
AATCAT AAT	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
USA-3 D11 556	
AATCAT AAT	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
USA-2 D2 572	
AATCAT AAT	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
USA-2_A4_614	

[illegible]

SAM 13 B1 738	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 233 C9 1460	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 291 H7 1405	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 437 D1 670	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 109 A9 700	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 46 D10 622	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 435 C11 682	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 123 B11 678	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 206 A6 712	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 12 A12 634	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 129 C09 637	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 284 G12 705	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 188 H4 681	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 447 D11 690	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 86 H02 620	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 243 D7 713	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 255 E7 709	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 81 G09 615	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 192 H8 708	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 178 G6 686	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 76 G04 628	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
GU326335 A1e	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 303 A10 677	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 91 H07 641	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 88 H4 698	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 97 B12 859	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 266 F6 1183	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 93 H09 623	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 269 F9 724	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CN 84 C7 704	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 74 G02 620	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
EF033649 A1 2	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 142 D10 628	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 59 E11 868	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 38 D02 630	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	

CA 6 F06 620	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 61 F01 613	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 6 A06 630	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743638 M5	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743637 M4	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743636 M3	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743635 M2	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743634 M1	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAC A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743633 O5	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATCTATTТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743632 O5d	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATCTATTТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ477982 A9	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
EF033653 A29	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ890930 A26x	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
EF033654 A30_2	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
EF033654 A30	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ477981 A8	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ477983 A27	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 9 A09 625	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 186 H2 694	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 11 A11 636	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 5 A05 636	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 4 A04 632	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 2 A02 693	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 132 C8 909	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 119 B7 711	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 172 F12 713	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 183 G11 706	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 204 A4 627	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 323 C10 1404	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 220 B8 570	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 216 B4 1456	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 229 C5 908	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 259 E11 887	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 302 A6 918	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 8 A8 814	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 208 A8 1378	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTТАТТТТ ATTAAAA
AATCAT AAT	

Accession	Gene	Position	Sequence
CA 103	A07	703	ATACAT AAT
SAM 154	E6	1374	ATACAT AAT
SAM 256	E8	575	ATACAT AAT
SAM 168	F8	1397	ATACAT AAT
SAM 167	F7	905	ATACAT AAT
SAM 309	F9	1364	ATACAT AAT
CA 29	C05	821	ATACAT AAT
FJ890929	A26x		ATACAT AAT
FJ743641	A26b		ATACAT AAT
SAM 315	C11	877	ATACAT AAT
SAM 239	D3	910	ATACAT AAT
SAM 238	D2	1398	ATACAT AAT
SAM 182	G10	1406	ATACAT AAT
SAM 171	F11	1423	ATACAT AAT
SAM 18	B7	819	ATACAT AAT
SAM 34	C10	805	ATACAT AAT
SAM 35	C11	826	ATACAT AAT
SAM 14	B2	816	ATACAT AAT
SAM 45	D9	825	ATACAT AAT
SAM 39	D3	820	ATACAT AAT
SAM 241	D5	1381	ATACAT AAT
CA 68	F08	759	ATACAT AAT
CA 31	C07	874	ATACAT AAT
CA 44	D08	869	ATACAT AAT
SAM 244	D8	890	ATACAT AAT
SAM 7	A7	820	ATACAT AAT
SAM 153	E5	879	ATACAT AAT
SAM 306	E4	1380	ATACAT AAT
SAM 180	G8	928	ATACAT AAT
SAM 320	F11	1379	ATACAT AAT
CA 137	D05	820	ATACAT AAT
CA 40	D04	876	ATACAT AAT
SAM 319	E9	1382	ATACAT AAT
CA 75	G03	799	ATACAT AAT
CA 49	E01	801	ATACAT AAT

AATCAT	-AAT
SAM 219 B7 894	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
FJ477990 A26	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AAT TCTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 174 G2 886	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 82 G10 881	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 158 E10 1431	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATTTAT	-AAT
FJ477991 A14	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 234 C10 886	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 264 F4 900	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 298 A12 798	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 79 G7 812	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 312 B6 895	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 316 C12 894	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
FJ743640 A26a	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 304 A11 862	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
GU326336 M3	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
CA 47 D11 880	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 317 D1 901	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
CA 41 D05 893	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 313 C2 907	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 311 A10 1395	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
CA 37 D01 897	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
ca 36 C12 901	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
CA 33 C09 887	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
CA 20 B08 815	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
CA 32 C08 879	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 310 A9 1427	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 308 F5 899	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 289 H5 1378	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 287 H3 870	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 282 G10 1365	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 136 C12 1343	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 143 D7 878	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 260 E12 1387	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 253 E5 914	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT
SAM 242 D6 895	ATA C AA TTA TTTTAC ATTTATT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	-AAT

Accession	Gene	Position	Sequence
SAM 145	D9	1447	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 147	D11	1411	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 149	E1	1384	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 150	E2	907	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 155	E7	892	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 231	C7	883	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 159	E11	874	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 160	E12	650	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 161	F1	1378	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 162	F2	871	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 225	C1	880	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 163	F3	992	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 202	A2	1423	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 164	F4	838	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 166	F6	895	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 191	H7	741	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 187	H3	1436	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 185	H1	1365	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 184	G12	1384	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 177	G5	1413	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 175	G3	1443	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 325	C1	619	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 148	D12	1300	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 286	H2	1350	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 203	A3	569	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 314	C3	1373	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 157	E9	771	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 265	F5	1378	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 6	A6	815	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 296	H12	897	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 290	H6	899	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 288	H4	864	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 193	H9	888	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 146	D10	1382	ATACA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		
SAM 249	E1	645	ATATA TTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAAT		

SAM 224 B12 1365	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 74 G2 831	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 232 C8 903	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 279 G7 890	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 300 G8 875	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 258 E10 626	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 75 G3 901	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 228 C4 577	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 240 D4 800	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 392 H6 879	ATATA TTA TGGTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 95 H11 677	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 508 G11 620	ATAGA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 436 C12 878	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 23 B11 689	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 448 D12 664	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 495 H11 687	AATTA TAA TGTTAG ATTTATTA TAAAT A AATTTTC AAAATTAATTAATT ATTAAAA
TTTCAT TTT	
SAM 375 G3 882	AAGGAATAA TGA TAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 469 F9 870	AAATA TAA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 492 H8 895	AAATA TAA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 418 B6 879	ATATA TAA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT ATT	
SAM 351 E3 858	TAAGA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTA ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 341 D5 877	TAAGA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTA ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 350 E2 857	ATTTA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTA ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 218 B2 690	ATAAA TAA TGTTAG ATTTATTT TAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 478 G6 856	AAATA TAA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 385 H1 849	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 226 B3 659	ATATA TAA TTTTAA ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 352 E4 857	ATAGA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 488 H4 867	ATAGA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 381 A1 695	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 373 G1 682	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 207 B1 702	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 379 G7 846	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 18 B06 630	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 355 E7 702	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 349 E1 677	ATATA TTA TGTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAAATTTATTTTT ATTAAAA

[illegible]

Accession	Gene	Position	Sequence
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 493	H9	673	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 485	H1	616	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 482	G12	622	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 496	H12	627	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 505	D5	685	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 482	G10	621	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 52	E04	891	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 354	E6	871	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 94	H10	847	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 7	A07	827	ATACA TTA GGTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA GGTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 14	B02	832	ATACA TTA GGTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA GGTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 27	C03	878	ATACA TTA GGTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 25	C01	890	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 22	B10	881	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 3	A03	824	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 8	A08	879	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 87	H03	854	ATACA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
CA 28	C04	654	ATATA TTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		TTAATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 507	E5	631	TTAATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		TTAATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 331	C7	627	TTAATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 486	H2	630	ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 473	G1	630	ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATGATTA TCTTACATTTATTTT ATAAAA ATAAATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 360	E12	724	ATATGATTA TCTTACATTTATTTT ATAAAA ATAAATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 465	F5	666	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATTGGATTA GGTTG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC ATATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 475	G3	621	ATTGGATTA GGTTG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC ATATTTATTTTT ATTAAAA
AATTA	GAAA		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 499	A7	654	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 457	E9	626	ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 450	E2	630	ATATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 442	D6	626	ATATATTA TTTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 356	E8	621	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 480	G8	633	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 408	A8	629	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 497	A6	636	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 468	F8	620	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
SAM 464	F4	632	ATAATATTA TCTTAC ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT	AAT		

SAM 463 F3 619	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 462 F2 635	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 456 E8 634	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 413 B1 638	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 338 D2 636	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 327 C3 624	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 409 A9 631	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 359 E11 635	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 460 E12 619	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 472 F12 619	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 491 H7 629	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 440 D4 631	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 434 C10 636	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 417 B5 641	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 368 F8 632	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 410 A10 622	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 367 F7 618	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 326 C2 619	ATAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 420 B8 631	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 412 A12 633	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 479 G7 632	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 481 G9 623	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 443 D7 630	TTATATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 432 C8 630	TTATATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 377 G5 617	TAAATTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 364 F4 620	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 340 D4 624	ATATA TTA	TGTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 124 B12 629	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 422 B10 631	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 135 C11 691	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
CA 10 A10 628	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
CA 13 B01 616	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
CA 89 H05 690	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
CA 88 H04 699	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								
SAM 36 C12 698	ATATA TTA	TTTTAG	ATTATTTT	ATAAAT	A	AATTTTC	AAATTTATTTTT	ATTAAAA
AATCAT - AAT								

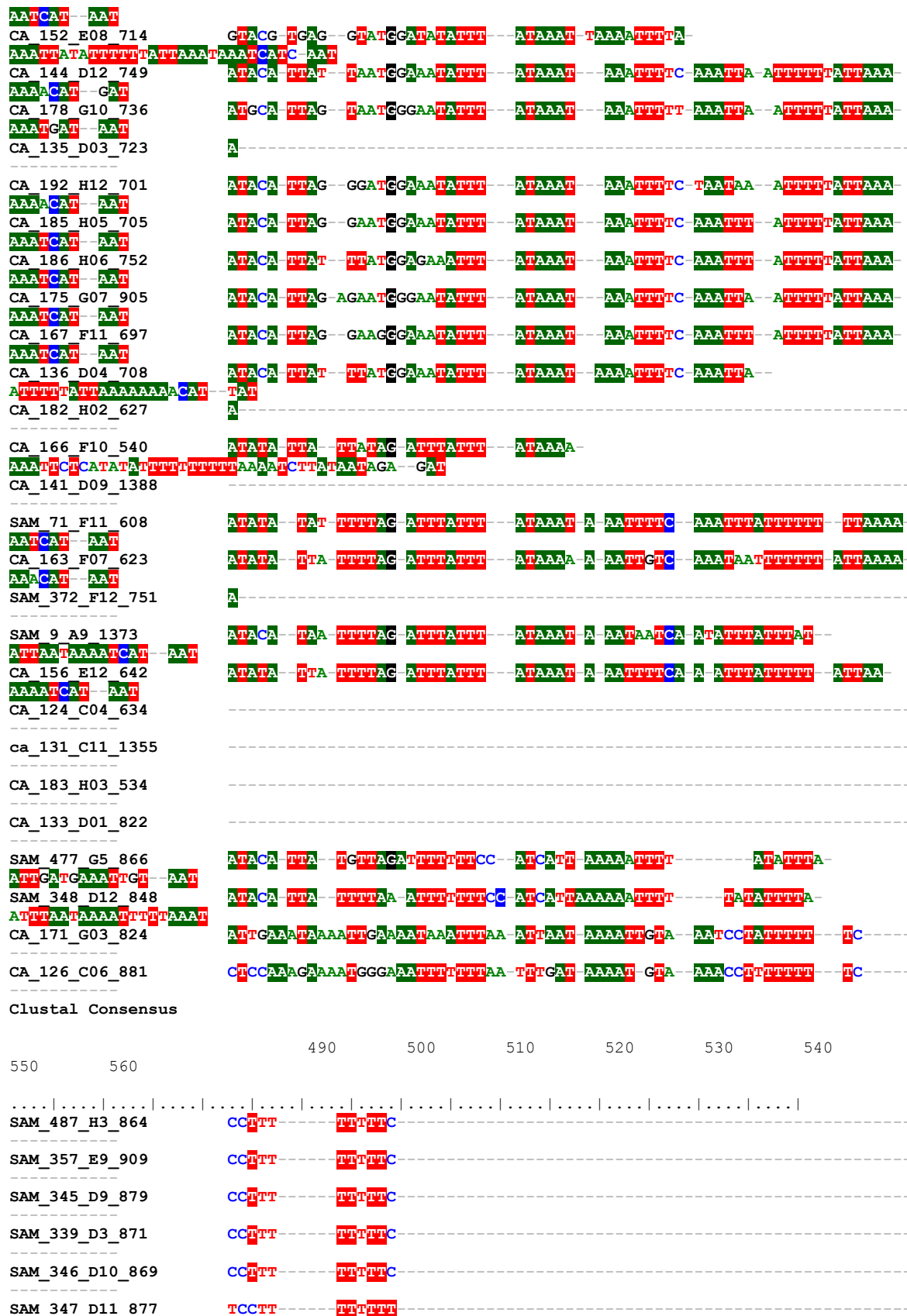
SAM 452 E4 634	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 107 A7 683	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 237 B4 688	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 80 G08 617	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 189 H5 707	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 268 F8 708	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 138 D06 642	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 73 G01 623	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 146 E02 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 51 E03 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 161 F05 631	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 89 H5 874	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 92 H08 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 336 C12 620	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 169 G01 626	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 16 B04 623	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 168 F12 698	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 64 F4 790	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
EF033649 A1	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 504 C3 677	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 191 H11 629	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 62 E2 628	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 59 E11 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 58 E10 630	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 55 E07 635	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 54 E06 633	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 108 A8 765	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 100 E7 889	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 200 A7 773	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 121 B9 1392	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 99 E6 819	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ477984 A1a	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 273 G1 678	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 22 B10 699	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ477985 A1b	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 250 E2 632	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AA TTTATTTTT ATTAAAA

[illegible]

Accession	Gene	Position	Sequence
CA 69 F09 829	ATATCAT	829	ATATCAT
SAM 83 G11 623	ATATCAT	623	ATATCAT
SAM 153 A10 637	ATATCAT	637	ATATCAT
SAM 248 D12 703	ATATCAT	703	ATATCAT
SAM 301 A3 683	ATATCAT	683	ATATCAT
SAM 262 F2 625	ATATCAT	625	ATATCAT
SAM 272 F12 1428	ATATCAT	1428	ATATCAT
SAM 94 A2 663	ATATCAT	663	ATATCAT
SAM 295 H11 681	ATATCAT	681	ATATCAT
SAM 419 B7 635	ATATCAT	635	ATATCAT
SAM 421 B9 633	ATATCAT	633	ATATCAT
SAM 431 C7 627	ATATCAT	627	ATATCAT
SAM 138 D2 717	ATATCAT	717	ATATCAT
SAM 445 D9 629	ATATCAT	629	ATATCAT
SAM 292 H8 702	ATATCAT	702	ATATCAT
SAM 281 G9 672	ATATCAT	672	ATATCAT
SAM 247 D11 702	ATATCAT	702	ATATCAT
SAM 246 D10 1396	ATATCAT	1396	ATATCAT
SAM 263 F3 682	ATATCAT	682	ATATCAT
CA 83 G11 618	ATATCAT	618	ATATCAT
SAM 222 B10 698	ATATCAT	698	ATATCAT
SAM 270 F10 690	ATATCAT	690	ATATCAT
CA 78 G06 626	ATATCAT	626	ATATCAT
SAM 176 G4 705	ATATCAT	705	ATATCAT
GU326335 M2	ATATCAT		ATATCAT
CA 140 D08 697	ATATCAT	697	ATATCAT
SAM 102 A2 706	ATATCAT	706	ATATCAT
SAM 321 G2 623	ATATCAT	623	ATATCAT
CA 145 E01 634	ATATCAT	634	ATATCAT
SAM 78 G6 863	ATATCAT	863	ATATCAT
CA 158 F02 638	ATATCAT	638	ATATCAT
CA 155 E11 631	ATATCAT	631	ATATCAT
CA 96 H12 674	ATATCAT	674	ATATCAT
SAM 371 F11 686	ATATCAT	686	ATATCAT
CA 157 F01 709	ATATCAT	709	ATATCAT

CA 190 H10 629	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 503 C1 618	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 67 F07 631	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 46 D10 633	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 42 D06 631	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 53 E05 621	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 50 E02 613	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTCA AA TTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 57 E09 631	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 56 E08 626	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 34 C10 614	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 39 D03 629	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 21 B09 633	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 506 D8 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 19 B07 630	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 176 G08 625	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 153 E09 634	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 17 B05 613	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 154 E10 636	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 73 G1 712	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 77 G5 865	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 81 G9 621	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 96 H12 890	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 149 E05 707	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 71 F11 623	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 24 B12 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 95 H11 681	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 79 G07 697	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 401 A1 679	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
FJ743639 A1d	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 84 G12 627	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 85 H01 622	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 252 E4 634	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 30 C06 624	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 45 D09 621	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
ca 130 C10 712	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	

SAM 414 B2 623	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 151 E07 710	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 174 G06 631	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 402 A2 633	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 142 A8 677	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 147 E03 706	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 121 C01 1414	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 35 C11 630	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 43 D07 1041	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
A TCAT AAT	
CA 143 D11 644	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 393 H7 606	
CA 70 F10 630	ATATA TTA TATAAG ATTTAATT ATAAAT A AATTTTA TTAATTATTAATT ATTAAAT
AATCAT AAT	
SAM 274 B7 631	ACATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTACAA
ACTCAT AAT	
SAM 271 B6 621	TAATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 139 D07 722	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 361 F1 541	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 72 E12 645	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCA TAAT	
CA 150 E06 626	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAA TAAT	
SAM 278 G6 667	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 181 G9 1407	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 25 C1 810	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 11 A11 677	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 181 H01 709	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 165 F09 624	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAA A AATTTTC AAATTTATTTTT TTTAAAA
ACCAT AAT	
SAM 131 C7 614	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC AAATTTATTTTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 170 G02 619	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 162 F06 631	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 123 C03 672	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 213 B1 1762	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT
ATTAAAAAATCAT AAT	
CA 106 A10 630	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT
SAM 126 C2 654	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 44 D8 1037	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 156 E8 954	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 196 H10 1007	ATATA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
SAM 251 E3 894	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTT ATTATTT ATTAAAA
AATCAT AAT	
CA 105 A09 1376	ATACA TTA TTTTAG ATTTATTT ATAAAT A AATTTTC A AATTTATTTTT ATTAAAA



SAM_344_D8_829	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_343_D7_825	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_330_C6_882	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_328_C4_855	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_433_C9_866	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_358_E10_895	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_476_G4_818	CC	TTT	---	TTT	TT	C	-----
SAM_332_C8_873	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_353_E5_862	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_333_C9_897	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_324_B12_835	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_110_A5_868	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_384_G12_855	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_399_H10_878	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_111_A6_877	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_140_A7_896	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_342_D6_824	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_382_G10_869	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_439_D3_871	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_454_E6_881	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
SAM_383_G11_870	CCCTT	---	TTT	TTTTT	TTT	C	-----
SAM_400_H11_938	CCCTT	---	TTT	TTTTT	TTT	C	-----
SAM_415_B3_863	CC	TTT	---	TTT	TT	C	-----
SAM_455_E7_823	CC	TTT	---	TTT	TTT	C	-----
USA-3 A5 559	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA-1 C9 615	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA-4 F10 632	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA-3 D11 556	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA-2 D2 572	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA-2 A4 614	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA 2 B10 549	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
FJ037776 C11	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA 3 B11 569	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
SAM 23 B11 656	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
USA 1 B9 553	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA AAAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTCC

USA 4 H5 574	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
FJ037778 C14	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
FJ037777 C12	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAN ANDRES 4 F10_553	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAN ANDRES 3 F5_657	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 64 F04 553	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 189 H09 565	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 187 H07 639	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 188 H08 566	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 63 F03 543	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
ISRAEL C11 568	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 60 E12 549	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 107 A11 628	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 102 A06 582	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
ISRAEL-2 E2 561	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	
CTATTAATTATTTGTTTCCCTAT	CAATTAA-AAAATTT					
CA 65 F05 546	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
ISRAEL 2 G9 626	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
ISRAEL-1 E1 554	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAAGGATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 100 A04 1380	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	ATTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 72 D12 632	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 43 D7 693	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 76 G4 671	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 68 F8 635	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 449 E1 628	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 109 B01 696	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 26 C2 741	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 97 A01 686	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 159 F03 637	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
CA 108 A12 694	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 230 C6 908	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 13 B1 738	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 233 C9 1460	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 291 H7 1405	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 437 D1 670	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						
SAM 109 A9 700	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						

SAM 46 D10 622	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 435 C11 682	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 123 B11 678	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 206 A6 712	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 12 A12 634	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 129 C09 637	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 284 G12 705	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 188 H4 681	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 447 D11 690	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 86 H02 620	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 243 D7 713	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 255 E7 709	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 81 G09 615	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 192 H8 708	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 178 G6 686	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 76 G04 628	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
GU326335 Ale	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 303 A10 677	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 91 H07 641	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 88 H4 698	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 97 B12 859	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 266 F6 1183	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 93 H09 623	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 269 F9 724	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CN 84 C7 704	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 74 G02 620	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
EF033649 A1 2	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 142 D10 628	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 59 E11 868	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 38 D02 630	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
CA 66 F06 620	ATTGA	---	AATTATTT	GAA	CA	GTTATTC	CAATTATTATT	

ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ743635	M2	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ743634	M1	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ743633	O5	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ743632	O5d	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ477982	A9	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
EF033653	A29	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ890930	A26x	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
EF033654	A30 2	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
EF033654	A30	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ477981	A8	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
FJ477983	A27	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
CA 9 A09	625	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 186 H2	694	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
CA 11 A11	636	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
CA 5 A05	636	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
CA 4 A04	632	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
CA 2 A02	693	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 132 C8	909	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 119 B7	711	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 172 F12	713	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 183 G11	706	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 204 A4	627	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 323 C10	1404	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 220 B8	570	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 216 B4	1456	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 229 C5	908	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 259 E11	887	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM 302 A6	918	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	C	
SAM_8_A8_814		ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	C	
SAM 208 A8	1378	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTTA	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	C	
CA_103_A07_703		ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	C	
SAM_154_E6	1374	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
TATCATTAAAAATTT		ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	C	
SAM_256_E8_575		ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	C	
SAM 168 F8	1397	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
SAM_167_F7_905		ATTGA	AAATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC

Accession	Gene	Position	Strand	Sequence	Reference
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 309 F9 1364				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 29 C05 821				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
FJ890929 A26x				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
FJ743641 A26b				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 315 C11 877				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 239 D3 910				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 238 D2 1398				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 182 G10 1406				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 171 F11 1423				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 18 B7 819				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTTA AAATCATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 34 C10 805				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTTT AAAGCATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 35 C11 826				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC AAATGGTTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM_14_B2_816				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC A
SAM 45 D9 825				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTTCCAATCATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 39 D3 820				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTTCCAACATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 241 D5 1381				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTTCCAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 68 F08 759				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 31 C07 874				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 44 D08 869				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 244 D8 890				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 7 A7 820				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 153 E5 879				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 306 E4 1380				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 180 G8 928				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 320 F11 1379				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 137 D05 820				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 40 D04 876				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 319 E9 1382				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 75 G03 799				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
CA 49 E01 801				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 219 B7 894				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
FJ477990 A26				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 174 G2 886				ATTGA	AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT				
SAM 82 G10 881					

FJ477991 A14	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 234 C10 886	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 264 F4 900	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 298 A12 798	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 79 G7 812	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 312 B6 895	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 316 C12 894	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
FJ743640 A26a	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 304 A11 862	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
GU326336 M3	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 47 D11 880	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 317 D1 901	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 41 D05 893	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 313 C2 907	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 311 A10 1395	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 37 D01 897	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ca 36 C12 901	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 33 C09 887	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 20 B08 815	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 32 C08 879	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 310 A9 1427	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 308 F5 899	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 289 H5 1378	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 287 H3 870	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 282 G10 1365	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 136 C12 1343	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 143 D7 878	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 260 E12 1387	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 253 E5 914	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 242 D6 895	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 145 D9 1447	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 147 D11 1411	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 149 E1 1384	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 150 E2 907	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 155 E7 892	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC

Accession	Gene	Position	Sequence
SAM 231	C7	883	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 159	E11	874	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 160	E12	650	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 161	F1	1378	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 162	F2	871	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 225	C1	880	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 163	F3	992	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 202	A2	1423	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 164	F4	838	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 166	F6	895	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 191	H7	741	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 187	H3	1436	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 185	H1	1365	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 184	G12	1384	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 177	G5	1413	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 175	G3	1443	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 325	C1	619	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 148	D12	1300	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 286	H2	1350	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 203	A3	569	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 314	C3	1373	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 157	E9	771	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 265	F5	1378	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 6	A6	815	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 296	H12	897	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 290	H6	899	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 288	H4	864	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 193	H9	888	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 146	D10	1382	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 249	E1	645	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 224	B12	1365	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 74	G2	831	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 232	C8	903	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 279	G7	890	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 300	G8	875	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		
SAM 258	E10	626	ATTGA --- AATTATTT GAACA GTTATTC CAATTATTATT CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTTAA	AAATTT		

ATCATTAA AAAATTT
SAM 75 G3 901
ATCATTAA AAAATTT
SAM 228 C4 577
ATCATTAA AAAATTT
SAM 240 D4 800
ATCATTAA AAAATTT
SAM 392 H6 879
ATCATTAA AAAATTT
CA 95 H11 677
ATCATTAA AAAATTT
SAM 508 G11 620
ATCGTTAA AAAATTT
SAM 436 C12 878
ATCATTAA AAAATTT
CA 23 B11 689
ATCATTAA AAAATTT
SAM 448 D12 664
ATCATTAA AAAATTT
SAM 495 H11 687
ATCCTTAA AAAATTT
SAM 375 G3 882
ATCCTTAA AAAATTT
SAM 469 F9 870
ATCCGCAA AAAATTT
SAM 492 H8 895
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 418 B6 879
ATCCTTAA AAAATTT
SAM 351 E3 858
ATCA GCAA AAAATTT
SAM 341 D5 877
ATCTGAAG AAAATT
SAM 350 E2 857
ATCA GTAA AAAATTT
SAM 218 B2 690
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 478 G6 856
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 385 H1 849
ATCATTAA AAAATTT
SAM 226 B3 659
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 352 E4 857
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 488 H4 867
ATCA GTAA AAAATTT
SAM 381 A1 695
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 373 G1 682
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 207 B1 702
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 379 G7 846
ATCATTAA AAAATTT
CA 18 B06 630
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 355 E7 702
ATCATTAA AAAATTT
SAM 349 E1 677
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 471 F11 630
ATCATTAA AAAATTT
SAM 451 E3 858
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 467 F7 622
ATCATTAA AAAATTT
SAM 466 F6 626
ATCATTTAA AAAATTT
SAM 461 F1 625

[illegible]

ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 459 E11 628								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 458 E10 630								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 446 D10 618								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 438 D2 635								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 337 D1 624								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 430 C6 847								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 416 B4 701								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 428 C4 701								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 411 A11 626								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 424 B12 618								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 405 A5 625								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 423 B11 622								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 404 A4 623								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 403 A3 688								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 398 H9 621								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 395 H8 629								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 388 H4 618								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 387 H2 624								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 386 H2 624								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 380 G8 694								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 378 G6 623								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 376 G4 622								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 369 F9 687								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 374 G2 626								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 366 F6 695								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 363 F3 642								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
CA 26 C02 632								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 362 F2 631								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 103 A3 685								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 494 H10 698								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 493 H9 673								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 485 H1 616								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 482 G12 622								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 496 H12 627								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC
SAM 505 D5 685								
ATCATTAA	AAATTT	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAAATTATTTGTTTTCC

SAM 482 G10 621	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 52 E04 891	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 354 E6 871	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 94 H10 847	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 7 A07 827	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 14 B02 832	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 27 C03 878	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 25 C01 890	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 22 B10 881	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 3 A03 824	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 8 A08 879	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 87 H03 854	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
CA 28 C04 654	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 507 E5 631	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 331 C7 627	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 486 H2 630	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 473 G1 630	ATTGA	AATTATTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGAG	AATTATTTTGAACAGGT	TAAT	CC		
SAM 360 E12 724	ATTGA	AATTATTTTGAACAGGT	TAAT	CC		
SAM 465 F5 666	ATTGA	AATTATTTTGAACAGGT	TAAT	CC		
SAM 475 G3 621	ATTGAA	ACTTAATT	GAACAGAT	ATTT	T	
SAM 499 A7 654	ATTGAG	AATTATTTT	GAACAGTTTATTC	CAATTATTATTTCTATTAATTATTTGGTTTTC		
CATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 457 E9 626	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 450 E2 630	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 442 D6 626	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 356 E8 621	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 480 G8 633	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 408 A8 629	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 497 A6 636	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 468 F8 620	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 464 F4 632	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 463 F3 619	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 462 F2 635	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 456 E8 634	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 413 B1 638	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
SAM 338 D2 636	ATTGA	AATTATTTT	GAACAGTT	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTCC
ATCATTAA-AAAATTT						

SAM 327 C3 624	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 409 A9 631	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 359 E11 635	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 460 E12 619	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 472 F12 619	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 491 H7 629	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 440 D4 631	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 434 C10 636	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 417 B5 641	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 368 F8 632	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 410 A10 622	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 367 F7 618	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 326 C2 619	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 420 B8 631	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 412 A12 633	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 479 G7 632	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 481 G9 623	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 443 D7 630	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 432 C8 630	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 377 G5 617	ATTGA	---	AATTATTT	GAACAGT	T	ATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 364 F4 620	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 340 D4 624	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 124 B12 629	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 422 B10 631	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 135 C11 691	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
CA 10 A10 628	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
CA 13 B01 616	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
CA 89 H05 690	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
CA 88 H04 699	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 36 C12 698	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA	AAATTT							
SAM 452 E4 634	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC	
ATCATTAA								

ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 138 D06 642	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 73 G01 623	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 146 E02 619	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 51 E03 619	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 161 F05 631	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 89 H5 874	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 92 H08 619	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 336 C12 620	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 169 G01 626	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 16 B04 623	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 168 F12 698	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 64 F4 790	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
EF033649 A1	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 504 C3 677	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 191 H11 629	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 62 E2 628	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 59 E11 619	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 58 E10 630	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 55 E07 635	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
CA 54 E06 633	
ATCATTAA-AAAATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 108 A8 765	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 100 E7 889	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 200 A7 773	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 121 B9 1392	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 99 E6 819	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
FJ477984 A1a	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 273 G1 678	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 22 B10 699	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
FJ477985 A1b	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 250 E2 632	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 179 G7 704	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 261 F1 713	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 267 F7 706	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM 275 G3 701	
ATCATTAAAA-ATTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-
SAM_276_G4_707	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTTCC-

Accession	Position	Reference	Sample	Variant
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 58 E10	813
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 30 C6	623
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 62 F2	621
ATCATTAAAA	1	ATAT	SAM 29 C5	623
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 217 B5	1491
ATCATTAAAA	1	ATTT	CA 173 G05	703
ATCATTAAAA	1	ATTA	CA 160 F04	631
ATCAATAAAA	1	ATTA	SAM 52 E4	623
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 51 E3	624
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 40 D4	662
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 28 C4	697
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 53 E5	619
ATCATTAAAA	1	ATTT	SAM 42 D6	624
ATCACAAAAA	1	ATAA	SAM 57 E9	623
ATCATTAAAA	1	TTTA	SAM 94 H10	621
CTATTAAATTATTTGTTTCCCTAT	1	ATCATTAAAA	ATTT	
SAM 294 H10	711	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 85 H1	623	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 114 B2	715	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 90 H6	624	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 112 A12	890	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 297 A11	1402	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 283 G11	1393	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 91 H7	865	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 215 B3	633	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
CA 48 D12	829	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 125 C1	690	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
CA 82 G10	616	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
CA 90 H06	816	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
EF033650 A4		ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
EF033650 A4 2		ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
CA 69 F09	829	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 83 G11	623	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 153 A10	637	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 248 D12	703	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---
SAM 301 A3	683	ATTT	ATTTGA	---
ATCATTAAAA	1	ATTT	ATTTGA	---

SAM 262 F2 625	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 272 F12 1428	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 94 A2 663	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 295 H11 681	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 419 B7 635	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 421 B9 633	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 431 C7 627	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 138 D2 717	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 445 D9 629	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 292 H8 702	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 281 G9 672	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 247 D11 702	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 246 D10 1396	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 263 F3 682	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 83 G11 618	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 222 B10 698	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 270 F10 690	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 78 G06 626	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 176 G4 705	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
GU326335 M2	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 140 D08 697	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 102 A2 706	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 321 G2 623	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 145 E01 634	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 78 G6 863	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 158 F02 638	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 155 E11 631	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 96 H12 674	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 371 F11 686	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 157 F01 709	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 190 H10 629	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
SAM 503 C1 618	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 67 F07 631	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 46 D10 633	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						
CA 42 D06 631	ATTGA	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA-ATTT						

CA 53 E05 621	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA	ATTT						
CA 50 E02 613	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAAAA	ATTT						
CA 57 E09 631	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 56 E08 626	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 34 C10 614	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 39 D03 629	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 21 B09 633	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 506 D8 619	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 19 B07 630	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 176 G08 625	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 153 E09 634	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 17 B05 613	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 154 E10 636	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 73 G1 712	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 77 G5 865	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 81 G9 621	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 96 H12 890	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 149 E05 707	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 71 F11 623	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 24 B12 619	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 95 H11 681	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 79 G07 697	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 401 A1 679	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
FJ743639 A1d	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 84 G12 627	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 85 H01 622	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 252 E4 634	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 30 C06 624	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 45 D09 621	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
ca 130 C10 712	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
SAM 414 B2 623	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 151 E07 710	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATTAA	AAATTT						
CA 174 G06 631	ATTGA	---	AATTATTT	GAACA	GTTATTC	CAATTATTATT	CTATTAATTATTTGTTTTCC
ATCATT							

ATCATTAA-AAAATT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTCC-
CA 121 C01 1414	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGGTTTCC-
ATCATCAA-AAAATT	ATTGA--ATTATTT-GAACA-GTTATTC-CATTATTATT-CTAT-AATTATTTGTTTC-
CA 35 C11 630	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAA-AAAATT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 43 D07 1041	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAA--AAATT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 143 D11 644	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAA-AAAATT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 393 H7 606	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 70 F10 630	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 274 B7 631	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCAAATA-AAAATT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 271 B6 621	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCTAAATA-AAAATT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 139 D07 722	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAA-AAAATA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 361 F1 541	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 72 E12 645	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAAATAATCA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 150 E06 626	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 278 G6 667	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAA-AAAATA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 181 G9 1407	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATATA-AAAATA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 25 C1 810	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCATTAA-AAAATA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 11 A11 677	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 181 H01 709	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ATCAATAA-AAAAAA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 165 F09 624	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 131 C7 614	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
ACCATTAA-AAAAAT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 170 G02 619	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
TCAATAAAATTTTT	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 162 F06 631	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
GAAATTTCCAAATATATCTCTAATAATTCCTAGTTGTCGATCAATAAAAAAAATTA	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 123 C03 672	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 213 B1 1762	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 106 A10 630	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 126 C2 654	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 44 D8 1037	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 156 E8 954	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 196 H10 1007	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
SAM 251 E3 894	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 105 A09 1376	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 152 E08 714	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 144 D12 749	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 178 G10 736	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 135 D03 723	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-
CA 192 H12 701	ATTGA--AATTATTT-GAACA-GTTATTC-CAATTATTATT-CTATTAATTATTTGTTTC-

CA_185_H05_705	ATTGA--TTC--TTATTT--GTC--CAAA--TAATTC--
CA_186_H06_752	ATTG--AAATTATTT--GAACAGAT--ATTCC--
CA_175_G07_905	ATTG--AAATTATTT--GAACAGT--ATTCC--
CA_167_F11_697	ATTG--AAATTATTT--GAACAGAT--ATTCC--
CA_136_D04_708	ATTA--AAATTATTT--TATCAGT--ATTTC--
CA_182_H02_627	-----
CA_166_F10_540	TTTATTGCTACTTATTTT
CA_141_D09_1388	-----
SAM_71_F11_608	ATTGA--AATTATTG--
CA_163_F07_623	GAA--CAGC--ACTTCCCTTAAGGGTTTATTAAATTATTGTTTGCCCCCTCCAA--AAATTTAAATTT
SAM_372_F12_751	AA--CA--GC--TTATTA--GATA--ACA--TATTC--
SAM_9_A9_1373	ATTGA--AGAAATTA--GAACA--GCAGTTAA--AACGGTTATT--ATTTTATTAATTTGTTTCC--
CA_156_E12_642	TCCATCAAATAAAATT
CA_124_C04_634	ATTGA--GAGTATTT--CTTAA--TAAATTA--AAATTT
ca_131_C11_1355	-----
CA_183_H03_534	-----
CA_133_D01_822	-----
SAM_477_G5_866	CCTTT--TTTTTC--
SAM_348_D12_848	CCTTT--TTTTTC--
CA_171_G03_824	-----
CA_126_C06_881	-----
Clustal Consensus	-----
	570
	
SAM_487_H3_864	-----
SAM_357_E9_909	-----
SAM_345_D9_879	-----
SAM_339_D3_871	-----
SAM_346_D10_869	-----
SAM_347_D11_877	-----
SAM_344_D8_829	-----
SAM_343_D7_825	-----
SAM_330_C6_882	-----
SAM_328_C4_855	-----
SAM_433_C9_866	-----
SAM_358_E10_895	-----
SAM_476_G4_818	-----
SAM_332_C8_873	-----
SAM_353_E5_862	-----
SAM_333_C9_897	-----
SAM_324_B12_835	-----
SAM_110_A5_868	-----
SAM_384_G12_855	-----
SAM_399_H10_878	-----
SAM_111_A6_877	-----
SAM_140_A7_896	-----
SAM_342_D6_824	-----
SAM_382_G10_869	-----

SAM_439_D3_871	-----
SAM_454_E6_881	-----
SAM_383_G11_870	-----
SAM_400_H11_938	-----
SAM_415_B3_863	-----
SAM_455_E7_823	-----
USA-3_A5_559	TATATTT AATTGATGAA
USA-1_C9_615	TATATTT AATTGATGAA
USA-4_F10_632	TATATTT AATTGATGAA
USA-3_D11_556	TATATTT AATTGATGAA
USA-2_D2_572	TATATTT AATTGATGAA
USA-2_A4_614	TATATTT AATTGATGAA
USA_2_B10_549	TATATTT AATTGATGAA
FJ037776_C11	TATATTT AATTGATGAA
USA_3_B11_569	TATATTT AATTGATGAA
SAM_23_B11_656	TATATTT AATTGATGAA
USA_1_B9_553	TATATTT AATTGATGAA
USA_4_H5_574	TATATTT AATTGATGA-
FJ037778_C14	TATATTT AATTGATGAA
FJ037777_C12	TATATTT AATTGATGAA
SAN_ANDRES_4_F10_553	TATATTT AATTGATGAA
SAN_ANDRES_3_F5_657	TATATTT AATTGATGAA
CA_64_F04_553	TATATTT AATTGATGAA
CA_189_H09_565	TATATTT AATTGATGAA
CA_187_H07_639	TATATTT AATTGATGAA
CA_188_H08_566	TATATTT AATTGATGAA
CA_63_F03_543	TATATTT AATTGATGA-
ISRAEL_C11_568	TATATTT AATTGATGA-
CA_60_E12_549	TATATTT AATTGATGA-
CA_107_A11_628	TATATTT AATTGATGA-
CA_102_A06_582	TATATTT AATTGAT---
ISRAEL-2_E2_561	TATATTT AATTGATG---
CA_65_F05_546	TATATTT AATTGAT---
ISRAEL_2_G9_626	TATATTT AATTGAT---
ISRAEL-1_E1_554	TATATTT AATTGAGAGA
CA_100_A04_1380	TATATTT AATTGAT---
SAM_72_D12_632	TATATTT AATTGATGAA
SAM_43_D7_693	TATATTT AATTGATGAA
SAM_76_G4_671	TATATTT AATTGATGAA
SAM_68_F8_635	TATATTT AATTGATGAA
SAM_449_E1_628	TATATTT AATTGA----
CA_109_B01_696	TATATTT AATTGA----
SAM_26_C2_741	TATATTT AATTGA----
CA_97_A01_686	TATATTT AATTGA----
CA_159_F03_637	TATATTT AATTGA----
CA_108_A12_694	TATATTT AATTGA----
SAM_230_C6_908	TATATTT AATTGAT---
SAM_13_B1_738	TATATTT AATTGAT---
SAM_233_C9_1460	TATATTT AATTGAT---
SAM_291_H7_1405	TATATTT AATTAGAT---
SAM_437_D1_670	TATATTT AATTGA----
SAM_109_A9_700	TATATTT AATTGA----
SAM_46_D10_622	TATATTT AATTGA----
SAM_435_C11_682	TATATTT AATTGA----
SAM_123_B11_678	TATATTT AATTGA----
SAM_206_A6_712	TATATTT AATTGA----
CA_12_A12_634	TATATTT AATTGA----
CA_129_C09_637	TATATTT AATTGA----
SAM_284_G12_705	TATATTT AATTGA----
SAM_188_H4_681	TATATTT AATTGA----
SAM_447_D11_690	TATATTT AATTGA----
CA_86_H02_620	TATATTT AATTGA----
SAM_243_D7_713	TATATTT AATTGA----
SAM_255_E7_709	TATATTT AATTGA----
CA_81_G09_615	TATATTT AATTGA----
SAM_192_H8_708	TATATTT AATTGA----
SAM_178_G6_686	TATATTT AATTGA----
CA_76_G04_628	TATATTT AATTGA----
GU326335_A1e	TATATTT AATTGA----
SAM_303_A10_677	TATATTT AATTGA----

CA_91_H07_641	TATATTT	AATTGA	----
SAM_88_H4_698	TATATTT	AATTGA	----
SAM_97_B12_859	TATATTT	AATTGA	----
SAM_266_F6_1183	TATATTT	AATTGA	----
CA_93_H09_623	TATATTT	AATTGA	----
SAM_269_F9_724	TATATTT	AATTGA	----
CN_84_C7_704	TATATTT	AATTGA	----
CA_74_G02_620	TATATTT	AATTGA	----
EF033649_A1_2	TATATTT	AATTGA	----
CA_142_D10_628	TATATTT	AATTGA	----
SAM_59_E11_868	TATATTT	AATTGA	----
CA_38_D02_630	TATATTT	AATTGA	----
CA_66_F06_620	TATATTT	AATTGA	----
CA_61_F01_613	TATATTT	AATTGA	----
CA_6_A06_630	TATATTT	AATTGA	----
FJ743638_M5	TATATTT	A	----
FJ743637_M4	TATATTT	A	----
FJ743636_M3	TATATTT	A	----
FJ743635_M2	TATATTT	A	----
FJ743634_M1	TATATTT	AA	----
FJ743633_O5	TATATTT	AATTGA	----
FJ743632_O5d	TATATTT	AATTGA	----
FJ477982_A9	TATATTT		----
EF033653_A29	TATATTT	AATTGA	----
FJ890930_A26x	TATATTT	AATTG	----
EF033654_A30_2	TATATTT	AATTG	----
EF033654_A30	TATATTT	AATTG	----
FJ477981_A8	TATATTT		----
FJ477983_A27	TATATTT	AATTGA	----
CA_9_A09_625	TATATTT	AATTGA	----
SAM_186_H2_694	TATATTT	AATTGA	----
CA_11_A11_636	TATATTT	AATTGA	----
CA_5_A05_636	TATATTT	AATTGA	----
CA_4_A04_632	TATATTT	AATTGA	----
CA_2_A02_693	TATATTT	AATTGA	----
SAM_132_C8_909	TATATTT	AATGAT	----
SAM_119_B7_711	TATATTT	AATGAT	----
SAM_172_F12_713	TATATTT	AATGAT	----
SAM_183_G11_706	TATATTT	AATGAT	----
SAM_204_A4_627	TATATTT	AATGAT	----
SAM_323_C10_1404	TATATTT	AATGAT	----
SAM_220_B8_570	TATATTT	AATGA	----
SAM_216_B4_1456	TATATTT	AATGAT	----
SAM_229_C5_908	TATATTT	AATGA	----
SAM_259_E11_887	TATATTT	AATGA	----
SAM_302_A6_918	TATATTT	AATG	----
SAM_8_A8_814			----
SAM_208_A8_1378	TATATTT	AAAT	----
CA_103_A07_703			----
SAM_154_E6_1374	TATATA	AATT	----
SAM_256_E8_575			----
SAM_168_F8_1397	TATATTT	AATT	----
SAM_167_F7_905	TATATTT	AATT	----
SAM_309_F9_1364	TATATTT	AATT	----
CA_29_C05_821	TATATTT	AATT	----
FJ890929_A26x	TATATTT	AATTG	----
FJ743641_A26b	TATATTT	AATTG	----
SAM_315_C11_877	TATATTT	AATT	----
SAM_239_D3_910	TATATTT	AATT	----
SAM_238_D2_1398	TATATTT	AATT	----
SAM_182_G10_1406	TATATTT	AATT	----
SAM_171_F11_1423	TATATTT	AATT	----
SAM_18_B7_819	TATATTT	AATGAT	----
SAM_34_C10_805	TATATTT	AATTGA	----
SAM_35_C11_826	TATATTA	ATTGA	----
SAM_14_B2_816			----
SAM_45_D9_825	TATATTT	AATT	----
SAM_39_D3_820	TATATTT	AATTG	----
SAM_241_D5_1381	TATATTT	AATTG	----
CA_68_F08_759	TATATTT	AATT	----
CA_31_C07_874	TATATTT	AATTG	----

CA_44_D08_869	TATATTT	AATTG	----
SAM_244_D8_890	TATATTT	AATTG	----
SAM_7_A7_820	TATATTT	AATTG	----
SAM_153_E5_879	TATATTT	AATTG	----
SAM_306_E4_1380	TATATTT	AATTG	----
SAM_180_G8_928	TATATTT	AATTG	----
SAM_320_F11_1379	TATATTT	AATTG	----
CA_137_D05_820	TATATTT	AATTG	----
CA_40_D04_876	TATATTT	AATTG	----
SAM_319_E9_1382	TATATTT	AATTG	----
CA_75_G03_799	TATATTT	AATTGA	----
CA_49_E01_801	TATATTT	AATTGA	----
SAM_219_B7_894	TATATTT	AATTGA	----
FJ477990_A26	TATATTT	AATTGA	----
SAM_174_G2_886	TATATTT	AATTGA	----
SAM_82_G10_881	TATATTT	AATTGA	----
SAM_158_E10_1431	TATATTT	AATTGAT	----
FJ477991_A14	TATATTT	AATTGAT	----
SAM_234_C10_886	TATATTT	AATTGA	----
SAM_264_F4_900	TATATTT	AATTGA	----
SAM_298_A12_798	TATATTT	AATTGA	----
SAM_79_G7_812	TATATTT	AATTGA	----
SAM_312_B6_895	TATATTT	AATTGA	----
SAM_316_C12_894	TATATTT	AATTGA	----
FJ743640_A26a	TATATTT	AATTGA	----
SAM_304_A11_862	TATATTT	AATTGA	----
GU326336_M3	TATATTT	AATTGA	----
CA_47_D11_880	TATATTT	AATTG	----
SAM_317_D1_901	TATATTT	AATTG	----
CA_41_D05_893	TATATTT	AATTG	----
SAM_313_C2_907	TATATTT	AATTG	----
SAM_311_A10_1395	TATATTT	AATTG	----
CA_37_D01_897	TATATTT	AATTG	----
ca_36_C12_901	TATATTT	AATTG	----
CA_33_C09_887	TATATTT	AATTG	----
CA_20_B08_815	TATATTT	AATTG	----
CA_32_C08_879	TATATTT	AATTG	----
SAM_310_A9_1427	TATATTT	AATTG	----
SAM_308_F5_899	TATATTT	AATTG	----
SAM_289_H5_1378	TATATTT	AATTG	----
SAM_287_H3_870	TATATTT	AATTG	----
SAM_282_G10_1365	TATATTT	AATTG	----
SAM_136_C12_1343	TATATTT	AATTG	----
SAM_143_D7_878	TATATTT	AATTG	----
SAM_260_E12_1387	TATATTT	AATTG	----
SAM_253_E5_914	TATATTT	AATTG	----
SAM_242_D6_895	TATATTT	AATTG	----
SAM_145_D9_1447	TATATTT	AATTG	----
SAM_147_D11_1411	TATATTT	AATTG	----
SAM_149_E1_1384	TATATTT	AATTG	----
SAM_150_E2_907	TATATTT	AATTG	----
SAM_155_E7_892	TATATTT	AATTG	----
SAM_231_C7_883	TATATTT	AATTG	----
SAM_159_E11_874	TATATTT	AATTG	----
SAM_160_E12_650	TATATTT	AATTG	----
SAM_161_F1_1378	TATATTT	AATTG	----
SAM_162_F2_871	TATATTT	AATTG	----
SAM_225_C1_880	TATATTT	AATTG	----
SAM_163_F3_992	TATATTT	AATTG	----
SAM_202_A2_1423	TATATTT	AATTG	----
SAM_164_F4_838	TATATTT	AATTG	----
SAM_166_F6_895	TATATTT	AATTG	----
SAM_191_H7_741	TATATTT	AATTG	----
SAM_187_H3_1436	TATATTT	AATTG	----
SAM_185_H1_1365	TATATTT	AATTG	----
SAM_184_G12_1384	TATATTT	AATTG	----
SAM_177_G5_1413	TATATTT	AATTG	----
SAM_175_G3_1443	TATATTT	AATTG	----
SAM_325_C1_619	TATATTT	AATTG	----
SAM_148_D12_1300	TATATTT	AATTG	----

SAM_286_H2_1350	TATATTT	AATTG	----
SAM_203_A3_569	TATATTT	AATTG	----
SAM_314_C3_1373	TATATTT	AATTG	----
SAM_157_E9_771	TATATTT	AATAGA	----
SAM_265_F5_1378	TATATTT	AATAG	----
SAM_6_A6_815	TATATTT	AATAGA	----
SAM_296_H12_897	TATATTT	AATAGA	----
SAM_290_H6_899	TATATTT	AATAGA	----
SAM_288_H4_864	TATATTT	AATAGA	----
SAM_193_H9_888	TATATTT	AATAGA	----
SAM_146_D10_1382	TATATTT	AATAGA	----
SAM_249_E1_645	TATATTT	AATAG	----
SAM_224_B12_1365	TATATTT	AATAG	----
SAM_74_G2_831	TATATTT	AATTG	----
SAM_232_C8_903	TATATTT	AATTG	----
SAM_279_G7_890	TATATTT	AATTGA	----
SAM_300_G8_875	TATATTT	AATTGA	----
SAM_258_E10_626	TATATTT	AATTGA	----
SAM_75_G3_901	TATATTT	AATTGA	----
SAM_228_C4_577	TATATTT	AATTGAT	----
SAM_240_D4_800	TATATTT	AATTG	----
SAM_392_H6_879	TATATTT	AATTG	----
CA_95_H11_677	TATATTT	AATTGA	----
SAM_508_G11_620	TATATTT	AATTGA	----
SAM_436_C12_878	TATATTT	AATTGA	----
CA_23_B11_689	TATATTT	AA	----
SAM_448_D12_664	TATATTT	AATTGA	----
SAM_495_H11_687	TATATTT	AATTG	----
SAM_375_G3_882	TATATTT	AATTG	----
SAM_469_F9_870	TATATTT	AATTGA	----
SAM_492_H8_895	TATATTT	AATTG	----
SAM_418_B6_879	TATATTT	AATTGA	----
SAM_351_E3_858	TATATTT	AATTGA	----
SAM_341_D5_877	TATATTT	AATTGA	----
SAM_350_E2_857	TATATTT	AATTG	----
SAM_218_B2_690	TATATTT	AATTGA	----
SAM_478_G6_856	TATATTT	AATTGA	----
SAM_385_H1_849	TATATTT	AATTGA	----
SAM_226_B3_659	TATATTT	AATTGA	----
SAM_352_E4_857	TATATTT	AATTGA	----
SAM_488_H4_867	TATATTT	AATTGA	----
SAM_381_A1_695	TATATTT	AATTGA	----
SAM_373_G1_682	TATATTT	AATTGA	----
SAM_207_B1_702	TATATTT	AATTGA	----
SAM_379_G7_846	TATATTT	AATTGA	----
CA_18_B06_630	TATATTT	AATTGA	----
SAM_355_E7_702	TATATTT	AATTGA	----
SAM_349_E1_677	TATATTT	AATTGA	----
SAM_471_F11_630	TATATTT	AATTGA	----
SAM_451_E3_858	TATATTT	AATTGA	----
SAM_467_F7_622	TATATTT	AATTGA	----
SAM_466_F6_626	TATATTT	AATTGA	----
SAM_461_F1_625	TATATTT	AATTGA	----
SAM_459_E11_628	TATATTT	AATTGA	----
SAM_458_E10_630	TATATTT	AATTGA	----
SAM_446_D10_618	TATATTT	AATTGA	----
SAM_438_D2_635	TATATTT	AATTGA	----
SAM_337_D1_624	TATATTT	AATTGA	----
SAM_430_C6_847	TATATTT	AATTGA	----
SAM_416_B4_701	TATATTT	AATTGA	----
SAM_428_C4_701	TATATTT	AATTGA	----
SAM_411_A11_626	TATATTT	AATTGA	----
SAM_424_B12_618	TATATTT	AATTGA	----
SAM_405_A5_625	TATATTT	AATTGA	----
SAM_423_B11_622	TATATTT	AATTGA	----
SAM_404_A4_623	TATATTT	AATTGA	----
SAM_403_A3_688	TATATTT	AATTGA	----
SAM_398_H9_621	TATATTT	AATTGA	----
SAM_395_H8_629	TATATTT	AATTGA	----
SAM_388_H4_618	TATATTT	AATTGA	----
SAM_387_H2_624	TATATTT	AATTGA	----

SAM_386_H2_624	TATATTT	AATTGA	---
SAM_380_G8_694	TATATTT	AATTGA	---
SAM_378_G6_623	TATATTT	AATTGA	---
SAM_376_G4_622	TATATTT	AATTGA	---
SAM_369_F9_687	TATATTT	AATTGA	---
SAM_374_G2_626	TATATTT	AATTGA	---
SAM_366_F6_695	TATATTT	AATTGA	---
SAM_363_F3_642	TATATTT	AATTGA	---
CA_26_C02_632	TATATTT	AATTGA	---
SAM_362_F2_631	TATATTT	AATTGA	---
SAM_103_A3_685	TATATTT	AATTGA	---
SAM_494_H10_698	TATATTT	AATTGA	---
SAM_493_H9_673	TATATTT	AATTGA	---
SAM_485_H1_616	TATATTT	AATTGA	---
SAM_482_G12_622	TATATTT	AATTGA	---
SAM_496_H12_627	TATATTT	AATTGA	---
SAM_505_D5_685	TATATTT	AATTGA	---
SAM_482_G10_621	GATATTT	AATTGA	---
CA_52_E04_891	TATATTT	AATTG	---
SAM_354_E6_871	TATATTT	AATTG	---
CA_94_H10_847	TATATTT	AATTG	---
CA_7_A07_827	TATATTT	AATT	---
CA_14_B02_832	TATATTT	AATT	---
CA_27_C03_878	TATATTT	AATTG	---
CA_25_C01_890	TATATTT	AATTG	---
CA_22_B10_881	TATATTT	AATTG	---
CA_3_A03_824	TATATTT	AATTG	---
CA_8_A08_879	TATATTT	AATTG	---
CA_87_H03_854	TATATTT	AATT	---
CA_28_C04_654	TATATTT	AATTGG	---
SAM_507_E5_631	TATATTT	AATTGA	---
SAM_331_C7_627	TATATTT	AATTGA	---
SAM_486_H2_630	TATAT		---
SAM_473_G1_630	TATATTT	AA	---
SAM_360_E12_724			---
SAM_465_F5_666			---
SAM_475_G3_621			---
SAM_499_A7_654	TTTATAT	TTT	---
SAM_457_E9_626	TATATTT	AATT	---
SAM_450_E2_630	TATATTT	AATT	---
SAM_442_D6_626	TATATTT	AATTG	---
SAM_356_E8_621	TATATTT	AATTG	---
SAM_480_G8_633	TATATTT	AATTG	---
SAM_408_A8_629	TATATTT	AATTG	---
SAM_497_A6_636	TATATTT	AATTGA	---
SAM_468_F8_620	TATATTT	AATTGA	---
SAM_464_F4_632	TATATTT	AATTGA	---
SAM_463_F3_619	TATATTT	AATTGA	---
SAM_462_F2_635	TATATTT	AATTGA	---
SAM_456_E8_634	TATATTT	AATTGA	---
SAM_413_B1_638	TATATTT	AATTGA	---
SAM_338_D2_636	TATATTT	AATTGA	---
SAM_327_C3_624	TATATTT	AATTGA	---
SAM_409_A9_631	TATATTT	AATTG	---
SAM_359_E11_635	TATATTT	AATTG	---
SAM_460_E12_619	TATATTT	AATTG	---
SAM_472_F12_619	TATATTT	AATTGA	---
SAM_491_H7_629	TATATTT	AATTGA	---
SAM_440_D4_631	TATATTT	AATTGA	---
SAM_434_C10_636	TATATTT	AATTGA	---
SAM_417_B5_641	TATATTT	AATTGA	---
SAM_368_F8_632	TATATTT	AATTGA	---
SAM_410_A10_622	TATATTT	AATTGA	---
SAM_367_F7_618	TATATTT	AATTGA	---
SAM_326_C2_619	TATATTT	AATTG	---
SAM_420_B8_631	TATATTT	AATTGA	---
SAM_412_A12_633	TATATTT	AATTGA	---
SAM_479_G7_632	TATATTT	AATTGA	---
SAM_481_G9_623	TATATTT	AATTG	---
SAM_443_D7_630	TATATTT	AATTGAT	---

SAM_432_C8_630	TATATTT	AATTGAT	---
SAM_377_G5_617	TATATTT	AATTGAT	---
SAM_364_F4_620	TATATTT	AATTGA	---
SAM_340_D4_624	TATATTT	AATTGA	---
SAM_124_B12_629	TATATTT	AATTGA	---
SAM_422_B10_631	TATATTT	AATTGA	---
SAM_135_C11_691	TATATTT	AATTGA	---
CA_10_A10_628	TATATTT	AATTGA	---
CA_13_B01_616	TATATTT	AATTGA	---
CA_89_H05_690	TATATTT	AATTGA	---
CA_88_H04_699	TATATTT	AATTGA	---
SAM_36_C12_698	TATATTT	AATTGA	---
SAM_452_E4_634	TATATTT	AATTGA	---
SAM_107_A7_683	TATATTT	AATTGA	---
SAM_237_B4_688	TATATTT	AATTGA	---
CA_80_G08_617	TATATTT	AATTGA	---
SAM_189_H5_707	TATATTT	AATTGA	---
SAM_268_F8_708	TATATTT	AATTGA	---
CA_138_D06_642	TATATTT	AATTGA	---
CA_73_G01_623	TATATTT	AATTGA	---
CA_146_E02_619	TATATTT	AATTGA	---
CA_51_E03_619	TATATTT	AATTGA	---
CA_161_F05_631	TATATTT	AATTGA	---
SAM_89_H5_874	TATATTT	AATTGA	---
CA_92_H08_619	TATATTT	AATTGA	---
SAM_336_C12_620	TATATTT	AATTGA	---
CA_169_G01_626	TATATTT	AATTGA	---
CA_16_B04_623	TATATTT	AATTGA	---
CA_168_F12_698	TATATTT	AATTGA	---
SAM_64_F4_790	TATATTT	AATTGA	---
EF033649_A1	TATATTT	AATTGA	---
SAM_504_C3_677	TATATTT	AATTGA	---
CA_191_H11_629	TATATTT	AATTGA	---
CA_62_E2_628	TATATTT	AATTGA	---
CA_59_E11_619	TATATTT	AATTGA	---
CA_58_E10_630	TATATTT	AATTGA	---
CA_55_E07_635	TATATTT	AATTGA	---
CA_54_E06_633	TATATTT	AATTGA	---
SAM_108_A8_765	TATATTT	A	----
SAM_100_E7_889	TATATTT	A	----
SAM_200_A7_773	TATATTT	A	----
SAM_121_B9_1392	TATATTT	A	----
SAM_99_E6_819	TATATTT	AA	----
FJ477984_A1a	TATATTT		----
SAM_273_G1_678	TATATTT	AATG	----
SAM_22_B10_699	TATATTT	AATA	----
FJ477985_A1b	TATATTT		----
SAM_250_E2_632	TATATTT	AATT	----
SAM_179_G7_704	TATATTT	AATT	----
SAM_261_F1_713	TATATTT	AATT	----
SAM_267_F7_706	TATATTT	AATT	----
SAM_275_G3_701	TATATTT	AATT	----
SAM_276_G4_707	TATATTT	AATT	----
SAM_58_E10_813	TATATTT	AATTGA	----
SAM_30_C6_623	TATATTT	AATTGA	----
SAM_62_F2_621	TATATTT	AATT	----
SAM_29_C5_623	TATATTT	AATTG	----
SAM_217_B5_1491	TATATAA	AAC	----
CA_173_G05_703	TATATAT	AATTGA	----
CA_160_F04_631	TATATAT	AATTGA	----
SAM_52_E4_623	TATATTT	A	----
SAM_51_E3_624	TATATTT	A	----
SAM_40_D4_662	TATATTT	AA	----
SAM_28_C4_697	TATATTT	AA	----
SAM_53_E5_619	TATATTT	AA	----
SAM_42_D6_624	CATATA	AA	----
SAM_57_E9_623	TATATAT	AATCG	----
SAM_94_H10_621	TATATTT	AATTG	----
SAM_294_H10_711	TATATTT	AATTG	----
SAM_85_H1_623	TATATTT	AATTG	----
SAM_114_B2_715	TATATTT	AATTG	----

SAM_90_H6_624	TATATTT	AATTG	----
SAM_112_A12_890	TATATTT	AATTG	----
SAM_297_A11_1402	TATATTT	AATTG	----
SAM_283_G11_1393	TATATTT	AATTG	----
SAM_91_H7_865	TATATTT	AATTG	----
SAM_215_B3_633	TATATTT	AATTG	----
CA_48_D12_829	TATATTT	AATTG	----
SAM_125_C1_690	TATATTT	AATTG	----
CA_82_G10_616	TATATTT	AATTG	----
CA_90_H06_816	TATATTT	AATTG	----
EF033650_A4	TATATTT	AATTG	----
EF033650_A4_2	TATATTT	AATTG	----
CA_69_F09_829	TATATTT	AATTG	----
SAM_83_G11_623	TATATTT	AATTG	----
SAM_153_A10_637	TATATTT	AATTG	----
SAM_248_D12_703	TATATTT	AATTG	----
SAM_301_A3_683	TATATTT	AATTG	----
SAM_262_F2_625	TATATTT	AATTG	----
SAM_272_F12_1428	TATATTT	AATTG	----
SAM_94_A2_663	TATATTT	AATTG	----
SAM_295_H11_681	TATATTT	AATTGA	----
SAM_419_B7_635	TATATTT	AATTGA	----
SAM_421_B9_633	TATATTT	AATTGA	----
SAM_431_C7_627	TATATTT	AATTGA	----
SAM_138_D2_717	TATATTT	AATTGA	----
SAM_445_D9_629	TATATTT	AATTGA	----
SAM_292_H8_702	TATATTT	AATTGA	----
SAM_281_G9_672	TATATTT	AATTGA	----
SAM_247_D11_702	TATATTT	AATTGA	----
SAM_246_D10_1396	TATATTT	AATTGA	----
SAM_263_F3_682	TATATTT	AATTGA	----
CA_83_G11_618	TATATTT	AATTGA	----
SAM_222_B10_698	TATATTT	AATTGA	----
SAM_270_F10_690	TATATTT	AATTGA	----
CA_78_G06_626	TATATTT	AATTGA	----
SAM_176_G4_705	TATATTT	AATTGA	----
GU326335_M2	TATATTT	AATTGA	----
CA_140_D08_697	TATATTT	AATTGA	----
SAM_102_A2_706	TATATTT	AATTGA	----
SAM_321_G2_623	TATATTT	AATTGA	----
CA_145_E01_634	TATATTT	AATTGA	----
SAM_78_G6_863	TATATTT	AATTGA	----
CA_158_F02_638	TATATTT	AATTGA	----
CA_155_E11_631	TATATTT	AATTGA	----
CA_96_H12_674	TATATTT	AATTGA	----
SAM_371_F11_686	TATATTT	AATTGA	----
CA_157_F01_709	TATATTT	AATTGA	----
CA_190_H10_629	TATATTT	AATTGA	----
SAM_503_C1_618	TATATTT	AATTGA	----
CA_67_F07_631	TATATTT	AATTGA	----
CA_46_D10_633	TATATTT	AATTGA	----
CA_42_D06_631	TATATTT	AATTGA	----
CA_53_E05_621	TATATTT	AATTGA	----
CA_50_E02_613	TATATTT	AATTGA	----
CA_57_E09_631	TATATTT	AATTGA	----
CA_56_E08_626	TATATTT	AATTGA	----
CA_34_C10_614	TATATTT	AATTGA	----
CA_39_D03_629	TATATTT	AATTGA	----
CA_21_B09_633	TATATTT	AATTGA	----
SAM_506_D8_619	TATATTT	AATTGA	----
CA_19_B07_630	TATATTT	AATTGA	----
CA_176_G08_625	TATATTT	AATTGA	----
CA_153_E09_634	TATATTT	AATTGA	----
CA_17_B05_613	TATATTT	AATTGA	----
CA_154_E10_636	TATATTT	AATTGA	----
SAM_73_G1_712	TATATTT	AATTGA	----
SAM_77_G5_865	TATATTT	AATTGA	----
SAM_81_G9_621	TATATTT	AATTGA	----
SAM_96_H12_890	TATATTT	AATTGA	----
CA_149_E05_707	TATATTT	AATTGA	----

CA_71_F11_623	TATATTT	AATTGA	----
CA_24_B12_619	TATATTT	AATTGA	----
SAM_95_H11_681	TATATTT	AATTGA	----
CA_79_G07_697	TATATTT	AATTGA	----
SAM_401_A1_679	TATATTT	AATTGA	----
FJ743639_A1d	TATATTT	AATTGA	----
CA_84_G12_627	TATATTT	AATTGA	----
CA_85_H01_622	TATATTT	AATTGA	----
SAM_252_E4_634	TATATTT	AATTGA	----
CA_30_C06_624	TATATTT	AATTGA	----
CA_45_D09_621	TATATTT	AATTGA	----
ca_130_C10_712	TATATTT	AATTGA	----
SAM_414_B2_623	TATATTT	AATTGA	----
CA_151_E07_710	TATATTT	AATTGA	----
CA_174_G06_631	TATATTT	AATTGA	----
SAM_402_A2_633	TATATTT	AATTGA	----
SAM_142_A8_677	TATATTT	AATTGA	----
CA_147_E03_706	TATATTT	AATTG	----
CA_121_C01_1414	TATATTT	AATTGA	----
CA_35_C11_630	TATATTT	AATTGA	----
CA_43_D07_1041	TATATT	AATTGATGAA	----
CA_143_D11_644	TATTTTT	AATTGA	----
SAM_393_H7_606			----
CA_70_F10_630			----
SAM_274_B7_631	TGATATT	TAA	----
SAM_271_B6_621	GATATTT	AATTG	----
CA_139_D07_722	TATATTT	AATTGA	----
SAM_361_F1_541			----
SAM_72_E12_645	TATATTA	AAGT	----
CA_150_E06_626			----
SAM_278_G6_667	TATA	TA AATAGA	----
SAM_181_G9_1407	TATAATA	GATGAA	----
SAM_25_C1_810	TATATTA	AAGATG	----
SAM_11_A11_677			----
CA_181_H01_709	AATATAT	AATTGA	----
CA_165_F09_624			----
SAM_131_C7_614	TATATAT	AATAGA	----
CA_170_G02_619	TATAACTGA		----
CA_162_F06_631	TATAATTGA		----
CA_123_C03_672			----
SAM_213_B1_1762			----
CA_106_A10_630			----
SAM_126_C2_654			----
SAM_44_D8_1037			----
SAM_156_E8_954			----
SAM_196_H10_1007			----
SAM_251_E3_894			----
CA_105_A09_1376			----
CA_152_E08_714			----
CA_144_D12_749			----
CA_178_G10_736			----
CA_135_D03_723			----
CA_192_H12_701			----
CA_185_H05_705			----
CA_186_H06_752			----
CA_175_G07_905			----
CA_167_F11_697			----
CA_136_D04_708			----
CA_182_H02_627			----
CA_166_F10_540			----
CA_141_D09_1388			----
SAM_71_F11_608	AATGAGG		----
CA_163_F07_623			----
SAM_372_F12_751			----
SAM_9_A9_1373	TATAAT	AAT	----
CA_156_E12_642			----
CA_124_C04_634			----
ca_131_C11_1355			----
CA_183_H03_534			----
CA_133_D01_822			----
SAM_477_G5_866			----

SAM_348_D12_848 -----
CA_171_G03_824 -----
CA_126_C06_881 -----
Clustal Consensus